

IMPACTO DE LA MICROBIOTA VAGINAL SOBRE LA TASA DE PREÑEZ POR INSEMINACIÓN ARTIFICIAL EN TRES RAZAS OVINAS ESPAÑOLAS

Reinoso-Peláez^{1,2*}, E.L., Puente-Sánchez³, F., González¹, C., Serrano¹, M. y Saura¹, M.

¹INIA-CSIC, Crta. La Coruña, km. 7,5, 28040 Madrid, Spain. ²ETSIAAB Universidad Politécnica de Madrid, Av. Puerta de Hierro 2, 28040 Madrid, Spain. ³Swedish University of Aquaculture Sciences, Almas Allé 8, 750 07 Uppsala, Sweden
*Edgar.reinoso@inia.csic.es

INTRODUCCIÓN

La inseminación artificial (AI) es una herramienta esencial en los programas de mejora genética de rumiantes de aptitud lechera. Sin embargo, su eficiencia en la especie ovina es baja (30-60 %), a pesar de que se han mejorado aspectos técnicos, lo que resulta en pérdidas económicas y retrasa la eficiencia de la selección (Cseh, Faigl and Amiridis, 2012). El microbioma del tracto reproductivo de ovinos es poco conocido y podría constituir un factor importante en la eficiencia reproductiva. El objetivo de este estudio es identificar los factores asociados con la composición de la microbiota del tracto reproductivo en ovejas y su relación con la fertilidad.

MATERIAL Y MÉTODOS

Previo a la IA se tomaron muestras de exudado vaginal de 332 ovejas de 4 rebaños diferentes compuestos por la raza Latxa (rebaño1), Manchega (rebaño2 y rebaño3) y Rasa Aragonesa (rebaño4). Se diagnosticó la preñez 45 días después de la IA por ecografía. Se extrajo el ADN microbiano de las muestras y se secuenciaron las regiones V3-V4 del gen ribosomal 16S microbiano con la tecnología de Illumina MiSeq. Las secuencias se analizaron identificando la Variante de Secuencia de Amplicón (ASV) con el paquete DADA2 del software R (35.577 ASV identificados). Se realizaron estudios de Beta diversidad mediante componentes principales (PCA) y PERMANOVA para determinar los factores asociados a la composición de la microbiota. Se utilizó la transformación CLR para las tablas composicionales. Finalmente, se realizaron análisis de abundancia diferencial entre ovejas preñadas y no preñadas. Se eligió un modelo lineal corregido por rebaño (*all corrected*) y modelos lineales para cada rebaño con el software DESeq2 y la transformación SizeFactor para las tablas composicionales.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados mostraron que la composición de la microbiota vaginal depende principalmente del rebaño (más que del factor raza), pudiendo verse muy afectada por elementos relacionados con el manejo, como la dieta, tratamientos veterinarios, etc. (Barrientos-Durán *et al.*, 2020). Se encontraron 57, 71, 61, 65, y 94 ASVs significativamente más abundantes en ovejas preñadas para los modelos *All_corrected*, *rebaño1*, *rebaño2*, *rebaño3*, y *rebaño4*, respectivamente. Para el grupo de no preñadas se encontraron 133, 20, 54, 237, y 189 ASVs significativamente más abundantes para los mismos modelos. Estos taxones presentan una prevalencia variable, por lo que no se han encontrado ASVs comunes a todos los rebaños. Sin embargo, al agrupar los ASVs a nivel taxonómico de filo/clase, se encontró que la mayoría de los significativamente más abundantes en ovejas preñadas pertenecen a Proteobacterias/Gammaproteobacterias y aquellos significativamente más abundantes en no preñadas pertenecen a Fusobacterias/Fusobacterias, estos resultados coinciden con otros estudios realizados por Laguardia-Nascimento *et al.* (2015) y Kong *et al.* (2020), en bovino y humanos, respectivamente.

CONCLUSIÓN

Las comunidades microbianas están influenciadas en gran medida por el efecto rebaño (efectos ambientales). La relación entre microbiota y preñez está determinada por pocos ASVs y varía dentro de cada raza ovina. Por lo general, en ovejas preñadas predominaron ASVs que pertenecen al filo Proteobacteria, mientras que en no preñadas aquellos que pertenecen al filo Fusobacteria.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Barrientos-Durán, A., *et al.* 2020. *Nutrients*. 12(2): 419.
- Cseh, S., *et al.* 2012. *Anim. Reprod. Sci.* 130(3-4): 187-192.
- Kong, Y., *et al.* 2020. *Front. Med.* 7: 217.
- Laguardia-Nascimento, M., *et al.* 2015. *PLoS One*. 10: e0143294.

Agradecimientos: Dr. Stefan Bertilsson (SLU) por la asesoría científica.