

INFLUENCIA DEL GEN DEL RECEPTOR DE LEPTINA EN LA MICROBIOTA INTESTINAL Y SU RELACIÓN CON LA ADIPOSIDAD EN CERDOS DUROC

Suárez-Mesa, R., Laghouaouta, H., Seradj, A.R., Ros-Freixedes, R., Pena, R.N. y Estany*, J.

Departament de Ciència Animal, Universitat de Lleida-Universitat de Lleida

– Agrotecnio CERCA Center, 25198 Lleida

*joan.estany@udl.cat

INTRODUCCIÓN

El presente estudio investiga la influencia de la genética del huésped sobre su microbiota, utilizando como modelo la mutación rs709596309 (C>T) del gen del receptor de leptina (*LEPR*), cuyo efecto sobre la adiposidad en cerdos está bien documentado (Óvilo *et al.*, 2005; Ros-Freixedes *et al.*, 2016). En un experimento reciente de nuestro grupo se observó que los cerdos TT comen más y son más grasos que los cerdos C– (CT y CC), entre otras diferencias (Suárez-Mesa *et al.*, 2023; Suárez-Mesa *et al.*, 2024). Por otra parte, existen evidencias en porcino de que la microbiota influye en la obesidad (Yang *et al.*, 2016). En este trabajo se comparó la microbiota de cerdos TT y C–, con el fin de evaluar el efecto directo de *LEPR* en la microbiota de la saliva y de las heces e identificar los géneros que más se asocian con la adiposidad.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se emplearon 94 cerdos Duroc castrados (468 TT vs. 48 C–), que fueron criados en idénticas condiciones experimentales (Suárez-Mesa *et al.*, 2024). A los 198 días (4 días antes del sacrificio), se extrajo de cada cerdo una muestra de saliva y heces, que se utilizaron para determinar la composición de su microbiota por secuenciación de la región V3-V4 del gen ARNr 16S (*Illumina MiSeq*). Se identificaron las variantes de secuencias de amplicón mediante el paquete bioinformático DADA2 (Callahan *et al.*, 2016) y se estimó la composición microbiana de saliva y heces hasta nivel de género. Se determinó la composición química de las heces (AOAC, 2000), así como su contenido en ácidos grasos volátiles por cromatografía de gases. El efecto del genotipo *LEPR* sobre la composición microbiana, química y de los ácidos grasos volátiles de las heces se contrastó mediante un test t sobre las correspondientes transformadas logit y ajustando los p-valores por Bonferroni (JMP Pro-17, SAS).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El genotipo TT del *LEPR* cambió la microbiota fecal, pero no la oral, que condujo a que las heces fueran más ricas en ácido butírico y menos en isovalérico. Se identificaron catorce géneros microbianos influenciados por *LEPR*, de los cuales seis estuvieron presentes en todos los cerdos. De ellos, dos fueron más abundantes en los cerdos TT (*Subdoligranulum* y *Coprococcus*) y cuatro en los C– (tres de la familia *Oscillospiraceae*: *UCG-005*, *NK4A214* y *UCG-002*, y *Treponema*). El género que más aumentó con TT fue *Subdoligranulum* (1,60%) y el que más disminuyó fue *Oscillospiraceae UCG-005* (3,2%). Los géneros más abundantes en los cerdos TT se correlacionaron positivamente con el ácido butírico y negativamente con el ácido isovalérico y viceversa, reflejando a su vez la asociación esperada con el peso corporal y la grasa subcutánea. Tras ajustar por la ingesta de alimento, el genotipo TT tan solo afectó a *Oscillospiraceae UCG-005* y a cuatro bacterias ocasionales, que se presentaron en el 56,4% - 77,7% de los cerdos (*Frisingicoccus*, *Lachnospiraceae UCG-009*, *Lachnospiraceae XPB1014* y *Megasphaera*). De ellas, únicamente *Megasphaera* mostró mayor abundancia en cerdos TT.

CONCLUSIÓN

Un mal funcionamiento de *LEPR* favorece el crecimiento en el intestino de los géneros que degradan el almidón, en detrimento de los que degradan las proteínas. En buena medida, este cambio se debe al efecto de *LEPR* sobre la ingesta, cuyo nivel resulta ser clave en la composición de la microbiota intestinal. El género *Oscillospiraceae UCG-005* se presenta como el mejor candidato para investigar la relación entre microbiota y obesidad.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AOAC. 2000. Official methods of Analysis. 17th ed. • Callahan *et al.* 2016. Nat Methods 13: 581-583.
- Óvilo *et al.* 2005. Genet. Res. 85: 57-67. • Ros-Freixedes *et al.* 2016. PLoS ONE. 11: e0152496. • Suárez-Mesa *et al.* 2003. J. Anim. Sci. 101: 1-7. • Suárez-Mesa *et al.* 2024. Sci. Rep. 14: 10652. • Yang *et al.* 2016. Sci. Rep. 6: 27427.

Agradecimientos: Proyecto financiado por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades y Fondos FEDER (PID2021-125689OB-I00).