

EL METABOLOMA MICROBIANO Y SU ROL EN LA DEPOSICIÓN LIPÍDICA

Zubiri-Gaitán, A., Blasco, A. y Hernández, P.

Instituto de Ciencia y Tecnología Animal, Universitat Politècnica de València.; phernan@dca.upv.es

INTRODUCCIÓN

Existe cada vez mayor evidencia que confirma la importancia del microbioma y su actividad en la deposición lipídica (Tang *et al.*, 2020; Kim *et al.*, 2020). Un estudio previo en dos líneas seleccionadas divergentemente por contenido de grasa intramuscular (GIM) en el músculo *Longissimus thoracis et lumborum* (Martínez-Álvaro *et al.*, 2016), determinó que hubo una respuesta correlacionada en el contenido microbiano y su metagenoma (resultados aún no publicados). Al ser el metaboloma el producto final en el flujo de información desde el genotipo hasta el fenotipo, el estudio de los metabolitos microbianos permitiría relacionarlo más directamente con el fenotipo.

El objetivo de este trabajo fue estudiar las rutas metabólicas del microbioma que se vieron afectadas por la selección y evaluar cómo éstas pueden haber contribuido a la diferenciación entre las líneas seleccionadas divergentemente por grasa intramuscular.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 27 animales de la línea de alta (GA) y 25 de la línea de baja GIM (GB) de la 10^{ma} generación de selección de un experimento de selección divergente por grasa intramuscular. Los animales se sacrificaron tras 4 h de ayuno a las 9 semanas de edad, se tomaron muestras del contenido cecal, se homogeneizaron y conservaron a -80°C. Las muestras fueron enviadas en Metabolon, Inc para su análisis y obtención de la base de datos de metabolitos. Se identificaron 711 metabolitos y, en primera instancia, se filtraron aquellos que contuvieran 50% o más de ceros (18 metabolitos). Los ceros restantes se imputaron asignándoles el mínimo valor detectado en el metabolito, en el conjunto de animales. Se aplicó transformación logarítmica y tipificación. Se utilizó “partial least squares-discriminant analysis” (PLS-DA) para identificar las diferencias entre líneas, se seleccionaron las variables con un valor de importancia en la proyección (VIP) mayor que 1 y se reestimó el modelo para conocer su capacidad predictiva. Se identificaron las rutas metabólicas afectadas por la selección y se estudiaron los posibles mecanismos implicados en la mayor deposición lipídica en la línea de alta GIM.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se seleccionaron 250 metabolitos por el VIP. El modelo presentó una capacidad de predicción del 66% (Q^2) después de la validación cruzada. Numerosos metabolitos del metabolismo de las purinas y de las pirimidinas tuvieron mayor concentración en la línea GA. Ambas están involucradas en el crecimiento celular, en proveer energía, y en la biosíntesis de fosfolípidos, entre otros (Fumagalli *et al.*, 2017). La diferencia encontrada en estos metabolismos podría indicar un estado alterado de crecimiento celular y biosíntesis de fosfolípidos en la línea GA. También, se encontró en la línea GA mayor concentración de metabolitos involucrados en el metabolismo de la nicotinamida, intermediarios en la síntesis de NAD, que es clave en el metabolismo energético. El metabolismo de los carbohidratos también se vio afectado. Las diferencias más relevantes se encontraron en el metabolismo de las pentosas, las cuales son metabolizadas en el intestino por acción del microbioma, proveyendo carbonos y energía (Basen *et al.*, 2020). Se encontraron varios metabolitos intermedios de dicho metabolismo con mayor concentración en la línea GA. Por otro lado, metabolitos intermedios del ciclo de Krebs se encontraron en mayor concentración en la línea GB. Estas últimas observaciones sugieren una diferenciación en los mecanismos de utilización de la glucosa entre las líneas. Por último, se encontraron diferencias en el metabolismo de los aminoácidos aromáticos fenilalanina, tirosina y triptófano. La acción del microbioma es muy importante en el metabolismo de dichos aminoácidos, y en el presente estudio se encontró mayor concentración de varios de sus metabolitos intermedios en la línea GA.

CONCLUSIÓN

La selección por grasa intramuscular afectó al microbioma y, por ende, al metaboloma del contenido cecal de los animales. Teniendo en cuenta que las líneas divergentes están bajo las mismas condiciones ambientales, incluyendo la alimentación, se puede afirmar que las diferencias encontradas en el metabolismo del microbioma se deben a la composición genética de las líneas, y que dicho metabolismo afectó directamente al contenido de grasa intramuscular.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Tang, S. *et al.* 2020. Front Microbiol. 11:586776.
- Kim, M. *et al.* 2020. Animals 10:712
- Martínez-Álvaro, M. *et al.* 2016. J. Anim. Sci. 94:4993–5003
- Fumagalli, M. *et al.* 2017. Front Pharmacol. 8:941