



Caracterización preliminar del microbioma de la leche de tanque en explotaciones lecheras expuestas a diferentes grados de contaminación ambiental

Sergio Forcada Mazo, Loubna Abou el qassim, Mario Menéndez, Ana del Cerro, Ana Soldado, Luis J Royo, José Manuel Costa-Fernández.

Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario (SERIDA), Dpto. Nutrición, Pastos y Forrajes, Grupo de investigación NySA-SERIDA, Ctra. AS - 267, PK 19, 33300, Villaviciosa, sforcada@serida.org

Hace unos doscientos millones de años aparecieron en la tierra los mamíferos, animales que presentan dos características evolutivas nuevas: la presencia de pelo y de glándulas mamarias, cuya secreción (la leche) cumple el papel de alimentar a las crías. Desde la Antigüedad, el ser humano ha desviado la función de la lactancia de las hembras de algunos mamíferos para su propio beneficio, convirtiendo la leche en uno de los principales alimentos.

Varios estudios han revelado que el calostro y la leche materna son fuentes continuas de bacterias comensales, mutualistas y potencialmente probióticas para el lactante. Habitualmente la identificación de microorganismos se ha realizado mediante cultivo, sin embargo, el desarrollo de técnicas de secuenciación de ADN de alto rendimiento permite estudiar la comunidad de microorganismos de la leche, la llamada microbiota, y su impacto en la salud animal y humana.

La hipótesis del trabajo es que el microbioma de la leche de tanque se ve afectado por la presencia de contaminantes en el entorno donde se localizan las granjas lecheras. Para ello se muestreó leche del tanque de 28 granjas y el forraje del que se alimentaban las vacas en producción los días anteriores al muestreo. En los forrajes se han medido los contaminantes orgánicos (HAP) e inorgánicos (metales pesados). En la leche se extrajo el ADN bacteriano, y se identificó el metagenoma a partir de la amplificación y secuenciación de un fragmento de la región ribosómica 16S.

Las granjas se clasificaron en base a un análisis de componentes principales de estos forrajes, resultando ser los HAPs los compuestos más influyentes en la variabilidad total. 14 granjas fueron consideradas con carga contaminante elevada y otras 14 con menor concentración de HAPs. El microbioma de estas granjas fue comparado, seleccionando en cada grupo aquellos microorganismos presentes en más del 50 % de las muestras. Atendiendo a este criterio, 125 microorganismos estaban presentes en ambos grupos, 20 únicamente en leche de ganaderías con menor carga contaminante y 59 en leche con mayor contaminación ambiental. De estos últimos, 4 microorganismos (*Bosea* sp., *Facklemia humanensis*, *Pseudomonas stutzeri*, *Trueperella pyogenes*) presentes en leche de explotaciones con mayor contaminación se encuentran en menos del 20 % de la leche en explotaciones menos contaminadas.

*Trabajo financiado por el PID2020- 117282RB-I00 y el Principado de Asturias IDI/2021/000102 y fondos FEDER. Sergio Forcada está financiado por una ayuda BES-2017-081314 y Loubna Abou el qassim por una ayuda Severo Ochoa (BP17-49).

..

LIBRO DE RESÚMENES

XXIII REUNIÓN DE LA SOCIEDAD ESPAÑOLA DE QUÍMICA
ANALÍTICA

JORNADA DE ESPECIACIÓN

VII JORNADA DOCENTE EN QUÍMICA ANALÍTICA



Universidad de Oviedo



Oviedo, 12-15 de Julio de 2022