

INFLUENCIA DE LOS POLIMORFISMOS DEL GEN *MTNR1A* EN LA EXPRESIÓN DE LOS RECEPTORES MT1 Y MT2 EN ESPERMATOZOIDES OVINOS

Peña-Delgado^{1*}, V., Carvajal-Serna¹, M., Noya¹, A., Canto¹, F., Macías², A., Laviña², A., Martín², E., Abecia¹, J.A., Pérez-Pe¹, R. y Casao¹, A.

¹Grupo BIOFITER, IUCA, UNIZAR; ²Asociación Nacional de Criadores de Ganado Ovino Selecto de Raza Rasa Aragonesa (ANGRA)

*vpdelgado@unizar.es

INTRODUCCIÓN

La especie ovina presenta una estacionalidad reproductiva muy marcada regulada por la secreción de melatonina. Esta hormona realiza algunas de sus funciones uniéndose a receptores de membrana específicos, denominados MT1 y MT2. El gen del receptor de melatonina 1A (*MTNR1A*) presenta varios polimorfismos y dos de ellos (*RsaI*, g.17355458C>T; *MnII*, g. 17355452 G>A) se han relacionado con cambios en el comportamiento reproductivo, en la calidad seminal y en la respuesta de los espermatozoides a la melatonina exógena en moruecos de raza Rasa Aragonesa (Abecia *et al.*, 2020; Abecia *et al.*, 2023, Peña-Delgado *et al.*, 2024a; Peña-Delgado *et al.*, 2024b). Sin embargo, a día de hoy se desconoce cómo influye la estacionalidad reproductiva, así como dichos polimorfismos, en la concentración de los receptores MT1 y MT2 en la membrana del espermatozoide. Por tanto, el objetivo de este trabajo fue evaluar como los polimorfismos *RsaI* y *MnII* del gen *MTNR1A* influyen en los niveles de los receptores MT1 y MT2 de los espermatozoides ovinos durante las estaciones no reproductiva (ENR) y reproductiva (ER).

MATERIAL Y MÉTODOS

Para ello, se obtuvieron muestras seminales mensuales de dieciocho moruecos adultos de raza Rasa Aragonesa, previamente genotipados para ambos polimorfismos del gen *MTNR1A* (9 C/C, 5 C/T y 4 T/T para *RsaI*; 7 G/G, 7 G/A y 4 A/A para *MnII*) durante los meses de diciembre a febrero (ER) y de mayo a julio (ENR). De dichas muestras se extrajeron proteínas siguiendo el protocolo descrito previamente (Colas *et al.*, 2008). Los niveles de MT1 y MT2 se determinaron mediante Western Blot y se evaluaron mediante un two-way ANOVA para analizar el posible efecto de los polimorfismos de *MTNR1A* y de la estación (ER/ENR), utilizando el software GraphPad Prism (v.8.0.1).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Cuando se compararon los niveles de MT1 entre épocas, sólo se observaron diferencias en los espermatozoides procedentes de animales C/C para el polimorfismo *RsaI*, siendo significativamente mayor en ER que en ENR ($P < 0,05$). Comparando entre genotipos, en ER la concentración de MT1 fue significativamente mayor en los espermatozoides de animales C/C en comparación con los T/T ($P < 0,05$), lo que podría explicar las diferencias en la respuesta a la melatonina que presentan los espermatozoides de animales C/C y T/T en esta época cuando la hormona se añade a diferentes medios de incubación (Peña-Delgado *et al.*, 2024b). Sin embargo, para el polimorfismo *MnII* no hubo cambios significativos en la expresión de MT1 en función de la estación o el genotipo. En cuanto a la concentración del receptor MT2, se encontraron mayores niveles de este receptor en ENR que en ER en los espermatozoides de machos portadores de los tres genotipos para el polimorfismo *RsaI* ($P < 0,05$), mientras que para el polimorfismo *MnII*, las diferencias fueron significativas sólo para los genotipos G/G y G/A ($P < 0,01$).

CONCLUSIÓN

La estacionalidad influye en los niveles espermáticos de MT1 (en animales C/C) y MT2 (en animales C/C, C/T, T/T, G/G y G/A), mientras que el polimorfismo *RsaI* del gen *MTNR1A* influye únicamente en los niveles de MT1 en la estación reproductiva. Estos resultados podrían explicar la diferente respuesta de los espermatozoides ovinos tras la adición de melatonina exógena.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abecia, JA. *et al.* 2020. Theriogenology. 157: 42-47
- Abecia, JA. *et al.* 2023. Anim Sci Proc. 14: 77-78
- Peña-Delgado, V. *et al.* 2024a. Reprod Fertil Dev. 36
- Peña-Delgado, V. *et al.* 2024b. Reprod Fertil Dev. 36
- Colas, C. *et al.* 2008. Reprod Fertil Dev. 20, 649-658.

Agradecimientos: Trabajo financiado por los proyectos PID2020-113239RB-I00 (Ministerio de Ciencia e Innovación. Gobierno de España) y A07_23R (Gobierno de Aragón).