

Expresión diferencial de microRNAs en la glándula mamaria de cabras lactantes y secas de la raza Murciano-Granadina

M. Wang^{1,2}, T. F. Cardoso¹, A. Noce¹, E. Varela-Martínez¹, M.G. Luigi-Sierra¹, A. Martínez², J. V. Delgado², J. Jordana³, A.A.K. Salama³, X. Such³, M. Amills^{1,2*}

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

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.

* Autor de correspondencia: marcel.amills@uab.cat

Resumen

El efecto modulador de los microRNAs (miRNAs) sobre la expresión de los genes que regulan la lactación caprina todavía no se conoce con detalle. En este trabajo, hemos realizado la secuenciación de RNA pequeño de nueve muestras de glándula mamaria de cabras de la raza Murciano Granadina lactantes y secas. Después de evaluar la calidad de los datos de secuencia sin procesar con el software FastQC, se utilizó la herramienta TrimGalore para eliminar los adaptadores. Luego usamos el programa Bowtie para construir un índice genómico y las lecturas (1 x 50 pb) fueron alineadas con el genoma de referencia caprino ARS1.2 (GCF_001704415.2) mediante el “script” mapper.pl del programa miRDeep2. En general, el conjunto de datos sin procesar produjo un promedio de 10 millones de lecturas por muestra, y el porcentaje de lecturas mapeadas, una vez alineadas contra el genoma caprino de referencia ARS1.2, fue del 88.03%. La cuantificación de la expresión se llevó a cabo mediante el “script” quantifier.pl del software miRDeep2. Finalmente, se realizó un análisis de expresión diferencial con el programa Deseq2 que permitió identificar 124 miRNAs diferencialmente expresados, de los cuales 66 estaban sobre-expresados y 58 infra-expresados en el grupo de cabras lactantes (al compararlas con las secas).

Keywords: RNA no codificante, lactación, secuenciación masiva