



# EFECTO DE LA INOCULACIÓN INTRAMAMARIA DE UN LIPOPOLISACÁRIDO SOBRE LA VARIACIÓN TEMPORAL DEL TRANSCRIPTOMA DE LAS CÉLULAS SOMÁTICAS DE LA LECHE EN EL GANADO OVINO: RESULTADOS PRELIMINARES.

Pelayo, R., Fonseca, P.A.S.\*, Marina, H., Gutiérrez-Gil, B., Arranz, J.J. y Suárez-Vega, A.

Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de León, Campus de Vegazana s/n, León 24071, España. \*Email: psouf@unileon.es





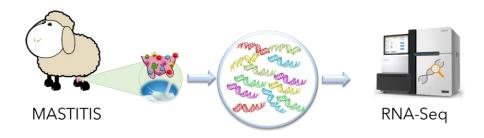
#### Introducción

En **el ganado ovino lechero** las **infecciones mamarias** adquieren una relevancia económica evidente, debido principalmente a:

- reducción de la producción de leche
- disminución de la calidad
- rechazo de la leche tras la administración de antibióticos.

Cada vez son más frecuentes los **estudios transcriptómicos** que analizan la respuesta inmune de la glándula mamaria a diferentes agentes etiológicos con el fin de:

- comprender la fisiopatología de la mastitis
- desarrollar estrategias de control adecuadas.



> J Dairy Sci. 2019 Oct;102(10):9043-9059. doi: 10.3168/jds.2019-16504. Epub 2019 Aug 14.

Genetic mechanisms regulating the host response during mastitis

V Asselstine  $^1$  , F Miglior  $^1$  , A Suárez-Vega  $^1$  , P A S Fonseca  $^1$  , B Mallard  $^2$  , N Karrow  $^1$  , A Islas-Trejo  $^3$  , J F Medrano  $^3$  , A Cánovas  $^4$ 

Comprehensive RNA-Seq Profiling to Evaluate the Sheep Mammary Gland Transcriptome in Response to Experimental *Mycoplasma agalactiae* Infection

Rohini Chopra-Dewasthaly . Melanie Korb, René Brunthaler, Reinhard Ertl

Mastitis

RNA-Seq Whole Transcriptome Analysis of Bovine Mammary Epithelial Cells in Response to Intracellular Staphylococcus aureus

Xiaozhou Wang<sup>1†</sup>, Feng Su<sup>2†</sup>, Xiaohui Yu<sup>2</sup>, Na Geng<sup>1</sup>, Liping Li<sup>1</sup>, Run Wang<sup>1</sup>, Meihua Zhang<sup>1</sup>, Jianzhu Liu<sup>2\*</sup>, Yongxia Liu<sup>1\*</sup> and Bo Han<sup>4</sup>

<sup>1</sup> College of Veterinary Medicine, Shandong Agricultural University, Tai'an, China, <sup>2</sup> Research Center for Animal Disease Control Engineering, Shandong Agricultural University, Tai'an, China, <sup>2</sup> China Animal Health and Epidemiology Center, Olingdas, China, <sup>4</sup> College of Veterinary Medicine, China Agricultural University, Beiling, China

## Introducción



# IMPORTANCIA del "Células somáticas (CS)" de la leche para estudios longitudinales del Transcriptoma de la Glándula Mamaria (TGM).

- El recuento de células somáticas (RCS) es una Titécnica **no invasiva** para estudiar la fisiología de la glándula mamaria
- Representa un índice del estado de salud animal
- CS de la leche+ Tecnologías como la secuenciación masiva paralela del ARN (RNA-seq), nos permite caracterizar el TGM en cada muestra
- Permite realizar estudios longitudinales del TGM (Ej: ante una infección).

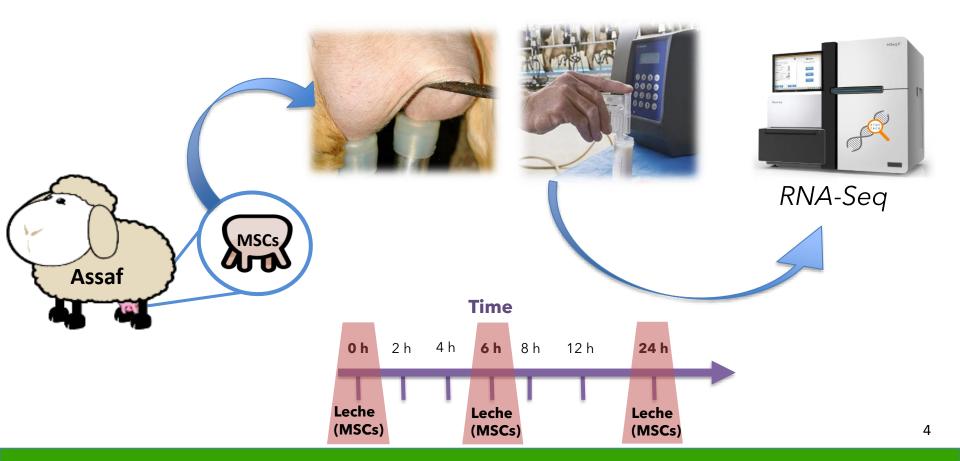








Analizar el transcriptoma de las células somáticas de la leche (**MSCs**) en tres puntos de muestreo diferentes (0h, 6h y 24h) en ovejas Assaf de primera lactación, para caracterizar la dinámica de la respuesta inmune innata frente a la inoculación de un lipopolisacárido (**LPS**) de *Escherichia coli*.



# Material y Métodos



**1º** Assaf N=10



**4º** Secuenciación del RNA extraído de las MSCs (RNA-Seq)



Final de su 1ª lactación (~ día 150 tras el parto)

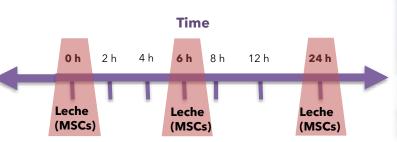


Control LPS





**3º** Recoger muestras individuales en 3 puntos temporales







# **RNA-Seq Bioinformatic PIPELINE**







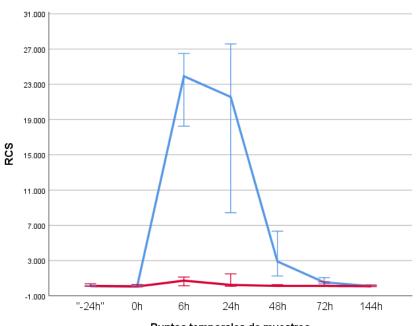


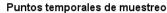


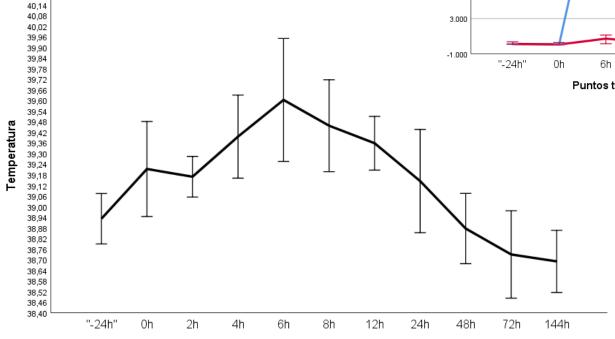
I RCS\_ubreLPS
I RCS\_ubreContr

#### La inoculación de LPS provocó:

- Signos leves de inflamación local (enrojecimiento de la ubre tratada)
- 2. Aumento de la temperatura (máx. 6h)
- 3. Aumento del RCS evidente en la ubre inoculada con LPS (máx 6h)







Puntos temporales de muestreo

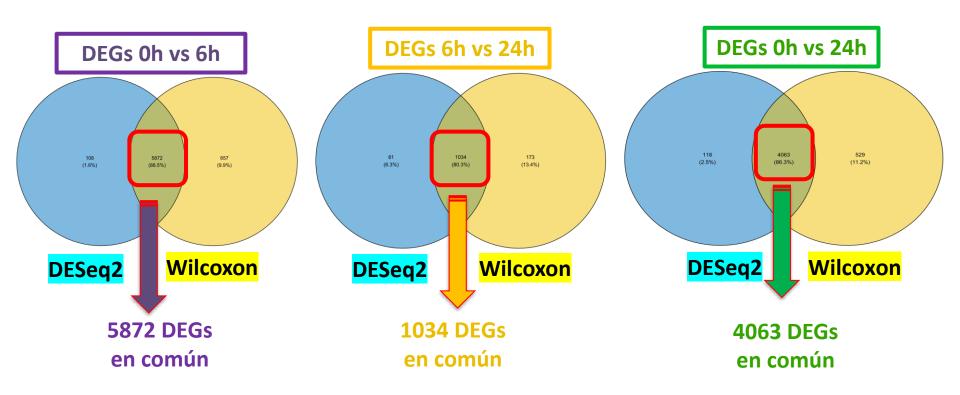


Análisis de expresión diferencial realizado para cada par de horas (0h vs 6h; 6h vs 24h; 0h vs 24h) con los dos métodos estudiados:

- ✓ Método DESeq2 (aproximación estadística paramétrica)
- ✓ Suma de rangos de Wilcoxon (no paramétrica)



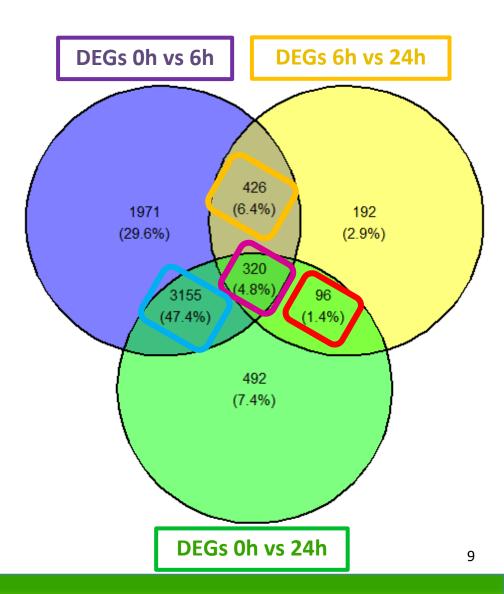
Genes diferencialmente expresados (DEGs)





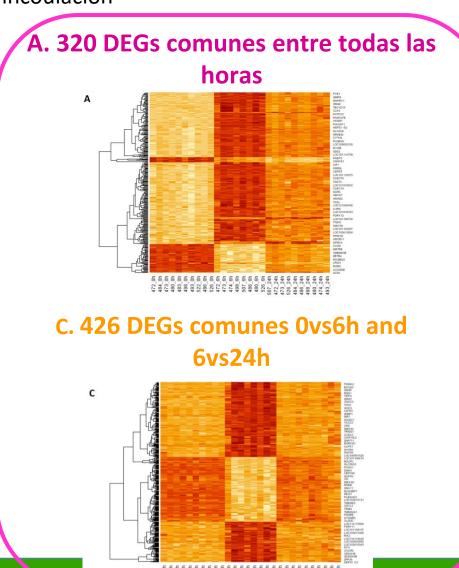
Para este análisis preliminar nos fijaremos en aquellos DEGs comunes entre al menos 2 horas:

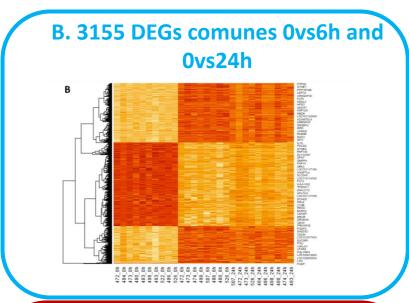
- A. para todas las horas (320 DEGs)
- B. 0vs6h and 0vs24h (3155 DEGs)
- C. 0vs6h and 6vs24h (426 DEGs)
- D. 6vs24h and 0vs24h (96 DEGs )

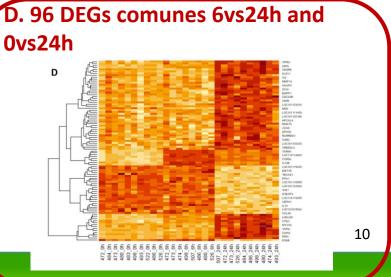




Perfil de expression de los DEGs en el análisis longitudinal en las horas 0, y 6 y 24 post incoulación



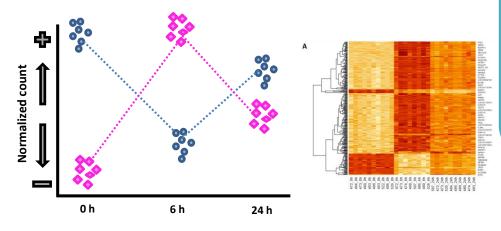




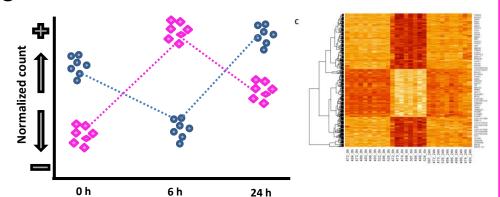


Se definieron tres grupos de DEGs en función de sus patrones de expresión :

#### A DEGs comunes entre todas las horas



#### C DEGs comunes 0vs6h and 6vs24h



#### Patrón azul: 213 DEGs

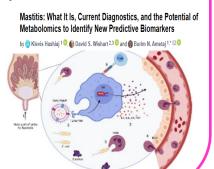
• LALBA, CSN1S1, PPARA, LPIN1, FABP3, PON2

#### Patrón rosa: 521 DEGs

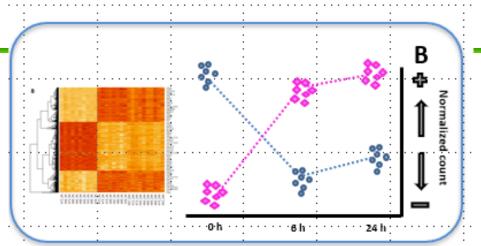
- GO-BP: Leukocyte cell-cell adhesión
- GO: BP: Type I interferón mediated signalling pathway



iniciar la respuesta inmunitaria en cascada contra los agentes patógenos







# - Smarter

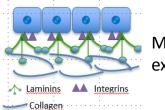
#### Patrón azul: 1251 DEGs

 AACS, FASN, ACACA, ACSS1

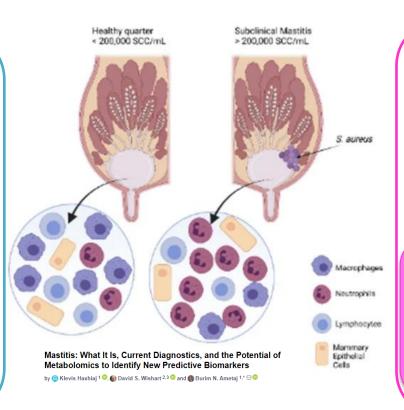


Lipid synthesis

GO-BP: Cell-cell junction organization



Matriz extracelular



#### Patrón rosa: 1436 DEGs

activation GO-BP: Neutrophil mediated inmunity

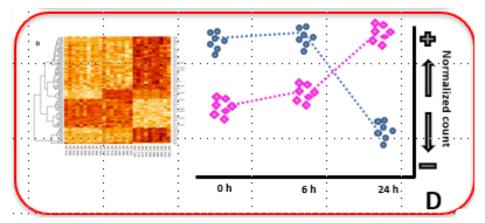
GO-BP: Neutrophil



Glándula mamaria con mastitis tiene recuentos más altos de neutrófilos

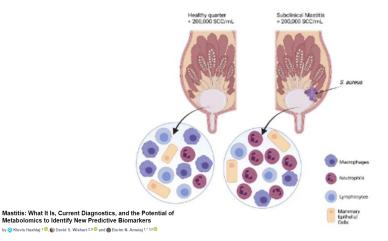


# D. DEGs comunes 6vs24h and 0vs24h



#### Patrón rosa: 67 DEGs

- GO-BP: Positive regulation of neutrophil extravasation
- GO-BP: Regulation of leukocyte migration



GO-BP: Vascular endotelial growth factor signalling pathway



# Reparación de tejidos y protección tisular

Mastitis Increases Growth Factor Messenger Ribonucleic Acid in Bovine Mammary Glands

> LEWIS G. SHEFFIELD Department of Dairy Science, University of Wisconsin, Madison 53706



Prospeci

EGF and TGF-α in wound healing and repair

Gregory Schultz, Warren Clark, D. Scott Rotatori

First published: April 1991 | https://doi.org/10.1002/icb.240450407 | Citations: 266

### Conclusión



- ❖ Tras la infección experimental con LPS, el análisis del transcriptoma de la glándula mamaria mostró una respuesta diferente a lo largo de los tres puntos temporales estudiados
- ❖ Tanto a las 6 h como a las 24 h post-LPS:
  - Los datos transcriptómicos indicaron que la glándula mamaria disminuyó sustancialmente la expresión de genes relacionados con procesos metabólicos implicados en la síntesis de proteínas de la leche y lipídos
  - Se observa un aumento en la expresión de genes relacionadas con la atracción de neutrófilos.
- ❖ A la vez, se ha observado división entre genes de respuesta inflamatoria a las 6 horas y a las 24 horas:
  - ❖ A las 6 horas se observaron una mayor expresión de genes implicados con el inicio de la respuesta inmunitaria
  - ❖ A las 24 horas se observó una mayor expresión de genes posiblemente implicados en reparación de tejidos y protección tisular



#### **SMARTER PARTNERS**























































# Thank you for your attention

www.smarterproject.eu