

LAS FRACCIONES DEL EYACULADO INFLUYEN EL DESARROLLO VASCULAR EN EL ÚTERO PORCINO: UN ESTUDIO PRELIMINAR

Párraga-Ros^{1*}, E., Toledo², S., Luongo², C., García-Vázquez², F.A., Seva¹, J. y Matas², C.

¹Departamento de Anatomía y Anatomía Patológica Comparadas y ²Departamento de Fisiología Animal. Facultad de Veterinaria. Campus de la Excelencia Mare Nostrum.

Universidad de Murcia (30100) Murcia, España

*ester.parraga@um.es

INTRODUCCIÓN

La exposición uterina a los componentes del eyaculado produce la expresión génica de factores angiogénicos que promueven la vascularización y que pueden estar relacionados con la respuesta inmunológica local que ha sido descrita por varios autores (O'Leary *et al.*, 2004). Sin embargo, como afectan diferentes fracciones del eyaculado porcino sobre la vascularidad uterina no ha sido todavía descrita. Por tanto, el objetivo de este estudio preliminar fue analizar el porcentaje de área vascular en las distintas regiones del útero de la cerda bajo la exposición a distintas fracciones seminales.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se usaron un total de 12 cerdas, divididas en un grupo control (C, n = 3) que no fue inseminado y 3 grupos experimentales (A1, n = 9) que fueron inseminadas con diferentes fracciones del eyaculado (F1 = Fracción rica, F2 = F1+Fracción intermedia y F3 = F2 + Fracción pobre). A los 6 días de la inseminación, las cerdas fueron sacrificadas y los úteros se recogieron de matadero. En todas las cerdas se valoraron 3 regiones uterinas: región 1 = próxima al oviducto, región 2 = central y región 3 = próxima al cérvix. Las muestras uterinas fueron fijadas y procesadas rutinariamente para su inclusión en parafina. Se realizó una inmunohistoquímica con el anticuerpo primario CD31 para identificación del endotelio vascular. Las preparaciones inmunomarcadas fueron digitalizadas a 0.172 pixel/ μm (Pannoramic MIDI II scanner3D Histech®) y fotografiadas a 10x con el microscopio virtual SlideViewer®. Las imágenes (5-7 imágenes/preparación) se analizaron con ImageJ®, usando una segmentación de tejidos y una macro para obtener el % de área vascular en cada imagen. Para el análisis estadístico se utilizó el programa SPSS®, usando ANOVA y el test de Tukey y Bonferroni para estudiar las posibles diferencias ($p < 0,05$) entre el grupo C y E, así como las distintas fracciones seminales y las regiones uterinas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se analizaron 201 imágenes que abarcaron un total de 5,95 mm² de tejido uterino. El % de área vascular en el grupo C fue significativamente menor ($p < 0,05$) al compararlo con las cerdas inseminadas (19,6 % \pm 1,5 vs. 24,2 % \pm 0,8), por lo que la interacción del eyaculado con el útero provoca un aumento del área vascular que coincide con lo descrito macroscópicamente por otros autores (O'Leary *et al.*, 2004) y con la mayor proliferación de células endoteliales halladas en el endometrio porcino (Bogacki *et al.*, 2020). Sin embargo, no se hallaron cambios al analizar las distintas fracciones seminales y las distintas regiones anatómicas, a excepción de la F3 que mostró mayor % de área vascular ($p < 0,05$) al compararlo con el grupo C en la región central (C = 17,8 % \pm 1,8 y F3 = 26,5 % \pm 2,14) y la región próxima al cérvix (C = 18,6 % \pm 1,64 y F3 = 25,1 % \pm 1,7). Estos hallazgos están en concordancia con lo observado en el endometrio distal y proximal porcino tras la cópula, donde se incrementó la expresión génica de factores vasculares, entre otros (Álvarez-Rodríguez *et al.*, 2020), con una fracción seminal similar a la F3 empleada en el presente estudio.

CONCLUSIÓN

El contacto del eyaculado con el útero provoca un aumento del área vascular uterina. A los 6 días de la inseminación, sólo el eyaculado completo (F3) es capaz de provocar un aumento del área vascular uterina en las regiones más distales al oviducto.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- O'Leary, S. *et al.* 2004. Society for Reproduction and Fertility doi: 10.1530/rep.1.00160 • Álvarez-Rodríguez, M. *et al.* 2020. Int. J. Mol. Sci. 21: 5477; doi: 10.3390/ijms21155477 • Bogacki, M., *et al.* 2020, 11: 1302; doi: 10.3390/genes11111302.

Agradecimientos: Ministerio de Ciencia e Innovación (PID2019-106380RB-I00/AEI/10.13039/501100011033) y PDC2022-133589-I00 - E05071301) y la Fundación Séneca (21656/PDC/21).