

ESTUDIO LONGITUDINAL DEL CAMBIO DE LA MICROBIOTA INTESTINAL CON LA EDAD EN CONEJO

Biada^{1*}, I., Santacreu¹, M.A., Blasco¹, A., Pena², R.N. e Ibáñez-Escriche¹, N.

¹Instituto de Ciencia y Tecnología Animal, Universitat Politècnica de València, València 46022.

²Universitat de Lleida- Agrotecnio CERCA Center, Lleida 25198; *ibiada@posgrado.upv.es

INTRODUCCIÓN

A diferencia del genoma de los animales, que es estático, el microbioma es esencialmente dinámico, y la edad del animal es uno de los principales factores que influyen en las comunidades microbianas presentes en el intestino (Gerber, 2014). Además, hay evidencias de que el microbioma puede influir en la salud del organismo y posiblemente, en la longevidad, por su papel en múltiples funciones fisiológicas, como por ejemplo el sistema inmunitario del animal (Willing y Van Kessel, 2010). El objetivo de este trabajo es realizar un análisis longitudinal para estudiar la evolución de la microbiota intestinal a lo largo de la edad de dos líneas de conejos con diferente longevidad (LP, una línea fundada con criterios de longevidad, y A, una línea comercial de longevidad estándar). Este estudio está relacionado con otro anterior en el que se observó que estas líneas (LP y A) presentaban diferentes perfiles de microbioma en el primer parto (Biada *et al.*, 2022), lo que podría explicar en parte sus diferencias en longevidad.

MATERIAL Y MÉTODOS

En este experimento se utilizó un total de 195 conejas, 117 de la línea LP y 78 de la línea A. Las hembras se criaron en las mismas condiciones y se les permitió alcanzar el máximo número de partos posible. Se recogieron muestras de heces después de cada parto cuando fue posible, sumando un total de 367 muestras. Se secuenció las regiones variables V3-V4 del gen 16S rRNA utilizando Illumina MiSeq. Tras el filtrado y el control de calidad, las secuencias se agruparon en ASVs (Amplicon Sequence Variants) utilizando DADA2 en R. La anotación taxonómica se realizó con el software QIIME2 y el clasificador Naive Bayes de la base de datos SILVA. Los índices de diversidad alfa y beta se calcularon con QIIME2. A continuación, se calculó la correlación de orden de rangos de Spearman entre los índices de diversidad alfa y la edad. Además, se analizaron los índices de diversidad con un modelo lineal de repetibilidad con los siguientes efectos: orden de parto (OP) agrupado en cuatro categorías (OP1, OP 2, OP 3-8, OP > 9), línea con dos niveles LP y A, animal y la edad como covariable.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La tabla de abundancia contenía 27.307 ASVs y 21.800.931 lecturas. Los valores alfa de Shannon y Pielou Evenness mostraron una correlación negativa de Spearman con la edad, -0,7 y -0,4, respectivamente. Además, el grupo OP>9 mostró una diversidad alfa menor que los grupos de menor orden de parto con una probabilidad del 100% y el índice de Pielou Evenness disminuyó con la edad con un HPD95% de [-0,00007, -0,00003]. Estos resultados indican que, independientemente de la línea, la homogeneidad y riqueza de la comunidad microbiana disminuyen con la edad. Nuestra hipótesis es que esto refleja la preponderancia de unos microbios sobre otros con el aumento de la edad. El análisis de coordenadas principales (PCoA), basado en las distancias de Bray-Curtis, Jaccard y UniFrac, para la diversidad beta mostró una clara separación entre las comunidades bacterianas en función del orden de parto.

CONCLUSIÓN

Los resultados preliminares de la diversidad alfa y beta indican cambios evidentes de la microbiota del intestino con el aumento de la edad en conejo. Se necesitan análisis adicionales para estudiar cómo cambia la abundancia microbiana a lo largo del tiempo entre las dos líneas A y LP y para identificar clústeres de taxones con patrones temporales de abundancia similares y su posible implicación en la longevidad.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Biada, I., Ibáñez-Escriche, N., Blasco, A., Santacreu, M.A. 2022. The 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. • Gerber, G.K. 2014. FEBS Lett. 4131-4139. • Willing, B. P. & Van Kessel, A. G. 2010. Livestock Science. Livest. Sci. 133: 82–91.

Agradecimientos: Esta investigación ha sido financiada por el MEC (AGL2017-55921-C2-1-P y PID2020-115558GB-C21) y la Generalitat Valenciana (AICO/2020/349 and CIACIF/2021/005).