

Efectos de la privación de sueño materno en el transcriptoma de ratas madres y su progenie

Agustín Rodríguez^{1,2*}, Silvana Pereyra², Luciana Benedetto¹

¹Unidad Académica de Fisiología, Facultad de Medicina, Universidad de la República.

²Unidad Académica de Genética, Facultad de Medicina, Universidad de la República.

*agustinrodsua@gmail.com



Introducción

La restricción de sueño (RS) en animales no lactantes genera una gran diversidad de alteraciones, desde cognitivas hasta en los niveles plasmáticos hormonales. Particularmente, la RS (ya sea aguda [RSA] o crónica [RSC]) en ratas madre causa una reducción en el cuidado maternal, la ganancia de peso de las crías y la ingesta de comida y agua por parte de la madre. Asimismo, altera la composición de la leche.

Con el fin de identificar las bases biológicas que determinan estos cambios, nos proponemos analizar los transcriptomas de tejido mamario e hipotálamo de ratas madre con RSA y RSC, y los hipotálamos de sus crías.

Metodología

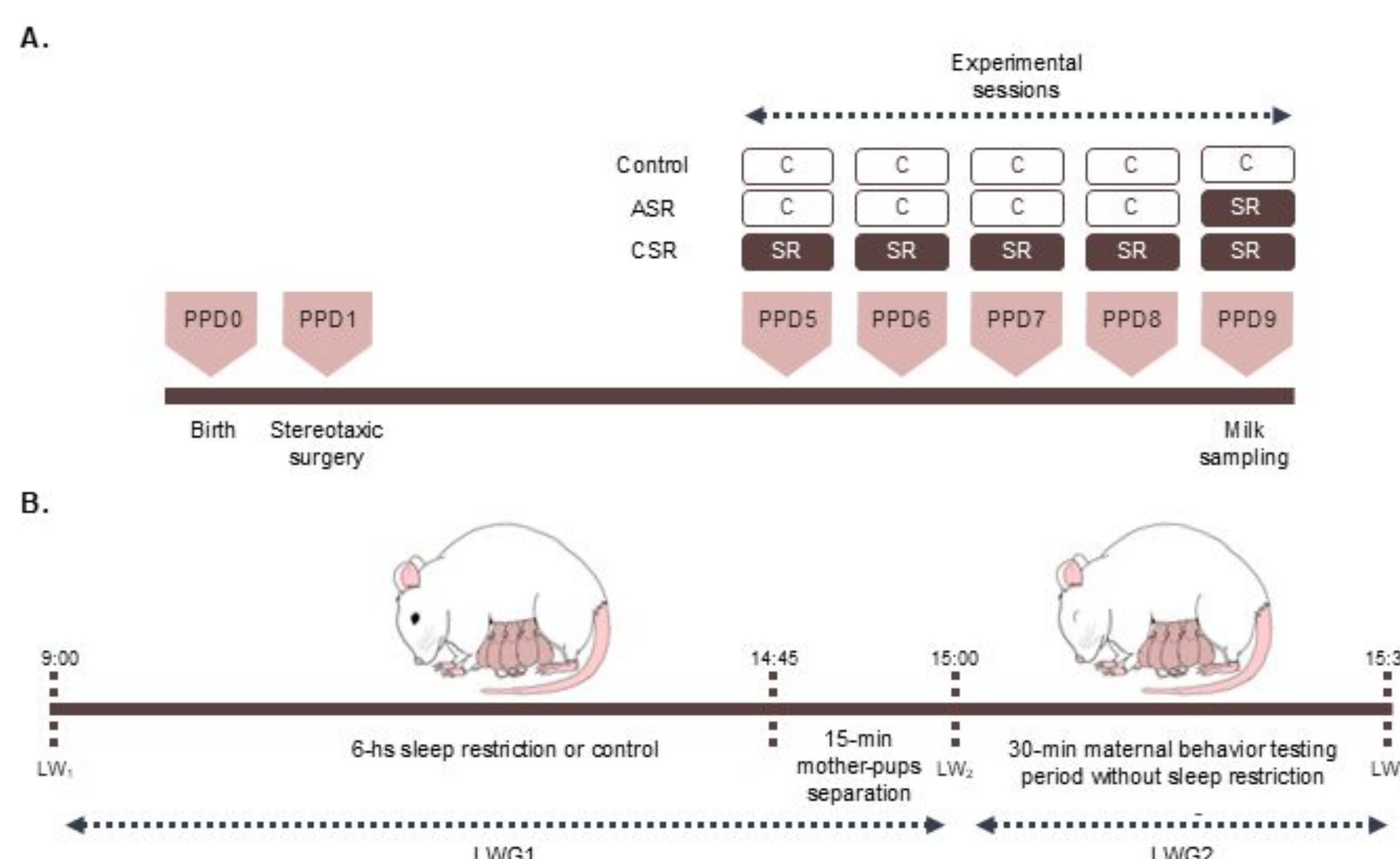


Figura 1. Protocolo de restricción de sueño, con tres grupos experimentales independientes de ratas madres (n=8 por grupo). C: control. SR: restricción de sueño.

Objetivos específicos

- Determinar genes diferencialmente expresados en los hipotálamos y glándulas mamarias de ratas madre con RSA y RSC (o control), y en hipotálamos de sus crías.
- Identificar vías metabólicas que puedan estar alteradas en cada tejido de cada grupo.
- Contrastar patrones de expresión generados entre grupos RSA y RSC.

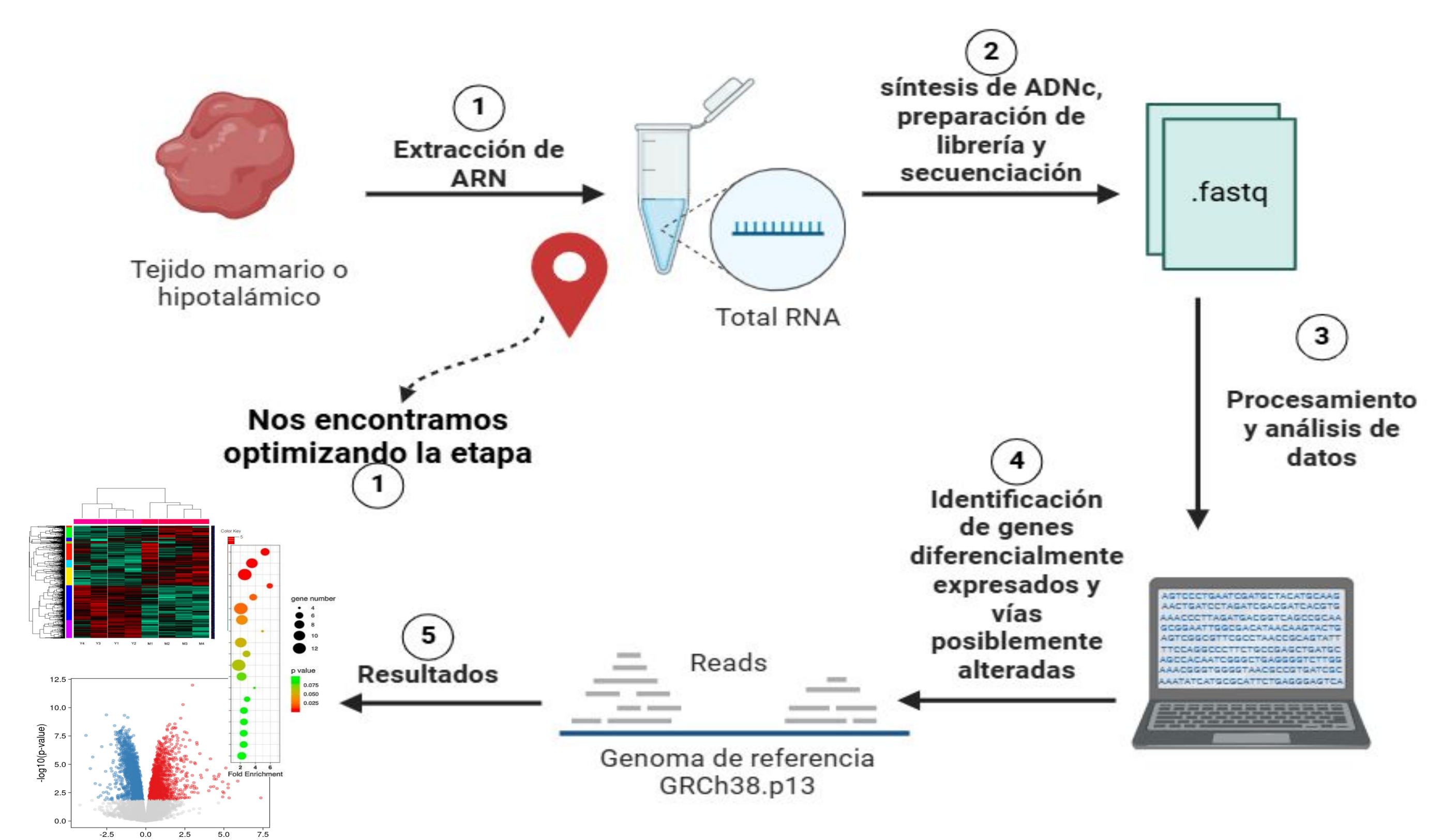


Figura 2. Metodología de trabajo para obtener los resultados transcriptómicos.

Resultados esperados

- Observar en RS cambios de expresión en el tejido mamario relacionadas con la composición de la leche (ej. β -caseína).
- En el tejido hipotalámico de madres expuestas a RS y sus crías, detectar cambios de expresión en:
 - CRH asociada al estrés
 - oxitocina y factores de regulación de prolactina relacionadas al comportamiento materno y la lactancia
 - grelina y ADH asociadas a la alimentación
 - Desregulación de Per1 asociada a la regulación del ciclo sueño-vigilia
- Vincular los cambios hormonales con los comportamentales relevados en trabajos previos.

Resultados preliminares

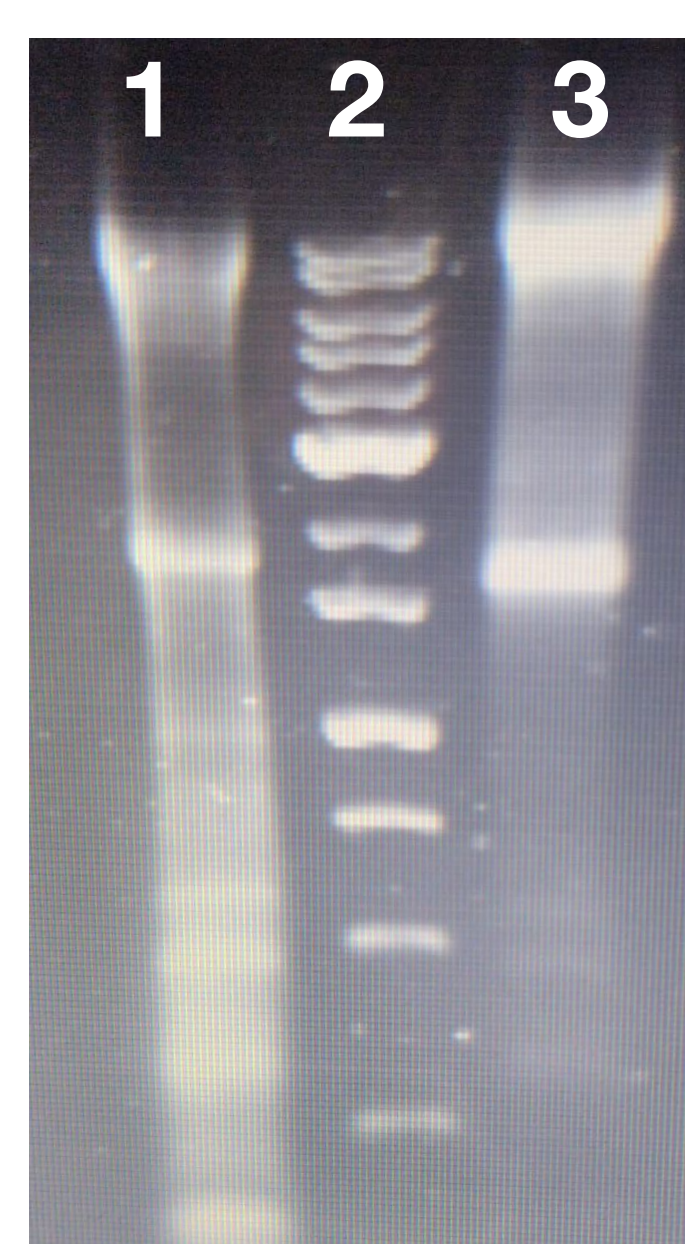


Figura 3. Logramos ARNs de buena calidad. 1: ARN degradado; 2: Marcador de peso; 3: ARN íntegro

- Optimizamos el protocolo de extracción de ARN, obteniendo 11 muestras de ARN de tejido mamario (grupo control [n=5]; RSA [n=4]; RSC [n=2]).
- Las 11 muestras cuentan con:
 - concentración $> 70 \text{ ng}/\mu\text{L}$
 - relación 260/280 $> 1,8$
 - relación 260/230 $> 2,0$
 - Integrity and quality IQ > 7

Actualmente se continúan las extracciones para obtener ARN de buena calidad e integridad de todas las muestras y tejidos.

Agradecimientos

Este proyecto cuenta con financiamiento ANII por la convocatoria FCE2023 y beca de maestría SNB a Agustín Rodríguez.