ANÁLISIS DEL PERFIL MICROBIANO EN UNA GRANJA PORCINA

Aranguren-Rivas[1]*, P., Pérez-Díaz[2] J.L., del Álamo[2], C., Peiró[3], S., Alcamí[4], A., Vázquez-Calvo[4], A., Calvo[5], L., Morales[6], P., Jiménez[5], B., Óvilo[1], C. y Muñoz[1], M.

[1]Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC); [2]Universidad de Alcalá; [3]Counterfog S.L.; [4]Centro de Biología Molecular Severo Ochoa; [5]Industrias Cárnicas Loriente Piqueras, S. A. (Incarlopsa); [6]ICPOR
*paula.aranguren@inia.csic.es

INTRODUCCIÓN

El ganado porcino es un potencial reservorio para muchos patógenos que podrían ser transmitidos a los humanos (Kraemer *et al*., 2018). En diferentes estudios de granjas se han analizado los aerosoles, donde principalmente se han aislado bacterias (Cormier *et al*., 1990) y se ha observado que la exposición a éstos podría estar relacionada con varias patologías en humanos (Xu *et al*., 2022). Por ello, el fin de este trabajo es analizar la composición bacteriana del aire en las diferentes salas de una granja porcina y estimar el origen de estas bacterias.

MATERIAL Y MÉTODOS

En el presente estudio se analizó el ADNr 16S bacteriano de 62 muestras recogidas en 3 salas (maternidad, cubricontrol y destete) de una granja porcina. Se recogieron 50 muestras de animales (30 cerdas y 20 lechones) de las cuales 25 fueron muestras de heces y 25 de piel, 6 muestras fueron de aire, 3 de superficies y 3 de agua. Las secuencias se procesaron con la herramienta Quiime2 y seguidamente se identificaron con el clasificador Greengenes2. Los análisis estadísticos se realizaron en Rstudio con el paquete Phyloseq.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se realizó un análisis de alfa diversidad de los tipos de muestras y las salas de muestreo, donde el índice de Shannon fue significativo (p= 0,041 y p= 0,045, respectivamente). Se realizó la clasificación taxonómica para observar la variación de la composición bacteriana entre las diferentes salas, observando que los taxones más abundantes del conjunto de las muestras son diferentes entre las 3 salas. Debido a esto, se observó que las muestras de aire recogidas en la misma sala están predominantemente compuestas por bacterias presentes en la piel de los cerdos, y en menor medida por bacterias que se encuentran en las muestras de heces, así como en las muestras ambientales.

CONCLUSIÓN

Los resultados obtenidos podrían sugerir que la composición taxonómica del aire podría ser utilizada para identificar las bacterias presentes en las salas de las granjas y así identificar posibles patógenos.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Cormier, Y. *et al*. 1990. Airborne microbial contents in two types of swine confinement buildings in Quebec. American Industrial Hygiene Association Journal 51(6): 304-309. doi:10.1080/15298669091369709. • Kraemer, J.G. *et al*. 2018. Influence of pig farming on the human nasal microbiota: Key role of Airborne Microbial Communities. Applied and Environmental Microbiology 84(6). doi:10.1128/aem.02470-17. • Xu, X. *et al*. 2022. Airborne bacterial communities in the poultry farm and their relevance with environmental factors and antibiotic resistance genes, Science of The Total Environment 846: 157420. doi: 10.1016/j.scitotenv.2022.157420.

Agradecimientos: Funded by the European Union's Horizon Europe Research and Innovation. Programme under Grant Agreement n. 101084097. Views and opinions expressed are however those of the author(s) only and do not necessarily reflect those of the European Union. Neither the European Union can be held responsible for them.