

## CARACTERIZACIÓN DE ARNs NO CODIFICANTES LARGOS (lncRNAs) EN LA GRASA PERIRRENAL DE CORDEROS LECHALES

Alonso-García, M., Suárez-Vega, A., Esteban-Blanco, C., Arranz, J.J. y Gutiérrez-Gil, B.  
Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de León, 24071 León;  
malong11@estudiantes.unileon.es

### INTRODUCCIÓN

Los ARN no codificantes largos (lncRNA) constituyen un conjunto de transcritos no codificantes caracterizados por su implicación en procesos de regulación transcriptómica, post-transcriptómica, y epigenética (Zhao y Lin, 2015). En el caso de su influencia sobre caracteres de producción cárnica, diversos estudios evaluando la actividad de los lncRNA en músculo y tejido adiposo en cerdo (Li *et al.*, 2020) y ganado vacuno (Choi *et al.*, 2019) han demostrado que los lncRNA pueden ser importantes elementos reguladores y afectar las características de la canal en los animales de producción. En el ganado ovino, solo hay un estudio sobre el papel de los lncRNAs del tejido graso en razas de cola grasa (Ma *et al.*, 2018). En este estudio utilizamos datos de RNA-Seq de corderos lechales de las razas Churra y Assaf, previamente analizados en un estudio de expresión diferencial (Suárez-Vega *et al.*, 2018), con el objetivo de identificar nuevos lncRNAs en el transcriptoma ovino de la grasa perirrenal. El interés de este tejido en corderos lechales recae en su relación con el nivel de engrasamiento global de la canal.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Los datos de RNA-Seq analizados fueron generados con la tecnología *paired-end* de Illumina a partir de muestras de grasa perirrenal de 14 corderos machos, seis de la raza Churra y ocho de la raza Assaf, sacrificados al alcanzar el peso de sacrificio de mercado (9-12 Kg). Los datos brutos fueron alineados, después de un control de calidad previo, frente al genoma de referencia Oar v3.1 con el programa STAR (v2.7.6a) (Dobin *et al.*, 2013), utilizando el método “two-pass” (Veeneman *et al.*, 2015). Tras el ensamblado con *StringTie* (v2.1.4) (Pertea *et al.*, 2015), la identificación y clasificación de los lncRNAs se realizó con el programa *FEELnc* (Wucher *et al.*, 2017). Posteriormente, se llevó a cabo la cuantificación de la expresión de los lncRNA identificados, con *HTSeq-count* (v0.6.1p2) (Anders *et al.*, 2014), y la asociación en “cis” con los genes codificantes, con el módulo “*FEELnc\_classifier*” de *FEELnc*.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se detectaron un total de 4385 lncRNAs en el transcriptoma de la grasa perirrenal de oveja, de los cuales 2601 no estaban anotados. Del total de los lncRNA identificados, la mayoría eran intragénicos (2113). A partir de la cuantificación de la expresión, se identificaron los cinco lncRNAs más expresados en cada una de las razas, que ya estaban anotados en el genoma de referencia; esto confirmaría que el método de detección es eficaz. Dentro de los cinco lncRNAs más expresados en cada raza, cuatro fueron comunes entre las dos razas, presentando todos ellos una expresión ligeramente más alta en Churra que en Assaf (*ENSOARG00000026007*, *ENSOARG00000026921*, *ENSOARG00000026777* y *ENSOARG00000025341*). Entre estos lncRNAs, por ejemplo, destaca el lncRNA *ENSOARG00000026921*, (cis)-asociado al gen *WDR87*, relacionado con la infiltración grasa de la carne en un estudio previo en el vacuno de raza Hanwoo (Lim *et al.*, 2013).

### CONCLUSIÓN

Hemos identificado elementos reguladores sobre genes con importancia sobre caracteres de calidad de la carne. Este estudio representa un primer paso hacia la caracterización de lncRNA en el tejido adiposo de corderos lechales.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Anders, S. *et al.* 2014. *Bioinform.* 31: 166-169.
- Choi, J.Y. *et al.* 2019. *Anim. Cells Syst.* 23: 50-58.
- Dobin, A. *et al.* 2013. *Bioinformatics* 29: 15-21.
- Li, R. *et al.* 2020. *Genes* 11: 883.
- Lim, D. *et al.* 2013. *Asian-australas. J. Anim. Sci.* 26: 19-29.
- Ma, L. *et al.* 2018. *Front. Genet.* 9: 365.
- Pertea, M. *et al.* 2015. *Nat. Biotechnol.* 33: 290-295.
- Suárez-Vega, A. *et al.* 2018. *Anim. Genet.* 49: 605-617.
- Veeneman, B.A. *et al.* 2015. *Bioinform.* 32: btv642.
- Wucher, V. *et al.* 2017. *Nucleic Acids Res.* 45.
- Zhao, X.Y. & Lin, J.D. 2015. *Trends Biochem. Sci.* 40: 586-596.

**Agradecimientos:** El presente trabajo ha sido financiado por el proyecto nacional *EPIMILKSHEEP* (RTI2018-093535-B-I00; MICINN, España).