

## DILUCIDANDO LA COMUNICACIÓN ENTRE MICROBIOTA Y HOSPEDADOR EN EL LECHON LACTANTE

Ferreres-Serafini<sup>1\*</sup>, L., Martín-Orúe<sup>1</sup>, S.M., Moreno-Muñoz<sup>2</sup>, J.A. y Castillejos<sup>1</sup>, L.

<sup>1</sup>Servicio de Nutrición y Bienestar Animal, Departamento de Ciencia Animal y de los Alimentos, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra. Barcelona.

<sup>2</sup>Laboratorios Ordesa S. L., Parc Científic de Barcelona, C/Baldiri Reixac 15-21, 08028 Barcelona.

\*laia.ferreres@uab.cat

### INTRODUCCIÓN

La interacción entre microbiota intestinal y hospedador es de vital importancia en múltiples procesos relacionados con la salud del individuo. La microbiota intestinal es un ecosistema complejo y dinámico que evoluciona tras el nacimiento con un claro impacto en la vida productiva del animal. Mediante diferentes técnicas analíticas, este estudio tuvo como objetivo tratar de entender mejor la relación entre microbiota y hospedador durante las edades tempranas de la vida del lechón. Para ello se estudiaron las correlaciones entre los diferentes grupos taxonómicos, sus productos de fermentación, la expresión génica intestinal y la histomorfología.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Un total de 96 lechones (3-5 días de vida), seleccionados de 16 camadas (3 lechones/camada), se trasladaron a las granjas experimentales de la UAB en cuatro periodos consecutivos. Los animales recibieron un lacto-reemplazante formulado con diferentes aditivos y tras 15 días de estudio se recogieron muestras fecales para el análisis de la microbiota (16S rRNA Illumina-Miseq), de digesta colónica para el análisis de ácidos grasos de cadena corta (AGCC) y ácido láctico, y muestras de yeyuno para histomorfología y el estudio de la expresión génica (Open-Array). Se estudiaron las posibles correlaciones entre los distintos parámetros y las abundancias de los taxones bacterianos (normalizados con DESeq2) mediante el programa MaAslin2 utilizando un modelo lineal. El modelo sólo tuvo en cuenta los taxones presentes en al menos el 10% de las muestras.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se hallaron correlaciones positivas entre concentraciones de diferentes AGCC y algunas de sus especies bacterianas productoras. Cabe destacar las correlaciones positivas entre el ácido acético y *Faecalibacterium prausnitzii*; el ácido butírico y *Parabacteroides merdae*; el ácido valérico y *Megasphaera elsdenii* o entre el ácido láctico y *Ligilactobacillus salivarius*. A nivel de expresión génica, se observaron correlaciones positivas entre genes proinflamatorios (*IDO1*, *TLR4* y *TGFβ*) y bacterias descritas como disbióticas (*Sutarella* y *Tyzzarella*) pero también con otras consideradas benéficas (*Rosburia*). En relación a los parámetros histológicos, destacar la correlación negativa entre el género *Prevotella* y la altura de vellosidades o entre *Bacteroides* y la profundidad de criptas. *Phocaeicola* mostró una correlación negativa con los linfocitos intraepiteliales. Subrayar la correlación positiva de *Akkermansia muciniphila*, con la altura de las vellosidades así como con la expresión de *CCK* y de *PPARGC1α* a nivel yeyunal, gen con un papel relevante en la modulación de la respuesta inflamatoria. Esta bacteria, categorizada como beneficiosa en humanos (Cheng & Xie, 2020), podría también en cerdos ser uno de los microorganismos clave para una microbiota saludable.

### CONCLUSIÓN

Las correlaciones positivas observadas entre diferentes AGCC, ácido láctico y algunas de sus especies productoras, evidencian la robustez de la metodología utilizada. Las correlaciones encontradas entre ciertos grupos taxonómicos, la histomorfología y la expresión de diferentes genes implicados en la respuesta inmunitaria, confirmarían la importancia de los primeros días de vida del lechón para el desarrollo de la respuesta inmune y nos ayuda a entender mejor las complejas interacciones entre microbiota-hospedador.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Cheng, D., & Xie, M. Z. 2020. A review of a potential and promising probiotic candidate-*Akkermansia muciniphila*. <https://doi.org/10.1111/jam.14911>

**Agradecimientos:** L.F.S. disfruta de una beca FI SDUR de la Generalitat de Catalunya (Ref. 2020 FISDU 00023).