

PROBLEMAS DE FERTILIDAD EN MORUECOS: UNA MIRADA AL TRANSCRIPTOMA

Macías¹, A., Martín¹, E., Laviña¹, A., Pérez-Pe², R., Monteagudo³, L.V. y Tejedor^{3*}, M.T.

¹Asociación Nacional de Criadores de Ganado Ovino de la Raza "Rasa Aragonesa" (ANGRA).

Cabañera Real s/n. 50800 Zuera (Zaragoza); ²Dto. Bioquímica y Biología Molecular y Celular,

Miguel Servet, 177. 5013 Universidad de Zaragoza; ³Dto. Anatomía, Embriología y

Genética Animal, Miguel Servet, 177. 5013 Universidad de Zaragoza

*ttejedor@unizar.es

INTRODUCCIÓN

Un morueco de la raza rasa Aragonesa usado en inseminación artificial (M) mostró unos bajos resultados de fertilidad (partos/oveja inseminada) y de fecundidad (corderos/oveja inseminada). Además del estudio completo de su calidad seminal (baja calidad), se procedió al análisis del transcriptoma para buscar anomalías de expresión génica que pudieran explicar esta situación (Morozova *et al.*, 2009).

MATERIAL Y MÉTODOS

Sobre biopsias testiculares del macho problema (M) y de un macho de características reproductivas y calidad seminal normales (O) se realizó la secuenciación del transcriptoma, su análisis estadístico con mapeo frente al genoma de referencia (*Ovis aries*, GCF_016772045.2) y el análisis diferencial de expresión genética entre ambos machos, basado en log2FoldChange y FDR (*Fase Discovery Rate*) y según Ji y Sadreyev (2018).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Un total de 35.117 genes cumplieron los criterios de calidad; 1.306 fueron expresados de forma diferencial entre los machos considerados (441 sobre-expresados y 865 infra-expresados en M con respecto a O). Se seleccionaron los 20 genes con log2FoldChange más negativos (los genes más fuertemente infra-expresados en M), comprendidos entre -12,97 y -10,63, con FDR entre 0,0047 y 0,0254. Entre ellos destacaron los genes siguientes: FLG (*filaggrin*), S100A7A (*Calcium binding protein A7A*), LOC105614079 (*filaggrin-like*), S100A8 (*S100 calcium binding protein A8*), LOC101105840 (*calmodulin*), todos ellos correspondientes al grupo de ontología génica GO:0005509 (permite la unión de iones de Ca); LOC114116989 (*WAP four-disulfide core domain protein 18-like*), correspondiente a GO: 0004867 (permite la actividad inhibidora de la endopeptidasa de tipo serina) y LOC100526782 (*keratin 33B*), asociada en ratón con morfología testicular anormal y testículos pequeños. También se seleccionaron los 20 genes con log2FoldChange más positivos (los genes más fuertemente sobre-expresados en M); comprendidos entre 4,82 y 14,92 con FDR entre 0,0000 y 0,0322. Entre ellos destacan FTL (*Ferritin light Chain 2 = Epididymis Secretory Sperm Binding Protein*) y CAPN13 (*Calpain13= Calcium-Activated Neutral Proteinase 13*), correspondiente a GO: 0004198 (permite la actividad de la endopeptidasa de tipo cisteína dependiente del calcio).

CONCLUSIÓN

Muchos genes infra-expresados se relacionan con metabolismo del calcio, esencial en motilidad, capacitación y reacción acrosómica, y otros son queratinas, de posibles efectos sobre las membranas. Los genes sobre-expresados podrían relacionarse con especies de oxígeno reactivas aumentadas (daño espermático).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Morozova, O. *et al.* 2009. Annu Rev Genom Hum G. 10: 135-151.
- Ji, F. y Sadreyev, R.I. 2018. Curr Protoc Mol Biol. 124(1): e68.