

Identificación de regiones accesibles de la cromatina mediante la técnica ATAC-Seq en muestras de cabras lactantes y secas.

A. Noce¹, M.G. Luigi-Sierra¹, A. Martínez², M. Wang¹, M. Macri², J.V. Delgado², J. Fernández Álvarez², A.A.K. Salama³, X. Such³, J. Jordana³ & M. Amills^{1,3}.

1 Centre de Recerca Agrigenòmica (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra 08193, España. antonia.noce@cragenomica.es

2 Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, Córdoba 14071, España.

3 Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra 08193, España.

Resumen

El conocimiento actual sobre las bases moleculares y la regulación transcripcional de la lactación caprina es muy limitado. El ensayo de la cromatina accesible para la transposasa combinado con la secuenciación de alto rendimiento (ATAC-seq) se basa en el empleo de la transposasa mutante Tn5 para cortar e insertar adaptadores de secuenciación en regiones abiertas de la cromatina. En este trabajo, hemos usado esta técnica para detectar regiones accesibles de la cromatina, que puede asumirse que son transcripcionalmente activas, en muestras de glándula mamaria de cabras lactantes (N=2) y secas (N=2) de la raza Murciano-Granadina. El ADN fue purificado y amplificado, y a continuación se secuenciaron las librerías con un equipo NextSeq 500 de Illumina. Los controles de calidad previos y posteriores al alineamiento de la secuencias con el genoma caprino de referencia se realizaron con las herramientas FASTQC y ATACseqQC, respectivamente. El alineamiento de las secuencias con el genoma de referencia de la cabra (ARS1) se realizó con el paquete informático bwa-mem. Para identificar las lecturas enriquecidas en localizaciones genómicas específicas (picos), se usó el algoritmo MACS2 ajustado para secuencias paired-end, asumiendo un *P*-valor de 1E-07 y desplazando las etiquetas para especificar los "sitios de corte" del protocolo ATAC-seq (--extsize 200 --shift -100). El número de lecturas que alinearon con el genoma ARS1 fue de alrededor de 90 millones, con excepción de una muestra (cabra no lactante) con 68 millones. Tras el filtrado de picos, detectamos alrededor de 42,768 y 46,802 picos en las muestras mamarias de las dos cabras lactantes, y 49,740 y 29,489 picos en las dos muestras correspondientes a cabras secas. Además, la fracción de lecturas en los picos (FRIP) fue de 19.81%; 23.56%; 17.09%, y 9.31%. Actualmente se está llevando a cabo un análisis más refinado de los datos utilizando diferentes conjuntos de parámetros. Está previsto utilizar el paquete edgeR para detectar regiones de accesibilidad diferencial entre cabras lactantes y no lactantes, , puesto que ha demostrado ser altamente sensible en casos de bajo número de réplicas. Estos resultados proporcionarían una primera caracterización de los elementos funcionales que regulan la lactación en el ganado caprino.

Palabras clave: ATAC-seq, glándula mamaria, cabra.