

Caracterización del microbioma de la leche de oveja en relación al recuento de células somáticas

Heddi, I^{1*}, Estellé, J², Garzón, A³; Caballero-Villalobos, J³, Ramon, M⁴, Angon, E³, Cantarero, M¹, ¹Jiménez, L¹; Arias, R¹

¹ IRIAF, CERSYRA, Avda del Vino 10, 13300 Valdepeñas, España,

² Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, GABI, 78350 Jouy-en-Josas, France,

³ Universidad de Córdoba, Dpto. de Producción Animal, Ctra. Madrid-Cádiz km 3, 14071 Córdoba, España,

⁴ INIA-CSIC, Mejora Genética Animal, Crta. Coruña Km 7.5, 28040 Madrid, España,

* iheddi@jccm.es

Resumen

El microbioma de la leche condiciona la calidad sanitaria y tecnológica de los productos lácteos. En el ganado ovino, el recuento de células somáticas (RCS) es el indicador indirecto para evaluar el estado sanitario de la ubre, estando estrechamente vinculado a procesos inflamatorios como las mamitis y a cambios profundos en la ecología microbiana mamaria. El objetivo de este estudio fue evaluar el impacto de los niveles de RCS sobre la biodiversidad y composición taxonómica del microbioma lácteo en ovejas de raza Manchega.

Se analizaron un total de 791 muestras de leche. El DNA microbiano se extrajo con el kit DNeasy PowerFood (Qiagen, Hilden, Germany) y se secuenció la región 16S rRNA mediante la plataforma Illumina en la Fundació Fisabio (Valencia). El procesamiento bioinformático se realizó en R empleando el paquete DADA2 para la obtención de variantes de secuencia (ASVs) y la base de datos SILVA versión 132 para la taxonomía. Los datos se gestionaron con el paquete phyloseq, filtrando exclusivamente el reino Bacteria. Para el análisis comparativo, las muestras se clasificaron según el RCS en tres niveles: bajo (<250.000 células/mL), medio (250.000–700.000 células/mL) y alto (>700.000 células/mL), centrándose el análisis comparativo en los grupos extremos de recuento (bajo vs. alto). Tras una normalización por rarefacción a una profundidad de 5.000 lecturas por muestra, la estimación de la diversidad alfa se verificó mediante rarefacciones repetidas (100 iteraciones) para asegurar estimaciones fiables de Richness y Shannon. Estos índices se calcularon como la media de las iteraciones y se evaluaron a nivel de ASVs, género y familia. Las diferencias estadísticas entre los niveles de RCS se analizaron mediante modelos de ANOVA. Asimismo, se calcularon las abundancias relativas para comparar la estructura de la comunidad microbiana entre los niveles de RCS.

Se identificaron un total de 529 ASVs. El análisis de alfa-diversidad demostró que el grupo de RCS alto presenta los valores más bajos de riqueza observada y diversidad de Shannon, reflejando una reducción altamente significativa ($p < 0,001$) y consistente tanto a nivel de ASV como de género. A nivel taxonómico, el estado sanitario se asoció con una reestructuración significativa de la comunidad. A nivel de familia, el aumento del RCS provocó una disminución drástica de Peptostreptococcaceae (15,02% en el grupo bajo vs. 5,85% en el alto). En cuanto a la composición por géneros, el grupo de RCS alto estuvo dominado por *Staphylococcus*, cuya abundancia relativa se triplicó (44,39%) respecto al grupo bajo (14,54%). Por el contrario, los géneros *Turicibacter* (14,43% vs. 5,57%) y *Romboutsia* (9,14% vs. 3,6%) se confirmaron como los taxones predominantes en las muestras con bajas RCS.

Los resultados confirman que un RCS elevado induce una pérdida de biodiversidad y un desplazamiento hacia una microbiota dominada por taxones potencialmente patógenos como *Staphylococcus*. La reducción consistente de la diversidad en múltiples escalas taxonómicas y la pérdida de géneros comensales como *Turicibacter* y *Romboutsia* confirman que el RCS indicaría cierto grado de la disbiosis mamaria en la leche de oveja manchega.

Keywords: oveja Manchega, Leche, RCS, Microbioma, Biodiversidad

Agradecimientos: Al INRAE, a la Fundació Fisabio y a AGRAMA. Este estudio ha sido financiado por el Proyecto de Investigación PID2020-118031RR-C21.