

META-ANÁLISIS PRELIMINAR DE LA MICROBIOTA DE LECHE Y RUMEN EN GRUPOS DE OVEJAS DE RAZA ASSAF CON DIFERENTE EFICIENCIA ALIMENTARIA

Esteban-Blanco¹, C., Suárez-Vega¹, A., Gutiérrez-Gil¹, B., Toral², P.G., Fernández-Díez², C., Marina¹, H., Hervás², G., Arranz¹, J.J. y Frutos², P.

¹Dpto. de Producción Animal, Universidad de León, Campus de Vegazana s/n, 24071 León, España.

²IGM (CSIC-Universidad de León), Finca Marzanas s/n, 24346 Grulleros, León, España; cestb@unileon.es

INTRODUCCIÓN

Uno de los objetivos de la agricultura sostenible es mejorar la capacidad de los animales para convertir el alimento en leche o carne, es decir, mejorar la eficiencia alimentaria (Cantalapiedra-Hijar *et al.*, 2018). La mayoría de los estudios al respecto se centran en el microbioma del rumen mediante el análisis parcial del gen 16S rRNA (Wilson *et al.*, 2019). Sin embargo, el reciente lanzamiento de secuenciadores de tercera generación, concretamente de un dispositivo portátil por parte de Oxford Nanopore Technologies (ONTSeq), ha permitido caracterizar la microbiota ruminal de vacas lecheras (Delgado *et al.*, 2019). Por otro lado, la secuenciación de RNA (RNASeq) también ha demostrado ser útil para el estudio de funciones microbianas en diferentes medios y tejidos (Cox *et al.*, 2017). El objetivo de este estudio es comparar los perfiles microbianos taxonómicos y funcionales de dos grupos de ovejas con valores divergentes de eficiencia alimentaria (FEI: *feed efficiency index*) mediante un meta-análisis basado en la combinación de datos de ONTSeq de rumen y datos de RNASeq de células somáticas de la leche.

MATERIAL Y MÉTODOS

Recogida de muestras, extracción de ácidos nucleicos y secuenciación: A partir de 40 ovejas lecheras de raza Assaf, se seleccionaron 6 animales de mayor eficiencia alimentaria (promedio FEI = -0,29) y 6 con menor eficiencia alimentaria (promedio FEI = 0,81). El DNA extraído a partir de 50 ml de líquido ruminal se secuenció con ONTSeq, mientras que el RNA obtenido de muestras de leche (Suárez-Vega *et al.*, 2016) se secuenció con Illumina NovaSeq 6000. Análisis bioinformático: las secuencias del hospedador se eliminaron con minimap2 (Li, 2018) y STAR (Dobin *et al.*, 2013) conservando las que no mapearon frente al genoma ovino (*Oar3.1*), que se analizaron taxonómicamente y funcionalmente con SqueezeMeta (Tamames y Puente-Sanchez, 2018). Finalmente, se exploró la asociación cuantitativa entre FEI y las funciones metabólicas identificadas en este estudio.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El promedio de secuencias obtenidas por muestra fue de 382.422 y 39.726.168 para ONTSeq y RNASeq, respectivamente, de las cuales se utilizaron el 99,7% y 18,01% que no mapearon frente a *Oar3.1*. Los géneros predominantes identificados en las muestras de rumen (*Prevotella*, *Methanobrevibacter* y *Fibrobacter*) y en las muestras de leche (*Escherichia*, *Acinetobacter* y *Staphylococcus*) coinciden con los descritos en otros estudios en el mismo tipo de muestras (Parente *et al.*, 2020; Rabee *et al.*, 2019). Por otro lado, los análisis de asociación utilizando datos funcionales han identificado un total de 258 (ONTSeq) y 204 (RNASeq) funciones asociadas al FEI, de las cuales cuatro son comunes en los dos datasets: *leucyl-tRNA synthetase*, *translation initiation factor 6*, *mitogen-activated protein kinase 7* y *peptidyl-prolyl isomerase D*, relacionadas por varios estudios con eficiencia alimentaria en diferentes especies (Lima *et al.*, 2019; Zou *et al.*, 2018).

CONCLUSIÓN

El meta-análisis realizado sobre la composición taxonómica y funcional de muestras de rumen y leche ha permitido identificar funciones biológicas del metagenoma que podrían estar relacionadas con las diferencias en la eficiencia alimentaria en ovejas de raza Assaf.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Cantalapiedra-Hijar *et al.* 2018. *Animal*, 12(s2): s321-s335. • Cox *et al.*, 2017. *Microbiome*, 5(1): 7. • Delgado *et al.* 2019. *Sci. Rep.*, 9: 11. • Dobin *et al.*, 2013 *Bioinformatics*, 29(1): 15-21. • Li 2018. *Bioinformatics*. 34(18): 3094-3100. • Lima *et al.*, 2019. *Front. Gen.* 10: 701. • Parente *et al.*, 2020. *Intern. Dairy J.* 107: 104714. • Rabee *et al.*, 2019. *Intern. Microbiology*. 23(2):137-14. • Suárez-Vega *et al.* 2016. *Scient. Data*, 3(1): 160051. • Tamames y Puente-Sanchez, 2019. *Front. Microbiol.* 9: 3349. • Wilson *et al.* 2019. *FEMS Microbiol. Lett.*, 366(6). • Zou *et al.* 2018. *Aquac. Res.* 49(6): 2240-2248.

Agradecimientos: Proyecto RTI2018-093535-B-I00 (Ministerio de Ciencia e Innovación/AEI, UE). C. Esteban-Blanco es beneficiaria de una beca FPI (BES-2016-07-8080).