

# Determinación de diferencias en el transcriptoma de muestras sanguíneas de machos de raza Rasa Aragonesa con diferente comportamiento sexual

K. Lakhssassi<sup>1,2</sup>, P. Sarto<sup>1</sup>, B. Lahoz<sup>1</sup>, J.L. Alabart<sup>1</sup>, J. Folch<sup>1</sup>, M. Serrano<sup>3</sup> y J.H. Calvo<sup>1,4</sup>

<sup>1</sup> CITA-IA2. Av. Montañana 930, 50059, Zaragoza, España.

[klakhssassi@cita-aragon.es](mailto:klakhssassi@cita-aragon.es)

<sup>2</sup> INRA-BP 6356, Rabat, Maroc

<sup>3</sup> INIA. Ctra. de La Coruña km 7,5. 28040 Madrid, España.

<sup>4</sup> ARAID. Av. Ranillas I-D, 50018, Zaragoza

## Resumen

El efecto macho se usa en ovino como estrategia para mejorar la fertilidad del rebaño durante el periodo de anestro estacional. La respuesta de las hembras al efecto macho depende, en gran medida, de la calidad de las señales emitidas por los machos (comportamiento sexual, olor, vocalizaciones), de manera que aquellos más activos sexualmente producen un mayor estímulo en las hembras. El objetivo de este trabajo fue investigar las diferencias transcripcionales en muestras de sangre de machos de raza Rasa Aragonesa con diferente comportamiento sexual usando la tecnología del RNAseq. El comportamiento sexual se determinó mediante un test de aprisco en 59 machos adultos. Para ello, cada macho permaneció durante 20 minutos con 2 ovejas adultas en celo y se registró el número de montas y de cubriciones realizadas. De acuerdo con estos registros, se identificaron dos grupos homogéneos de machos (edad, peso vivo y condición corporal) mediante un árbol de decisión: activos ( $7,93 \pm 3,56$  montas  $\pm$  SD) y no activos (ninguna monta). Se seleccionaron 6 animales de cada grupo de los que se tomaron muestras de sangre para la extracción del ARN total. La secuenciación masiva del transcriptoma generó unas lecturas en paired-end de 151 pb. Las lecturas fueron alineadas frente a la versión Oar\_rambouillet\_v1.0 del genoma de referencia ovino mediante la herramienta bioinformática STAR. La detección de genes diferencialmente expresados (GDE) se llevó a cabo con el programa EdgeR encontrándose 4 GDE (FDR < 0.10). Los genes, *inhibidor de acrosina 1* (ENSOARG00020023278) y *SORCS2*, mostraron sobreexpresión ( $\log_{2}FC > 1$ ) en machos activos, mientras que los genes *CRYLI* y una isoforma del gen que codifica para la *cadena ligera de la inmunoglobulina lambda-1* (ENSOARG00020025518) estuvieron subexpresados ( $\log_{2}FC < -1$ ). Con relación al *inhibidor de la acrosina 1*, la acrosina se ha relacionado con la regulación de la entrada de  $Ca^{2+}$  y la reacción del acrosoma espermático mediada por la progesterona en humanos. *SORCS2* está implicado en la plasticidad neuronal dependiente del *factor neurotrófico derivado del cerebro (BDNF)*, relacionándose con comportamiento agresivo en gallinas a través de la regulación de las vías dopaminérgicas y el factor de crecimiento nervioso (NGF). Por otro lado, *CRYLI*, también conocido como *GDH*, se considera un importante transmisor excitatorio de la retina, estando también implicado en el metabolismo energético en los testículos. El análisis de enriquecimiento de genes (GSEA) reveló 428 vías de señalización, dominado principalmente por procesos biológicos como la regulación positiva de la cascada ERK1 y ERK2, que se han descrito en varios estudios como moduladores esenciales de la regulación hipotalámica y de la producción de gonadotropinas hipofisarias mediada por GnRH, y asociada a fenotipos reproductivos como la fertilidad. Adicionalmente, también resultó enriquecido el componente celular lisosoma (GO:0005764)

con 151 genes. Se ha descrito que la inhibición de hidrolasas lisosomales podría afectar a la fertilidad y al comportamiento sexual, dado el papel crucial que juegan los lisosomas en la esteroidogénesis. En un futuro, se pretende validar estos resultados en toda la población de machos (n=59) caracterizados sexualmente mediante test de aprisco.

*Keywords: ovino, morueco, comportamiento sexual, RNAseq*