

Decodificando consorcios microbianos: transmisión materno-filial, ensamblaje e impacto en la salud porcina

Sandra Rodríguez-Granjel^{1*}, Francesc Molist², Raquel Quintanilla¹, Yulixaxis Ramayo-Caldas¹, Ioanna-Theoni Vourlaki¹

¹ Institut de Recerca i Tecnologies Agroalimentàries (IRTA), Torre Marimón, 08140, Caldes de Montbui, Barcelona

² Schothorst Feed Research, Meerkoetenweg 26, 8218, Lelystad, Países Bajos

* sandra.rodriguez@irta.cat

Resumen

El establecimiento temprano del microbioma intestinal constituye un proceso fundamental en el desarrollo del hospedador, con implicaciones directas sobre la salud, el rendimiento productivo y la eficiencia metabólica. A pesar de su relevancia, la contribución relativa de la transmisión materna, la dieta y la dinámica temporal en la estructuración del microbioma sigue estando insuficientemente explorada en sistemas de producción porcina.

En este estudio, la microbiota se caracterizó mediante un enfoque basado en la coabundancia de consorcios microbianos específicos de cada ecosistema, definiendo *vaginosignatures* (microbiota vaginal) y *enterosignatures* (microbiota fecal) en cerdas (n = 34) y lechones (n = 252). Se evaluaron tres tratamientos dietéticos (control, 5% y 10% de inclusión de fibra), junto con múltiples tiempos de muestreo (preparto, parto y posparto en cerdas; días 0, 3, 7 y 26 en lechones). Los animales se alojaron en 6 pjaras (2 por tratamiento), con 3-4 madres y entre 30 y 40 lechones por grupo.

Se identificaron once *enterosignatures* (ES) y cuatro *vaginosignatures* (VS), reflejando una clara estructuración microbiana entre ecosistemas. La fibra en la dieta materna ejerció un efecto modulador más marcado sobre la microbiota fecal de los lechones que sobre la de las cerdas, lo que sugiere una influencia indirecta pero relevante de la nutrición materna en la colonización microbiana de la descendencia.

En los lechones, se observaron cambios temporales significativos en la abundancia de las *enterosignatures*, indicando patrones diferenciados de colonización temprana, intermedia y tardía. Entre ellas, ES_Clos se asoció con la colonización temprana, mientras que ES_Trep emergió principalmente en etapas más avanzadas.

El análisis de predicción del uso de antibióticos en el día 26 en lechones (n = 134) mediante BayesC mostró un aumento progresivo en la capacidad predictiva a lo largo de los distintos tiempos de muestreo. Los predictores (*enterosignatures*) correspondientes al día 0 presentaron una baja capacidad de discriminación (AUC = 0,56; precisión = 0,63), mientras que el rendimiento predictivo mejoró en el día 3 (AUC = 0,72; precisión = 0,71) y alcanzó su valor máximo en el día 7 (AUC = 0,87; precisión = 0,83), lo que indica que las señales biológicas informativas asociadas al estado de infección se volvieron progresivamente más detectables con el tiempo.

En conjunto, estos resultados aportan nuevos conocimientos sobre la colonización y ensamblaje tempranos del microbioma en porcino y respaldan el potencial de las estrategias nutricionales maternas para modular la microbiota de la descendencia y mejorar el rendimiento productivo.

Keywords: microbioma intestinal, cerda, lechón, producción porcina, enterosignatures, vaginosignatures, fibra, transmisión vertical, colonización temprana.

Agradecimientos: Quisiera agradecer al IRTA y a Schothorst Feed Research por financiar el trabajo expuesto, en el marco de un contrato de investigación de colaboración entre ambas entidades, que además ha hecho posible mi participación en este congreso.