

## INTERRELACIÓN ENTRE LA MICROBIOTA INTESTINAL, LA COMPOSICIÓN DE ÁCIDOS GRASOS Y LA GENÉTICA DEL CERDO

Sebastià<sup>1,2,\*</sup>, C., Folch<sup>1,2</sup>, J.M., Ballester<sup>3</sup>, M., Estellé<sup>4</sup>, J., Passols<sup>1</sup>, M., Muñoz<sup>5</sup>, M., García-Casco<sup>6</sup>, J.M., Fernández<sup>5</sup>, A.I., Castelló<sup>1,2</sup>, A., Sánchez<sup>1,2</sup>, A. y Crespo-Piazuelo<sup>3</sup>, D.

<sup>1</sup>Plant and Animal Genomics, CRAG, Consorcio CSIC-IRTA-UAB-UB, Campus UAB, Bellaterra, España.

<sup>2</sup>Departamento de Ciencia Animal y de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, UAB, Bellaterra, España. <sup>3</sup>Departamento de Genética y Mejora Animal, IRTA, Torre Marimon, Caldes de Montbui, España. <sup>4</sup>Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, GABI, Jouy-en-Josas, Francia.

<sup>5</sup>Departamento de Mejora Genética Animal, INIA-CSIC, Madrid, España.

<sup>6</sup>Centro I+D en Cerdo Ibérico INIA-Zafra, Zafra, España

\*cristina.sebastia@cragenomica.es

### INTRODUCCIÓN

La relación entre el microbioma intestinal y su hospedador es muy estrecha. Algunos microorganismos intestinales producen ácidos grasos volátiles (AGV), que son usados en rutas metabólicas del hospedador y afectan a su rendimiento productivo (Chambers *et al.*, 2018). En este estudio analizamos las relaciones entre la microbiota intestinal, los ácidos grasos (AG) y la genética del cerdo.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se recogieron muestras de 285 cerdos de una población comercial Duroc × Ibérico en matadero, y se midió mediante cromatografía de gases la composición de AG en músculo y grasa dorsal, y de AGV en el contenido rectal. Los individuos fueron genotipados con el panel GGPSNP70 de Illumina, quedando 45.548 SNPs tras el filtrado. La microbiota rectal se estudió mediante la secuenciación de la región V3-V4 del gen 16S ARNr, cuantificándose con el programa QIIME2 v2021.11.0 (Bolyen *et al.*, 2019) y realizándose la asignación taxonómica mediante la base de datos SILVA 138 (Quast *et al.*, 2012). La relación entre los fenotipos de AG y la microbiota se analizó con el método rCCA de mixOmics v6.20.0 (Rohart *et al.*, 2017) de R. El estudio de asociación del genoma completo (GWAS) del cerdo con la composición de AG y la microbiota se llevó a cabo con GEMMA v0.98.3 (Zhou y Stephens, 2012), usando el sexo y el lote como efectos fijos.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

*Prevotella* spp. se correlacionó positivamente con la abundancia en contenido rectal de ácido butírico y negativamente con el ácido acético. En cambio, las abundancias relativas de *Akkermansia* spp. y *Cerasicoccus* spp. se correlacionaron de forma negativa con el ácido butírico y positiva con el ácido acético. Además, estos dos últimos géneros se correlacionaron positivamente con los niveles de ácido oleico en grasa dorsal, aunque *Cerasicoccus* spp. también se correlacionó negativamente con el ácido palmítico. El género más abundante, *Rikenellaceae RC9* spp., mostró una correlación positiva con el ácido palmítico y negativa con el ácido oleico en músculo. En los GWAS, se observó un solapamiento entre una región del cromosoma 14 asociada a la abundancia de *Rikenellaceae RC9* spp. y la ratio oleico/esteárico en grasa dorsal, encontrándose en esta región genes como *SCD* o *ABCC2*, de gran relevancia para el metabolismo lipídico y la composición de AG. Por último, las desaturasas de AG (*FADS1*, *FADS2* y *FADS3*) se encontraron dentro de una región del cromosoma 2 asociada a los niveles de *Prevotella* spp.

### CONCLUSIÓN

Los géneros *Akkermansia*, *Cerasicoccus*, *Prevotella* y *Rikenellaceae RC9* están asociados con los niveles de AGV en el contenido rectal y/o de ácidos grasos en grasa dorsal y músculo. A su vez, regiones del genoma del hospedador asociadas clásicamente al metabolismo lipídico, están asociadas también a los niveles de *Prevotella* y *Rikenellaceae RC9*, los cuales parecen intervenir tanto en la calidad de la carne como en la salud intestinal del hospedador.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Bolyen, E. *et al.* 2019. Nat Biotechnol. 37: 852-857. • Chambers, E.S. *et al.* 2018. Curr Nutr Rep. 7: 198-206. • Quast, C. *et al.* 2012. Nucleic Acids Res. 41: D590-D596. • Rohart, F. *et al.* 2017. PLOS Comput Biol. 13: e1005752. • Zhou, X. & Stephens, M. 2012. Nat Genet. 44: 821-824.

**Agradecimientos:** Este trabajo ha sido financiado por los proyectos MINECO AGL2014-56369-C2-2-R y AGL2017-82641-R, y MICINN PID2020-112677RB-C22. C. Sebastià fue financiada con una beca FI-DGR (Generalitat de Catalunya) y M. Passols con una beca FPI (MINECO).