

EFFECTOS DEL GEN DEL RECEPTOR DE LA LEPTINA SOBRE LA COMPOSICIÓN DE LA MICROBIOTA ORAL E INTESTINAL EN CERDOS

Laghouaouta^{1*}, H., Suárez-Mesa¹, R., Ros-Freixedes¹, R., Estellé², J., Pena¹, R.N. y Estany¹, J.

¹Departament de Ciència Animal, Universitat de Lleida – AGROTECNIO-CERCA Center, Lleida.

²Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, GABI, Jouy-en-Josas, Francia

*houda.laghouaouta@udl.cat

INTRODUCCIÓN

En cerdos se ha relacionado la variante rs709596309 (C>T) del gen del receptor de la leptina (*LEPR*) con el contenido de grasa dorsal e intramuscular (Óvilo *et al.*, 2005). Los animales TT son más grasos que los animales CT y CC (Ros-Freixedes *et al.*, 2016). Además, en un estudio previo se ha detectado un antagonismo entre los efectos directos y maternos del genotipo *LEPR* sobre el crecimiento en cerdos (Solé *et al.*, 2021). Por otra parte, la adiposidad influye en la composición de la microbiota (Yang *et al.*, 2016) y el gen *LEPR* puede ser un buen modelo para investigar el papel genético del huésped. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue investigar el efecto del genotipo directo y materno de la variante rs709596309 de *LEPR* sobre la composición de la microbiota oral e intestinal en cerdos de engorde.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se tomaron muestras de saliva y heces a 94 cerdos castrados Duroc (45 TT y 49 C-) de 200 días de edad criados en condiciones idénticas en cuadras de dos animales del mismo genotipo. Los cerdos TT presentaron 2,9 mm ($p < 0,01$) más de grasa dorsal ajustada por peso que los C-. Una vez extraído el ADN bacteriano, se secuenciaron las regiones hipervariables V3-V4 del gen ARNr 16S mediante lecturas apareadas con Illumina MiSeq. Se realizó un control de calidad y se identificaron las secuencias variantes de amplicón (ASV) según el pipeline DADA2 (Callahan *et al.*, 2016). Se asignó la clasificación taxonómica correspondiente usando la base de datos SILVA. Posteriormente, se analizaron por separado los efectos del genotipo directo y materno del *LEPR* (TT o C-) sobre las diversidades alfa y beta, y se llevó a cabo un análisis de abundancia diferencial mediante ANCOM-BC (Lin *et al.*, 2020), considerando significativos géneros con un p-valor ajustado inferior a 0,01. Todos los análisis se realizaron a nivel de género.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se detectaron 218 y 324 géneros presentes en las muestras de saliva y heces, respectivamente. Se observaron diferencias significativas ($p < 0,001$) entre la composición de la microbiota oral e intestinal. No se detectó ningún efecto del genotipo directo o materno de *LEPR* sobre la composición de la microbiota oral. El genotipo materno *LEPR* tampoco se asoció a cambios en la composición de la microbiota intestinal. En cambio, el genotipo *LEPR* del animal tuvo un efecto significativo ($p < 0,01$) sobre la diversidad beta de la microbiota intestinal. Se identificaron 31 géneros diferencialmente abundantes entre los animales TT y C-. Entre ellos, los animales C- mostraron una mayor abundancia del género *Akkermansia*. Este género ha sido previamente relacionado con la eficiencia alimentaria y su abundancia está negativamente relacionada con la obesidad (Yang *et al.*, 2018). Se mantiene el efecto del genotipo del *LEPR* sobre la microbiota intestinal al corregir su composición por el peso de los animales y el contenido de la grasa. Por lo tanto, el efecto del *LEPR* sobre la composición de la microbiota intestinal no parece deberse solo a sus efectos sobre el consumo y el contenido de la grasa.

CONCLUSIÓN

El genotipo *LEPR* afecta a la composición de la microbiota intestinal en cerdos sin afectar la microbiota oral. En este trabajo no observamos un efecto del genotipo materno de *LEPR* sobre la composición de la microbiota en cerdos.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Callahan *et al.* 2016. Nat Methods 13: 581-583. • Lin *et al.* 2020. Nat. Commun. 11: 3514. • Óvilo *et al.* 2005. Genet. Res. 85: 57-67. • Ros-Freixedes, *et al.* 2016. PLoS ONE. 11: e0152496. • Solé *et al.* 2021. PLoS ONE. 16: e0246198. • Yang *et al.* 2016. Sci. Rep. 6: 27427. • Yang *et al.* 2018. Front. Microbiol. 10: 3045.

Agradecimientos: Proyecto financiado por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades y Fondos FEDER (PID2021-125689OB-I00). H. Laghouaouta es beneficiaria de una beca predoctoral de la Generalitat de Catalunya.