

Estudio longitudinal del impacto del estrés prolongado en el rendimiento productivo, el comportamiento y la microbiota fecal porcina

A. Clavell-Sansalvador^{1*}, R. Río-López², O. González¹, L. J. García-Gil³, X. Xifró⁴, G. Zigorvski de Paula⁵, J. Ochoteco-Asensio², M. Ballester¹, A. Dalmau², Y. Ramayo-Caldas^{1*}

¹ Programa de Mejora Genética, IRTA, Torre Marimon, 08140, Caldes de Montbui, Barcelona, España.

² Programa de Bienestar Animal, IRTA, Monells, 17121, Girona, España.

³ Grupo de Enfermedades Digestivas y Microbiota. IDIBGI, Girona, España.

⁴ Grupo de Nuevas Dianas Terapéuticas, Departamento de Ciencias Médicas, Facultad de Medicina, UdG, Girona, España.

⁵ Programa de Posgrado en Ciencia Animal. PUCPR, Prado Velho, 82590-300, Curitiba, Paraná, Brasil.

* Corresponding autor: adria.clavell@irta.cat; yulixaxis.ramayo@irta.cat

Resumen

El estrés tiene efectos negativos en la fisiología y el bienestar de animales estabulados, afectando a su salud y al rendimiento productivo. Hasta la fecha, no existe un único biomarcador fisiológico de bienestar o de estrés. Además, hay pocos estudios sobre el efecto del estrés en la resiliencia de la microbiota fecal porcina. Este estudio longitudinal pretende evaluar en un modelo porcino el impacto del estrés prolongado durante el periodo de engorde en el rendimiento productivo, el comportamiento alimentario y la composición de la microbiota fecal.

El estudio se realizó con 60 cerdos Duroc durante el periodo de engorde, distribuidos en corrales en función de su peso y equitativamente según su sexo. Los cerdos del grupo control (GC) fueron alojados en corrales de 1.5m² por animal y no se sometieron a mezclas. Los cerdos del grupo de estrés (GE) fueron sometidos a dos mezclas sociales y a una reducción del 50% del espacio (1m²). Durante este periodo, se registraron el peso, el consumo y parámetros relacionados con el comportamiento alimentario. Se tomaron muestras de heces en tres momentos del engorde (cada dos meses) para la secuenciación del gen 16S rRNA. La identificación de biomarcadores microbianos se realizó con la librería de R: *Network Module Structure Shift* (NetMoss2).

Los animales del GE mostraron una disminución del 7.09% en el peso y una menor eficiencia alimentaria. En comparación con el GC, estos animales exhibieron una menor frecuencia de visitas al comedero y mayor duración por comida. En relación a la microbiota, aunque no se observaron diferencias significativas en la diversidad- α entre grupos ($p > 0.05$), sí se encontraron en la diversidad- β ($p < 0.05$), sugiriendo que los cerdos del GC mantienen un ecosistema más uniforme, posiblemente debido a una mayor transferencia de microorganismos entre animales (debido a las mezclas), de conjunto con la variabilidad individual de respuesta al estrés dentro del GE. Observamos patrones de resiliencia en el ecosistema microbiano, con mayores diferencias entre grupos cuando la toma de muestras y el contraste se realizaron cercano a la exposición a las mezclas como factor de estrés. El análisis diferencial reveló diferencias entre grupos en 18 géneros bacterianos, destacándose una mayor abundancia de géneros oportunistas en los cerdos del GE.

El estrés prolongado impacta negativamente el rendimiento productivo, el comportamiento alimentario y la composición de la microbiota fecal porcina. Este estudio longitudinal ha permitido evaluar la resiliencia del ecosistema microbiano y la identificación de géneros bacterianos con un potencial uso como biomarcadores no invasivos de estrés durante el periodo de engorde, lo cual podría beneficiar a la industria porcina al mejorar las prácticas de manejo y bienestar animal.

Keywords: modelo porcino; estrés prolongado; microbiota; biomarcadores; resiliencia