

CAMBIOS EN LA MICROBIOTA INTESTINAL PROVOCADOS POR LA INCLUSIÓN DE DOS TIPOS DE ORUJO DE ACEITUNA EN ALIMENTACIÓN DE CERDOS

Belloumi^{1,2*}, D., García-Rebollar³, P., Francino⁴, P., Calvet², S., Piquer¹, L., Piquer⁵, O. y Cerisuelo¹, A.

¹CITA-IVIA, 12400 Segorbe. ²ICTA-UPV, 46022 Valencia. ³Departamento de Producción Agrarias, ETSIAAB, UPM, 28040 Madrid. ⁴FISABIO – Salud pública, 46020 Valencia.

⁵CEU-Cardenal Herrera, 46115 Valencia

*belloumi_dhea@gva.es

INTRODUCCIÓN

La microbiota intestinal juega un papel fundamental en el metabolismo y la salud del huésped. Diversos factores relacionados con el animal y el ambiente pueden modificar la microbiota siendo el contenido en fibra dietética de los piensos uno de los principales factores ambientales (Sun *et al.*, 2016). Los subproductos del sector olivar (p.ej., los orujos de aceituna) son ingredientes fibrosos abundantes en España, y pueden ser una fuente alternativa de nutrientes en alimentación animal. Además, el orujo es una fuente de compuestos fenólicos que se caracterizan por su actividad antioxidante y antimicrobiana, lo que podría ser de utilidad para modular la composición del microbiota hacia una óptima salud intestinal (López-Salas *et al.*, 2021). El objetivo del presente estudio fue investigar los efectos de la inclusión en dietas de cerdos de dos subproductos de aceituna obtenidos durante el proceso de secado del alperujo (orujo parcialmente desgrasado, PDOC y orujo ciclón, COC) sobre la composición microbiana fecal.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 30 cerdos Pietrain x (Landrace x Large White) con un peso corporal inicial (PC) de 47,9 ± 4,21 kg que se dividieron en tres tratamientos según el pienso que recibieron: pienso control (C), con 200 g/kg de orujo parcialmente desgrasado (20PDOC) o con 200 g/kg de orujo ciclón (20COC). Tras 21 días de su administración se tomaron muestras de heces de cada animal para el estudio del microbioma. El ADN microbiano fecal se extrajo con el kit de aislamiento de ADN Mag NA Pure LC III de Roche (Mag NA Pure), y se amplificó la región hipervariable V3-V4 del gen 16S rRNA. Las secuencias se obtuvieron mediante MiSeq Illumina Platform en un análisis final emparejado de 300 pb y las afiliaciones taxonómicas se asignaron mediante el clasificador Naive Bayesian integrado en los complementos qiime2. Los resultados se analizaron con el programa estadístico R.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Al final del período experimental no se encontraron diferencias significativas entre los tres tratamientos a nivel de phylum, pero el grupo 20COC presentó un porcentaje ligeramente superior de *Firmicutes* y un porcentaje inferior de *Bacteroidetes* en comparación con los grupos C y 20PDOC. Sin embargo, sí se observaron diferencias en las abundancias relativas a nivel de género. La abundancia relativa de *Paraeggerthella* fue mayor ($p < 0,05$) en los animales de los tratamientos 20PDOC y 20COC en comparación con los del tratamiento C. *Paraeggerthella* se ha relacionado con efectos positivos en el metabolismo de los lípidos del huésped y la estimulación de la actividad de desintoxicación hepática (Claus *et al.*, 2011). Por otro lado, *Peptococcus* y *Acidaminococcus* fueron más abundantes ($p < 0,05$) en el tratamiento C respecto a 20PDOC y 20COC. Estos dos géneros microbianos son fermentadores de aminoácidos que frecuentemente se asocian con infecciones a nivel intestinal (Böck, 2009). Estos efectos podrían explicarse tanto por la alta cantidad de fibra en PDOC y COC como por la presencia de biocompuestos (polifenoles) que pueden inhibir ciertas bacterias patógenas.

CONCLUSIÓN

El orujo de aceituna en la dieta de cerdos de cebo modifica la composición de la microbiota reduciendo la abundancia de bacterias perjudiciales y aumentando la de beneficiosas, lo que puede conducir a una mejora potencial en la salud intestinal.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Böck, A. 2009. Academic Press 132-144.
- Claus *et al.* 2011. MBio 2: e00271-10
- López-Salas *et al.* 2021. Foods 10: 1407.
- Sun *et al.* 2016. Front. Microbiol. 7: 779.

Agradecimientos: Este proyecto ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación de España (Proyecto RTI-2018-095246-B-C22) y por GVA-IVIA y cofinanciado por la UE a través del Programa Operativo FEDER de la Comunitat Valenciana 2021-2027 (52201L). Dhekra Belloumi es beneficiaria de la beca de doctorado Santiago Grisolia (GRISOLIA/2020/023).