MICROBIOMA DE LAS CÉLULAS MONONUCLEARES DE SANGRE PERIFÉRICA EN CABRAS

Peña-Cearra[1,2], A., Belanche[3], A., Gonzalez-Lopez[1], M., Lavin[1], J.L., Pascual-Itoiz[1], M.A. Jiménez[3], E., Rodriguez[1], H. Aransay[1,4], A.M., Anguita[1,5], J., Yáñez-Ruiz[3], D.R. y Abecia[1,2], L.
[1]CIC bioGUNE, Derio, 48160. [2] Universidad del País Vasco, Leioa, 48940. [3]Estación Experimental del Zaidín, Granada, 18008; [4]CIBERehd. [5]Ikerbasque, Basque Foundation for Science;
leticia.abecia@ehu.eus

INTRODUCCIÓN

La información sobre el microbioma circulante sanguíneo y su relevancia funcional en individuos sanos es limitada tanto en humanos como en animales. Con el objetivo de mejorar este conocimiento, se realizó la evaluación del microbioma circulante a partir de células mononucleares de sangre periférica (PBMC) de cabras sanas que durante los primeros meses de vida fueron suplementadas o no con líquido ruminal de animales adultos para valorar si los cambios en la microbiota intestinal pueden modificar el microbioma circulante.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 16 cabritos machos criados con lactoreemplazante distribuidos en dos tratamientos (n=8). Un grupo fue inoculado diariamente con 5 mL de líquido ruminal de cuatro cabras adultas hasta los 2,5 meses de edad, mientras que el otro no recibió inóculo. Los animales se destetaron a las 7 semanas y permanecieron separados en los grupos hasta los seis meses. En ese momento, se tomaron muestras de sangre de la vena yugular. El aislamiento de los PBMC se realizó por medio de un gradiente de densidad utilizando ficol. La extracción de ADN siguiendo el protocolo del reactivo trizol, se realizó bajo estrictas condiciones de esterilidad para evitar la contaminación de las muestras. En paralelo se llevó una muestra control de todo el proceso. Todas estas muestras fueron amplificadas con cebadores de alta sensibilidad y especificidad. La secuenciación de las regiones V3 y V4 del gen *16S* ARNr se realizó en un equipo MiSeq (Illumina Inc.). Tras el sacrificio, se tomaron muestras tanto del contenido digestivo como del tejido epitelial del colon.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La mayor parte del ADN bacteriano detectado en los PBMC correspondió a Proteobacteria (55%) seguido de Firmicutes (24%), Bacteroidetes (11%) y Actinobacteria (8%). Los géneros predominantes fueron *Pseudomonas, Prevotella, Sphingomonas, Acinetobacter, Corynebacterium* y *Ruminococcus*. Otros géneros como *Butyrivibrivio*, *Bifidobacterium*, *Dorea* y *Coprococcus* se encontraron en menores proporciones. Asimismo, se identificaron varias especies conocidas como patógenos de la sangre u otras involucradas en la homeostasis intestinal como *Faecalibacterium prausnitzii*. Nuestros resultados coinciden con diferentes estudios donde se ha caracterizado el microbioma sanguíneo en donantes sanos, representando Proteobacteria el 80% (Whittle *et al*., 2018). Sin embargo, la composición del microbioma asociado a los PBMC fue diferente del perfil encontrado en el colon, siendo Firmicutes el filo predominante, al igual que del rumen, donde Bacteroidetes fue el más abundante (Palma-Hidalgo *et al.,* 2021). La administración de líquido ruminal en las primeras etapas de la vida modificó la estructura de la comunidad bacteriana presente en el colon y aumentó la expresión del *Tlr5* en el tejido epitelial indicando una mayor translocación bacteriana. Sin embargo, menos del 8% de las OTUs encontradas se detectaron también en el microbioma asociado a los PBMC. Por lo tanto, otros compartimentos digestivos, órganos o tejidos, como la piel, la cavidad oral, nasal, tracto reproductor o la mucosa pulmonar, probablemente puedan contribuir significativamente al microbioma de los PBMC.

CONCLUSIÓN

Los datos sugieren que el microbioma de los PBMC es diverso y no se ve sustancialmente afectado por la composición microbiana del colon. Aunque se requieren otros estudios con un mayor número de animales y que cubran otros tejidos, los resultados apuntan hacia un perfil bacteriano circulante común en los mamíferos, siendo el filo Proteobacteria el más abundante.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Palma-Hidalgo *et al.* 2021. Animal Microbiome 3:11 • Whittle, E., *et al.* 2018. Front Microbiol. 9:3266.

Agradecimientos: Financiado por los proyectos AGL2017-86757 y AGL2017-86938-R.