

EL MICROBIOMA COMO PREDICTOR DE EFICIENCIA EN CERDOS IBÉRICOS

Nuñez^{1*}, P., Casto-Rebollo¹, C., Martínez-Boggio², G., Casellas³, J.,
Varona⁴, L., Pena⁵, R.N., Peñagaricano², F. e Ibáñez-Escriche¹, N.

¹Universitat Politècnica de Valencia 46022, España; ²Universidad de Wisconsin-Madison 53706, Estados Unidos; ³Universitat Autònoma de Barcelona 08193, España; ⁴Universidad de Zaragoza 50013, España. Universitat de Lleida 25198, Lleida, España

*pnuez@posgrado.upv.es

INTRODUCCIÓN

La composición microbiana intestinal tiene una función importante en la salud de los cerdos y ha sido utilizada como predictor de caracteres productivos en “cerdo blanco”. Estudios recientes han explorado la composición microbiana en diferentes líneas de cerdos Ibéricos (Lopez-García *et al.*, 2021; Heras-Molina *et al.*, 2024; Azougagh *et al.*, 2025). Sin embargo, no hay evidencias previas sobre la relación entre el microbioma intestinal y caracteres de crecimiento, eficiencia y comportamiento alimentario. El objetivo general de este trabajo fue estimar la proporción de la varianza fenotípica explicada por el microbioma, y estimar la capacidad de la composición microbiana como predictor de eficiencia y comportamiento alimentario en cerdos Ibéricos en condiciones intensivas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se emplearon 151 cerdos Ibéricos de un núcleo de selección (IngaFood S.A, Extremadura, España). Se registraron caracteres productivos y de comportamiento alimentario hasta 180 días de edad. A los 140 y 180 días de vida, se recolectaron muestras de heces para determinar la composición microbiana mediante secuenciación del gen 16S rRNA. Los componentes de varianza se estimaron mediante modelos mixtos univariantes que incluyeron solo efecto genético aditivo (G), solo efecto microbioma (M) y ambos efectos (GM), permitiendo calcular la heredabilidad (h^2) y la microbiabilidad (m^2), definida como la proporción de la varianza fenotípica explicada por el microbioma. Además, se realizaron validaciones cruzadas con los tres modelos para estimar la capacidad predictiva del microbioma a 140 días de los fenotipos a 180 días de edad.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el análisis descriptivo del microbiota, se observaron abundancias relativas similares entre los dos puntos estudiados. El género más abundante a 140 días fue *Lactobacillus*, mientras que *Streptococcus* predominó a los 180 días. En general, las estimas de h^2 (0,21 a 0,42) fueron mayores a las estimas de m^2 (0,16 a 0,34) para todos los caracteres evaluados. La inclusión del microbioma mejoró los valores de ajuste del modelo (DIC) en los caracteres productivos, pero no tuvo relevancia en el caso de los caracteres de comportamiento alimentario. La comparación entre las predicciones del modelo G con el GM reveló que la inclusión de la composición microbiana mejoró la capacidad predictiva para los caracteres índice de conversión, consumo residual, y peso vivo a los 180 días. No se observaron diferencias relevantes en capacidad predictiva entre la composición microbiana a 140 o 180 días.

CONCLUSIÓN

La composición microbiana explica una proporción moderada de la varianza fenotípica de caracteres productivos, por lo que podría utilizarse como herramienta temprana de selección. Nuestros resultados indican que el aporte de la composición microbiana como predictor es mayor en caracteres con menor heredabilidad, pero no aporta información relevante en caracteres con heredabilidad alta.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Azougagh *et al.* 2025. Anim. Microbiome 7: 13
- Heras-Molina *et al.* 2024. PLOS ONE 19: e0315199.
- Lopez-García *et al.* 2021. PLOS ONE 16: e0251804.

Agradecimientos: A IngaFood S.A. por proporcionar los animales, personal e instalaciones utilizadas en este estudio. Este estudio es parte del proyecto PID2020-114705RB-I00 y la beca predoctoral FPI PRE2021-097003 de Pedro Nuñez, financiada por el Ministerio de Ciencia e Innovación.