

Validación independiente de Enterosignaturas fecales porcinas revela patrones reproducibles de ensamblaje asociados al estrés social en condiciones comerciales

Clavell-Sansalvador A¹, Vourlaki IT¹, Río-López R², Ruiz A³, Huerta I⁴, Romagosa A⁴, Chen⁵, Holl JW⁵, Dalmau A², Ramayo-Caldas Y^{1*}

¹IRTA, Caldes de Montbui, Carretera C-59 Km 12.1, 08140, Caldes de Montbui

²IRTA, Centre d'Avaluació del Porcí Finca Camps i Armet – Veïnat de Sies, s/n, 17121, Monells.

³Grupo AltoPaso, Av. de Oza, 240, 7a, A Coruña.

⁴PIC Genus Plc, Carrer Pau Vila, 22, 2^o6^a, 08174, Sant Cugat del Vallès

⁵PIC Genus Plc, 100 Bluegrass Commons Blvd #2200, 37075, Hendersonville, TN.

[*yulixaxis.ramayo@irta.cat](mailto:yulixaxis.ramayo@irta.cat)

Resumen

La microbiota intestinal porcina es un ecosistema complejo y dinámico, cuya estructura e interacción con el huésped desempeñan un papel fundamental en la salud, el metabolismo y el rendimiento productivo de los cerdos. Recientemente se ha propuesto el concepto de «Enterosignaturas» (ES), definidas como grupos de bacterias que coexisten de forma consistente. El objetivo de este estudio es validar de forma independiente la existencia de ES en diferentes razas durante el periodo de engorde en condiciones de producción comercial. Además, se investigó la composición de las ES en cerdos sometidos a estrés social prolongado y sus asociaciones con el crecimiento del huésped. Para lograr este objetivo, en colaboración con Pig Improvement Company y el Grupo AltoPaso (Galicia), llevamos a cabo un estudio longitudinal con 114 cerdos sanos (54 hembras de raza Large White; 60 machos, Large White y F1 Landrace × Large White) alojados en condiciones de control o de estrés social (alta densidad de población) a lo largo del periodo de engorde. Se tomaron medidas de peso corporal (BW) y se recogieron muestras fecales en tres puntos temporales. A partir del análisis del gen 16S rRNA de la microbiota fecal, se determinó la composición de las ES mediante factorización no negativa de matrices.

A pesar de las diferencias genéticas de raza y de los sistemas de producción, nuestros resultados confirman que la microbiota fecal porcina durante el engorde puede describirse mediante combinaciones de cuatro ES reproducibles. En consonancia con estudios previos, la composición de las ES estuvo dominada por los géneros *Prevotella*, *Lactobacillus*, *Clostridium* y *Streptococcus*, lo que destaca su papel ecológico central en la estructura de la comunidad y la estabilidad funcional. Replicamos hallazgos previos que mostraban que el estrés social prolongado influye en la composición de las ES, con un aumento de la abundancia de ES-*Streptococcus* y una disminución de la de ES-*Lactobacillus*. Se observaron diferencias en BW y la ganancia media diaria (ADG) principalmente en las hembras, con las hembras del grupo de control mostrando un BW 7,4 % mayor y una ADG de un 10,5 % mayor que las hembras estresadas. También se confirmaron las asociaciones negativas entre el crecimiento del huésped y la abundancia de ES-*Streptococcus* y ES-*Prevotella*. Por el contrario, no se observaron diferencias significativas en los machos, lo que probablemente se explica por la mayor variabilidad en el peso corporal (desviación estándar: 12,47 kg en machos vs. 8,63 kg en hembras), asociada a la heterogeneidad genética (Landrace pura y cruces F1 Landrace × Large White).

En resumen, este estudio aporta nuevos conocimientos sobre la composición de la microbiota intestinal porcina en condiciones comerciales, validando de forma independiente las Enterosignaturas y destacando su reproducibilidad para monitorizar la dinámica de la microbiota y sus vínculos con el crecimiento del huésped. Además, los resultados sugieren que tanto el

rendimiento de los cerdos como la eubiosis de la microbiota intestinal podrían beneficiarse de densidades de alojamiento inferiores a las actualmente recomendadas.

Keywords: Enterosignatura, Microbiota Intestinal, Cerdo, Estrés Social, Rendimiento Productivo

Agradecimientos: A todas las personas colaboradoras que han hecho posible el desarrollo de este estudio.