

COMPARACIÓN DE LA MICROBIOTA INTESTINAL DE CERDAS EN EL MOMENTO DEL PARTO Y EN SU DESCENDENCIA AL NACIMIENTO

Auseré-Holguín^{1,2*}, A., Gómez-Conde², M.S. y Latorre¹, M.A.

¹Universidad de Zaragoza-IA2, C/ Miguel Servet 177, 50013 Zaragoza;

²ADM Animal Nutrition Spain S.A., C/ Clavo 1, 28522 Rivas, Madrid

*alberto.ausereholguin@adm.com

INTRODUCCIÓN

Durante la gestación y lactancia, la cerda reproductora transmite microorganismos que colonizan el tracto gastrointestinal de sus lechones (Lührmann *et al.*, 2021), influyendo en su digestión, resistencia a patógenos y desarrollo inmunológico. Comprender esta relación microbiológica es clave para diseñar estrategias nutricionales que mejoren la salud intestinal neonatal. Este estudio tiene como objetivo comparar la microbiota de las cerdas en el momento del parto y la de sus crías al nacimiento, proporcionando información valiosa para optimizar el bienestar digestivo de los lechones.

MATERIAL Y MÉTODOS

De una granja porcina de la provincia de Lleida, se utilizaron 30 cerdas hiperprolíficas de cruce Landrace x Large White, de una misma banda, encontrándose en diferentes ciclos productivos ($n = 15$ nulíparas y $n = 15$ múltiparas). Las cerdas habían sido inseminadas con semen de raza Duroc. A los dos días postparto, se tomaron muestras de heces rectales de cada reproductora para el estudio de la microbiota. Ese mismo día, de cada cerda, se eligieron 4 lechones al azar, todos sanos, de los que también se tomaron muestras rectales de heces para el análisis de su microbiota. Se amplificaron un total de 50 ng de ADN. En primer lugar, se diseñaron cebadores que contenían: 1) una secuencia de enlazador universal que permite amplicones mediante el kit Nextera XT Index (ILLUMINA); y 2) cebadores universales del gen 16S rRNA. Las bibliotecas basadas en 16S se cuantificaron mediante fluorimetría utilizando el kit de ensayo Quant-iT™ PicoGreen™ dsDNA (ThermoFisher). Los resultados se analizaron con el programa estadístico R.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Tanto la riqueza microbiana como el índice Shannon resultaron mucho mayores en las cerdas al parto que en su descendencia al nacimiento ($P < 0,001$). Esto se debe a la diferencia de edad, ya que en animales adultos se ha descrito mayor diversidad microbiana que en pequeños (Guevarra *et al.*, 2019). En cuanto a las especies microbianas, se observó en la progenie una mayor abundancia que en sus madres ($P < 0,05$) de *Fusobacterium mortiferum*, agente presente en situaciones de problemas digestivos en lechones (Han *et al.*, 2018), así como de *Lactobacillus delbrueckii*, bacteria relacionada con una menor inflamación intestinal (Li *et al.*, 2019) y estrés oxidativo (Chen *et al.*, 2025), también de *Phocaeicola vulgatus*, su presencia es habitual en lechones con y sin diarrea (Gryaznova *et al.*, 2023) y de *Pseudenterichia vulneris*. Por otro lado, en los lechones se detectó una menor abundancia que en las cerdas ($P < 0,05$) de *Terrisporobacter petrolearius* o *Clostridium jeddahitimonense*, microorganismos que degradan la fibra y los monosacáridos (Fowler *et al.*, 2023), esperable por la gran cantidad de ingesta de fibra de las cerdas tanto durante la gestación como durante la lactación.

CONCLUSIÓN

Las cerdas reproductoras tienen una microbiota intestinal más rica y diversa que los lechones recién nacidos, entre otros factores por el elevado nivel de fibra en su alimentación. En sus crías, la microbiota es más diversa, con efectos que pueden ser beneficiosos o perjudiciales. Por tanto, fomentar la proliferación de bacterias beneficiosas es esencial para la salud intestinal de los lechones, especialmente durante las primeras semanas de vida, cuando su sistema digestivo aún es inmaduro.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Chen, F. *et al.* 2025 Probiotics and Antimicrob. Proteins (doi.org/10.1007/s12602-025-10466-w).
- Fowler, E.C. *et al.* 2023. Pathogens 12: 738.
- Gryaznova, M. *et al.* 2023. Animals 13: 2303.
- Guevarra, R.B. *et al.* 2019. J. Anim. Sci. Biotechnol. 10: 1.
- Han, C. *et al.* 2018. Anaerobe 55: 136-141.
- Li, Y. *et al.* 2019. J. Funct. Foods 63: 103591.
- Lührmann, A. *et al.* 2021. PLoS ONE 16(8): e0256112.