



Una científica analiza unas muestras.

INFORMACIÓN

# La UMH identifica 9 bacterias claves en la adaptación de los animales al cambio ambiental

► Investigadoras de Ecología participan en un trabajo que podría contribuir a «mejorar el bienestar animal y la sostenibilidad del sector ganadero»

M. ALARCÓN

■ Hay animales que se adaptan mejor a los cambios ambientales y la clave de ello reside en su ADN y el microbioma, así lo dio a conocer ayer la UMH de Elche, que ha participado en un reciente estudio, liderado por un equipo del Instituto de Ciencia y Tecnología Animal de la Universitat Politècnica de València (UPV), que concluye que el sistema inmunológico está influenciado de forma diferente por la composición bacteriana de cada población. En el trabajo han participado también investigadoras de Ecología de la Universidad Miguel Hernández de Elche y de la Universitat de Lleida (UdL). «Sus resultados podrían contribuir a mejorar el bienestar animal y la sostenibilidad del sector ganadero», explican

La investigación es la primera en el campo de la mejora genética animal que ha identificado bacterias del intestino que podrían estar incidiendo en la habilidad de los animales a adaptarse a los cambios ambientales, es decir, que afecte a su resiliencia. Además, estas bacterias, a su vez podrían, estar reguladas por los genes de estos animales. De esta forma, los resultados obtenidos por el equipo de la UPV y la UMH podrían contribuir a mejorar el bienestar animal y la sostenibili-

dad del sector ganadero.

El sistema inmunológico es clave para responder contra amenazas ambientales, como puede ser la infección por patógenos externos, tal y como se explica en el trabajo científico. La identificación que han conseguido de estas especies bacterianas resalta la importancia del sistema inmunológico en la regulación de la resiliencia. Han identificado genes y especies que contribuyen a una mejor salud del individuo, por tanto, a una mayor capacidad de adaptación.

Para llegar a estas conclusiones, el equipo de la UPV, la UMH y la UdL comparó la composición de la microbiota de dos líneas de conejos en un mismo ambiente, con un origen genético común pero seleccionadas divergentemente. Las líneas fueron seleccionadas divergentemente en la UMH durante 13 generaciones, teniendo en cuenta un fenotipo concreto: la varianza ambiental del tamaño de camada. La importancia de este fenotipo radica en su relación con la capacidad del animal para contrarrestar o afrontar los cambios ambientales, sin que se vea perjudicada su producción o recuperando ésta de una forma óptima y rápida. Es decir, se ha observado que los animales con una menor varianza ambien-

tal en su tamaño de camada son animales más resilientes.

Mediante diferentes herramientas bioinformáticas, el equipo de la UPV analizó una representación de animales de ambas poblaciones de conejos. A través de diversas metodologías estadísticas identificaron varios grupos de bacterias y de genes bacterianos que permitan clasificar y predecir qué animal pertenecía a cada población con una fiabilidad superior al 90%. En total, identificó 35 especies de bacterias. Aunque el efecto que causan muchas de ellas es confuso o desconocido, algunas de las identificadas regulan la actividad inmunológica y podrían estar afectando al estado de salud de los conejos y por tanto a su resiliencia.

Entre los grupos de bacterias, explican las investigadoras, se observaron especies beneficiosas para la salud del individuo en los animales más resilientes, como *Limosilactobacillus fermentum* y *Odoribacter splanchnicus* mientras que las especies más perjudiciales las detectamos con mayor abundancia en la línea menos resiliente (*Eggerthella sp.* y *Acetatifactor muris*). El estudio ha permitido, también, identificar genes microbianos de rutas que podrían contribuir a regular el sistema inmunitario.