



## **Selección de normalizadores de la expresión diferencial de miARN en muestras de leche de tanque de ganaderías lecheras expuestas a diferentes grados de contaminación ambiental**

**Sergio Forcada Mazo, Loubna Abou el qassim, Mario Menéndez, Ana Soldado, Luis J Royo, José Manuel Costa-Fernández.**

Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario (SERIDA), Dpto. Nutrición, Pastos y Forrajes, Grupo de investigación NySA-SERIDA, Ctra. AS - 267, PK 19, 33300, Villaviciosa, sforcada@serida.org

Los microARN son moléculas de ARN de cadena sencilla, de tamaño pequeño (unos 25 nucleótidos), que regulan la expresión génica en eucariotas de manera post-transcripcional, y que están implicados en la mayoría de los procesos biológicos de las células y organismos. La expresión de estos biomarcadores en diferentes tejidos se puede ver alterada por la exposición del individuo a diferentes contaminantes ambientales.

Nuestro interés en el estudio de estos biomarcadores es poder utilizarlos como indicadores indirectos de la presencia de HAP (Hidrocarburos Aromáticos Policíclicos) en el ambiente. La técnica de elección empleada para analizar la expresión diferencial de los miARN es la PCR a tiempo real. Esta técnica requiere de la normalización de los resultados, que se realizará con aquellos miARN en la leche cuya expresión puede considerarse constante en las condiciones del estudio.

Para seleccionarlos, se extrajo ARN total de la grasa de 27 muestras de leche de tanque de ganaderías recogidas en diferentes localizaciones y épocas del año y representativas de toda la variabilidad existente, desde libres de contaminación hasta ganaderías con ciertos niveles de contaminación ambiental. La clasificación de la contaminación de las ganaderías se realizó en base al contenido de HAP en el forraje del que se alimentaban las vacas en producción los días anteriores al muestreo de la leche. En estas muestras de ARN de leche de tanque se analizó la expresión de seis miARN de expresión estable en otros estudios de análisis de expresión de miARN en grasa de leche de vaca. El algoritmo GeNorm identifica el número ideal de marcadores estables para asegurar que la normalización sea correcta. En este caso, se identificó que la media aritmética de la expresión de los marcadores bta-mir27 y bta-mir99 asegura una correcta normalización de los resultados en las condiciones de nuestro trabajo.

\*Trabajo financiado por el INIA-AEI RTA2015-00062 y el Principado de Asturias IDI/2021/000102 y fondos FEDER. Sergio Forcada está financiado por una ayuda BES-2017-081314. Loubna Abou el qassim está financiada por una ayuda Severo Ochoa (BP17-49).

# LIBRO DE RESÚMENES

XXIII REUNIÓN DE LA SOCIEDAD ESPAÑOLA DE QUÍMICA  
ANALÍTICA

JORNADA DE ESPECIACIÓN

VII JORNADA DOCENTE EN QUÍMICA ANALÍTICA



Universidad de Oviedo



Oviedo, 12-15 de Julio de 2022