

Efecto de la suplementación materna con hidroxitirosol y aceite de linaza sobre la microbiota de la progenie en porcino ibérico

Ana Heras-Molina^{1,2}, Jordi Estellé³, José Luis Pesántez-Pacheco^{2,4}, Consolación García-Contreras^{1,6}, Marta Vázquez-Gómez^{2,5}, Adrián López-García¹, Susana Astiz¹, Beatriz Isabel², Antonio González-Bulnes⁶, Cristina Óvilo¹

¹ INIA-CSIC, Ctra. De La Coruña Km. 7,5. 28040-Madrid, España
andelash@ucm.es (Ana Heras-Molina)

² Facultad de Veterinaria, UCM, Ciudad Universitaria s/n, 28040 Madrid, España

³ Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, GABI, 78350 Jouy -en-Josas, Francia

⁴ Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Cuenca, Avda. Doce de Octubre, 010220 Cuenca, Ecuador

⁵ Sorbonne université, INSERM, NutriOmique, Paris, France

⁶ Departamento de Fisiología y Bioquímica de la Nutrición Animal, Estación Experimental del Zaidín (CSIC), C/ Profesor Albareda, 1, 18008, Granada, España

⁷ Facultad de Veterinaria, Universidad Cardenal Herrera-CEU, C/ Tirant lo Blanc, 7. Alfara del Patriarca, 46115-Valencia, España

Summary

Los ácidos grasos omega-3 y el estatus antioxidante de la cerda tienen un papel fundamental en el desarrollo fetal. El ambiente materno condiciona también el microbioma de las crías. El objetivo del trabajo fue evaluar el efecto de la suplementación materna con aceite de linaza e hidroxitirosol sobre la composición de la microbiota de los lechones. Once cerdas ibéricas gestantes se dividieron en dos grupos: controles (C; n=5) y tratadas (T; n=6). A día 35 de gestación, se restringió la alimentación al 50% en los dos grupos y, mientras que el grupo C continuó con la misma dieta, el grupo T recibió una dieta con un 4% de aceite de linaza y 1.5 mg/kg de hidroxitirosol (ambas isocalóricas). Se obtuvieron heces de los lechones de ambos grupos a los 60 y 180 días de edad y se emplearon para secuenciar el gen 16s rRNA con la tecnología Illumina MiSeq. Los análisis bioinformáticos se realizaron con qiime2 y SILVA. Se usó phyloseq para estudiar diversidades microbianas y metagenomeseq para estudiar la abundancia diferencial a nivel de especie y género. Los resultados de diversidad α y β mostraron asociaciones significativas con la edad ($p < 0.001$), pero no con el tratamiento materno. En cuanto al análisis de abundancia diferencial, a los 60 días, el grupo T mostró sobreabundancia de diferentes especies, entre las que cabe destacar *Prevotella sp. RS2* y *Lactobacillus pontis*, y géneros como *Erysipelotrichaceae UCG-009*, *Candidatus Stoquefichus Akkermansia* y *Tyzzarella 4*, relacionadas con un mejor aprovechamiento de nutrientes y crecimiento. El grupo C mostró sobreabundancia del género *Pasteurella*, con varias especies patógenas en porcino. A los 210 días, los lechones T mostraron mayor abundancia de especies pertenecientes al género *Selenomonas1*, asociado a la digestión de fibras. Los lechones C mostraron mayor abundancia de *Brachyspira innocens* y de especies pertenecientes a los géneros *Cloacibacillus*, así como del género *Cerococcus*, asociados a estados inflamatorios y la degradación de la mucina, entre otros. Por tanto, la suplementación materna afectó a la composición del microbioma fecal de la progenie, con posibles efectos beneficiosos sobre especies relacionadas con el crecimiento y la digestibilidad de los nutrientes.

Keywords: cerda, suplementación materna, antioxidante, microbioma