IMPACTO DE LA CONSANGUINIDAD DEL HUÉSPED SOBRE LA DIVERSIDAD DE LA MICROBIOTA VAGINAL EN OVINOS Y SU RELACIÓN CON LA TASA DE PREÑEZ

Reinoso-Peláez[1,2*], E.L., Serrano[1], M., Fernández[1], A., Villanueva[1], B. y Saura[3], M.
[1]INIA-CSIC, Crta. de la Coruña Km 7,5, 28040 Madrid; [2]ETSIAAB-UPM,
Av. Puerta de Hierro 2, 28040 Madrid; [3]IIM-CSIC, Rúa de Eduardo Cabello 6, 36208 Vigo
*edgar.reinoso@inia.csic.es

INTRODUCCIÓN

Tradicionalmente, la conservación de especies se ha centrado en la variabilidad genética nuclear y mitocondrial para definir unidades de manejo y evaluar riesgos de extinción. Sin embargo, se ha evidenciado que la microbiota no solo juega un papel fundamental en la salud y adaptación de los organismos, sino que también puede estar influenciada por la genética del huésped. En poblaciones con baja variabilidad genética, como aquellas amenazadas o sometidas a procesos de domesticación y selección artificial intensos, la consanguinidad podría afectar no solo a la diversidad genética y la depresión consanguínea del huésped, sino también comprometer la estabilidad y funcionalidad de la microbiota, un aspecto que aún está poco investigado. Por tanto, el objetivo de este estudio es evaluar el impacto de la consanguinidad del huésped sobre la diversidad de la microbiota vaginal en ovejas de tres razas ovinas españolas, y determinar su influencia en la tasa de preñez por inseminación artificial.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se genotiparon 243 ovejas de las razas Manchega, Latxa y Rasa Aragonesa utilizando un chip de 606K SNPs. Se estimaron distintos coeficientes de consanguinidad genómica, incluyendo aquellos basados en la proporción de genotipos homocigotos (F_{NEJ}), la proporción de segmentos de homocigosis (F_{ROH}) y los derivados de la matriz de relaciones genómicas (F_{VR} y F_{YANG}) (Villanueva *et al*., 2021). La ocurrencia de depresión consanguínea para preñez se evaluó utilizando un modelo mixto umbral en el que el coeficiente de consanguinidad se incluyó como covariable. La microbiota vaginal de las mismas ovejas se secuenció mediante metabarcoding de las regiones V3-V4 del ARN ribosómico 16S, y mediante una aproximación metagenómica utilizando la tecnología de secuenciación por nanoporos. La diversidad de la microbiota se cuantificó, para diferentes niveles taxonómicos, a través de estimadores de diversidad alfa, como son la riqueza observada, el índice de Chao1, el índice de Shannon y el índice de Simpson. La relación entre el coeficiente de consanguinidad y la diversidad microbiana se evaluó mediante análisis de correlación de Spearman, y la significación estadística se determinó mediante un t-test corregido para múltiples comparaciones.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se detectó depresión consanguínea significativa para la tasa de preñez. Los estimadores de diversidad alfa obtenidos mediante metabarcoding y metagenómica, mostraron correlaciones negativas significativas con los coeficientes de consanguinidad genómica, excepto en el caso de los índices de Shannon y Simpson. Esta ausencia de correlación puede explicarse porque estos índices están ponderados por la abundancia relativa y la equitatividad en la distribución de los taxones. Las correlaciones más fuertes se dieron con F_{YANG} (–0,19) y las más débiles con F_{VR} (–0,08). Nuestros resultados muestran una tendencia similar a los encontrados en estudios recientes en cerdos, donde se ha observado una disminución en la diversidad de la microbiota intestinal asociada al aumento de la consanguinidad del huésped (Wei *et al*., 2020), así como una mayor diversidad microbiana relacionada con un incremento en el número de copias en el genoma del huésped (Ramayo-Caldas *et al*., 2023).

CONCLUSIÓN

Los resultados de este estudio sugieren que el aumento de la consanguinidad no solo reduce la eficacia biológica de los animales estudiados, sino que también afecta a su capacidad para mantener una microbiota sana y diversa. Esto puede deberse tanto al efecto genético del huésped sobre el ambiente en el que se desarrolla como a interacciones genéticas huésped-microbiota que intensifican estos efectos, subrayando la importancia de preservar la variabilidad genética en los programas de selección.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Villanueva, B. *et al*. 2021. Genet Sel Evol 1: 53-42 • Ramayo-Caldas, Y. *et al*. 2023. Microbiol. Spectrum 11: e05271-22. • Wei, L. *et al*. 2020. Animals 10: 2125.

Agradecimientos: Este trabajo está financiado por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (proyecto RTI-2018-096487-R-C33).