

MAZADA Y LACTOSUERO MODULAN LA MICROBIOTA INTESTINAL EN UN MODELO DE DISBIOSIS INDUCIDO POR CLINDAMICINA

L. Grasa ^{1,2,3}, A. Bellés ^{1,2}, I. Abad ^{2,4}, L. Sánchez ^{2,4}

¹ Departamento de Farmacología, Fisiología y Medicina Legal y Forense. Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza, Zaragoza, España.

² Instituto Agroalimentario de Aragón IA2 (UNIZAR-CITA), Zaragoza, España.

³ Instituto de Investigación Sanitaria de Aragón (IIS Aragón), Zaragoza, España.

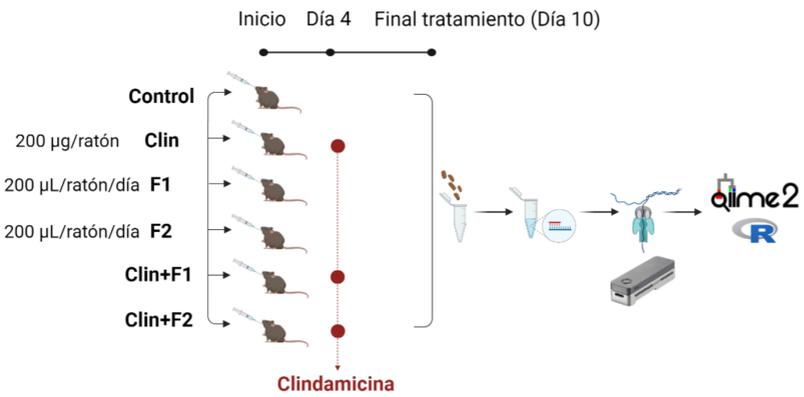
⁴ Departamento de Producción Animal y Ciencia y Tecnología de los Alimentos. Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza, Zaragoza, España.

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS



La dieta es uno de los principales factores que modifican la composición de la microbiota intestinal, por lo que también podría ayudar a prevenir la disbiosis inducida por antibióticos. La mazada y el lactosuero son dos subproductos lácteos que contienen diversos compuestos bioactivos con potencial antimicrobiano, antiinflamatorio e inmunomodulador [1]. Por todo ello, el objetivo de este estudio es investigar la capacidad del lactosuero y la mazada para revertir los efectos de la clindamicina sobre la microbiota intestinal en un modelo murino.

MATERIAL Y MÉTODOS



Se utilizaron 60 ratones C57BL/6 distribuidos en 6 grupos (n=10): Control; Clindamicina (Clin); F1, fórmula con lactosuero, fragmentos de la Membrana del Glóbulo Graso de la Leche (MFGM) y lactoferrina; F2, fórmula con mazada, MFGM y lactoferrina; Clin+F1 y Clin+F2. Se secuenció el gen completo del 16S rRNA a partir del DNA bacteriano obtenido de las muestras fecales de los ratones tratados, utilizando el dispositivo MinION (Oxford Nanopore Technologies). El análisis bioinformático se realizó con la plataforma QIIME2 y el software R.

RESULTADOS

Diversidad Alfa

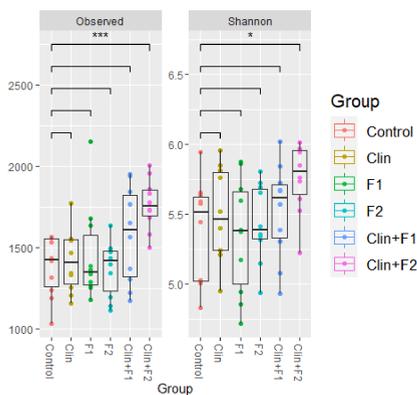


Figura 1. Índices de diversidad alfa en los distintos tratamientos. En el grupo Clin+F2 se observó un aumento de los índices de Shannon y OTUs observadas respecto al Control.

Diversidad Beta

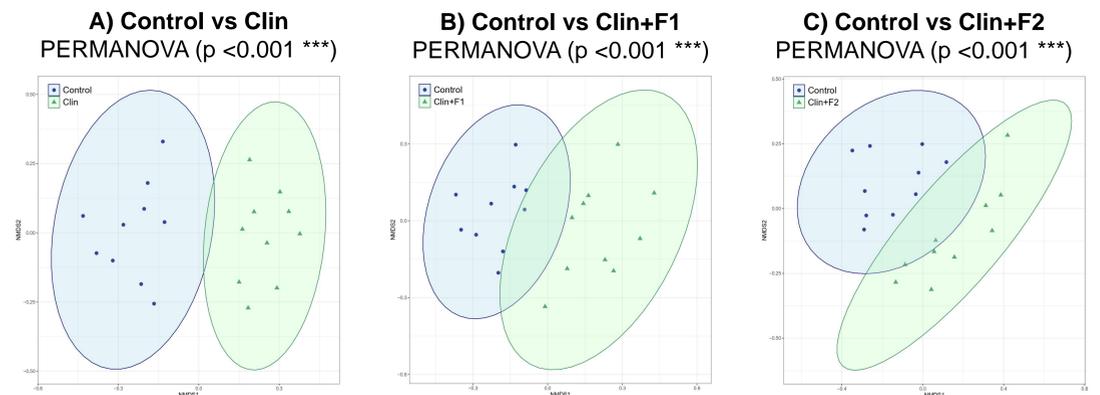


Figura 2. NMDS mostrando las distancias de Bray-Curtis entre las distintas poblaciones microbianas de los grupos: Control vs Clin (A), Control vs Clin+F1 (B), Control vs Clin+F2 (C). Estos análisis mostraron que la comunidad microbiana del grupo Control era estadísticamente diferente de las comunidades de los grupos Clin, Clin+F1 y Clin+F2.

Composición bacteriana

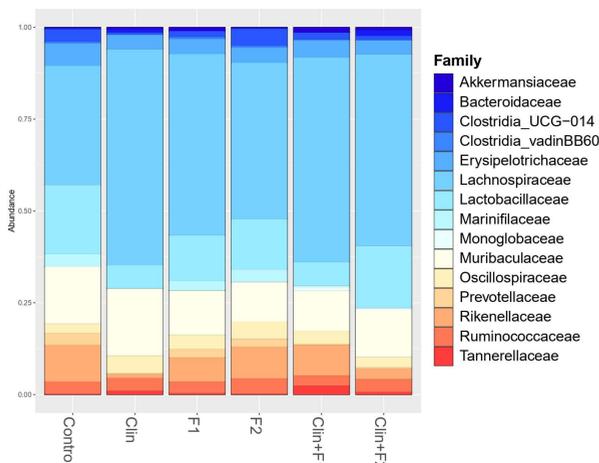


Figura 3. Perfil de la microbiota a nivel de familia en los distintos grupos de ratones.

Abundancia bacteriana

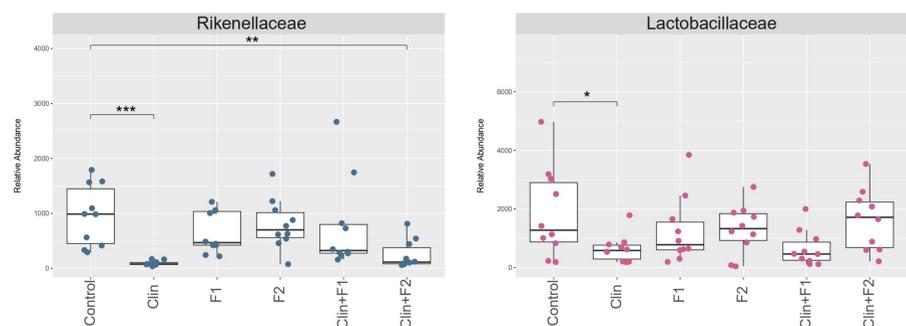


Figura 4. Abundancia relativa de las familias Rikenellaceae y Lactobacillaceae en los distintos grupos. El tratamiento con clindamicina disminuyó la abundancia relativa de las familias Rikenellaceae y Lactobacillaceae. Las fórmulas F1 o F2 revertieron las alteraciones causadas por el antibiótico, aumentando los niveles de estas bacterias, que presentan propiedades antiinflamatorias e inmunomoduladoras y un efecto protector sobre la pared intestinal.

CONCLUSIONES

La incorporación de lactosuero y mazada, ambos subproductos de la industria láctea, en alimentos funcionales, puede ayudar a restaurar los niveles de ciertas bacterias beneficiosas para la salud intestinal, que se encuentran alteradas en una situación de disbiosis inducida por antibióticos.

Referencias:

[1] I. Barukčić, K. et al. *Food technology and biotechnology*, 2019, **57**, 448-460.

Financiado por el Gobierno de Aragón (A20_20R) y por el MINECO (AGL2017-82987-R)