

DIVERSIDADE DO MICROBIOMA DO CLITÓRIS EM ÉGUAS REPRODUTORAS: IMPLICAÇÕES EM ENDOMETRITES E NA SAÚDE REPRODUTIVA DA ÉGUA

R. Cunha^{1,2}, S. Duarte-Coimbra³, I. Amorim^{1,5,6}, T. Guimarães^{1,2}, J. Lopes⁷,
D. Marques², L. Pérez-Pardal³, A. Rocha^{1,2}, A. Beja-Pereira^{3,4}

¹ ICBAS School of Medicine and Biomedical Sciences, Porto University. ²AL4animals, Associate Laboratory for Animal and Veterinary Sciences. ³Research Center in Biodiversity and Genetic Resources (CIBIO-InBIO), University of Porto. ⁴Department of DGAOT, Faculty of Sciences, University of Porto. ⁵Institute of Molecular Pathology and Immunology of the University of Porto (IPATIMUP). ⁶Institute for Research and Innovation in Health (i3S), Porto. ⁷MED - Mediterranean Institute for Agriculture, Environment and Development & CHANGE - Global Change and Sustainability Institute, Departamento de Medicina Veterinária, Escola de Ciências e Tecnologia, Universidade de Évora.

A causa mais comum de subfertilidade em éguas reprodutoras é a endometrite bacteriana. O clitóris da égua alberga uma diversidade de microrganismos, que atua como barreira protetora contra a invasão de microrganismos patogénicos no trato reprodutivo. Embora seja conhecido que alguns microrganismos residentes nesta região podem tornar-se uma fonte de infeção uterina quando entram no útero, esta possibilidade continua a ser relativamente pouco estudada. O principal objetivo desta investigação foi caracterizar e analisar o microbioma do clitóris através de uma abordagem metagenómica, de forma a aumentar o conhecimento do microbioma reprodutivo equino. Foram colhidas amostras microbiológicas de clitóris (por zaragatoa) de 16 éguas, de várias idades e em diferentes fases do ciclo éstrico. Em cada amostra, foram sequenciados os amplicões 16S rDNA na Novogene (Cambridge, Reino Unido) sendo os dados processados utilizando o *QIIME* (Quantitative insight into microbial ecology), com o pacote de controlo de qualidade DADA2. Os resultados revelaram que Proteobacteria, Bacteroidota, Fusobacteriota, Fimicutes, Campilobacterota e Actinobacteriota são os filos bacterianos dominantes do microbioma do clitóris, sendo similares ao que está relatado para os microbiomas uterino e vaginal equino. Adicionalmente, os resultados sugerem que o microbioma do clitóris difere quer ao nível do filo em éguas novas (<10 anos de idade) e velhas (>10 anos de idade), bem como quantitativamente na prevalência dos diferentes filos bacterianos entre o estro e o diestro. Este estudo, o primeiro a descrever o microbioma do clitóris da égua, destaca o seu potencial como marcador representativo do microbioma uterino. A caracterização do microbioma do clitóris pode ser uma ferramenta útil para estudar a ligação entre esses microrganismos (comensais, venéreos e potencialmente venéreos) e endometrites. No entanto, é necessária investigação adicional para reforçar a validade destes resultados e confirmar as potenciais implicações para a saúde reprodutiva dos equinos.