



19

## APLICACIÓN DE LA METAGENÓMICA AL ESTUDIO DE LA PARATUBERCULOSIS

**Rakel Arrazuria, Ramón A. Juste y Natalia Elguezabal**

Departamento de Sanidad Animal, Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario (NEIKER-Tecnalia), Derio, Vizcaya, País Vasco

La metagenómica se define como el estudio del conjunto de genomas de un entorno determinado. Gracias al desarrollo de la secuenciación masiva, y a su abaratamiento, se ha podido aplicar esta tecnología al estudio del papel de la microbiota en el desarrollo de ciertas enfermedades. La dieta puede producir cambios en la microbiota que son capaces de modular el curso de la infección, confiriendo cierto grado de protección o facilitando el avance de la infección. En el presente estudio hemos utilizado la metagenómica para el estudio de la microbiota digestiva en conejos infectados experimentalmente con *Mycobacterium avium* subespecies paratuberculosis (MAP) y alimentados con diferentes dietas durante el desafío. Para ello se realizaron dos experimentos, en el primero todos los animales infectados y no infectados con MAP ( $n=5/\text{grupo}$ ) tomaron una dieta regular. En el segundo experimento se realizó un cambio de la dieta regular por una dieta alta en fibra en el momento del desafío tanto en el grupo de infectados como el de no infectados ( $n=5/\text{grupo}$ ). En la necropsia se tomaron muestras de contenido cecal y sáculo. Tras la extracción del ADN se realizó la secuenciación del 16s DNAr empleando la plataforma de secuenciación masiva Miseq (Illumina). El análisis de datos se llevó a cabo siguiendo el protocolo del software libre QIIME. Se observaron diferencias cualitativas en la composición microbiana en el ciego de animales infectados y no infectados ( $p=0,01$ ). En el sáculo se observaron diferencias cualitativas ( $p=0,032$ ) y cuantitativas ( $p=0,048$ ) entre animales infectados y no infectados. Entre los grupos taxonómicos asociados con la infección se detectaron algunos que independientemente del tejido o dieta mostraban la misma asociación con la infección por MAP. Sin embargo, otros grupos taxonómicos mostraron asociación tanto positiva como negativa con la infección por MAP dependiendo del tejido y/o la dieta. Este estudio abre la puerta a la utilización de grupos taxonómicos como marcadores de infección y al estudio metabólico que los cambios observados podrían implicar.