

Cambios en la microbiota intestinal de cerdos de cebo tras la administración de butirato de sodio encapsulado en el pienso

M. Bernad-Roche¹, A. Bellés¹, L. Grasa¹, A. Casanova-Higes¹, R.C. Mainar-Jaime^{1*}

¹ Facultad de Veterinaria, Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2, Universidad de Zaragoza-CITA, Zaragoza
*rcmainar@unizar.es

INTRODUCCIÓN

- Los ácidos orgánicos (AO), como el butirato de sodio protegido (BSP) se plantean como **alternativa a los antibióticos** para el control de **enfermedades intestinales** de etiología bacteriana en el ganado **porcino**.
- Estos AO podrían modificar positivamente la composición de la **microbiota intestinal**, seleccionando bacterias comensales ácido-resistentes y reduciendo la proporción global de bacterias patógenas.

OBJETIVO

Evaluar los cambios en la microbiota de cerdos de engorde tras la administración de butirato de sodio encapsulado en el pienso durante **todo el periodo de cebo**.

MATERIAL Y MÉTODOS

Animales y tratamiento

Cerdos de cebo
Grupo Control (GC), n=9
Grupo Tratamiento (GT), n=9



Aditivo en pienso (BS)
GUSTOR BP70® 3 kg/ T
≈ 90 días



Extracción de ADN bacteriano y secuenciación de alto rendimiento del gen 16S rRNA

1g contenido intestinal



RESULTADOS Y DISCUSIÓN

- No hubo diferencias significativas en los índices de α -diversidad (medida general de la riqueza bacteriana dentro de los grupos) y fueron similares a los observados en cerdos adultos. Sin embargo, hubo **diferencias significativas** en algunos **taxones específicos** entre los grupos.
- Las familias ***Prevotellaceae***, ***Lachnospiraceae***, ***Peptostreptococcaceae*** y ***Peptococcaceae*** aparecieron aumentadas en el GT → se asocian a mejores índices productivos y contribuyen al control de la **inflamación intestinal**.
- En cuanto a especies, ***Clostridium butyricum*** también se incrementó en el GT → el aumento de anaerobios estrictos podría reducir la presencia de **patógenos entéricos**.

Tabla 1. Análisis t-test de las variaciones entre grupos. Principales taxones que fueron significativamente diferentes entre grupos.

| Nivel taxonómico | Taxón | Media GC | Media GT | Valor P |
|------------------|------------------------------|----------|----------|---------|
| Familia | <i>Prevotellaceae</i> | 0.075 | 0.114 | 0.047 |
| | <i>Lachnospiraceae</i> | 0.063 | 0.077 | 0.035 |
| | <i>Peptostreptococcaceae</i> | 0.030 | 0.055 | 0.015 |
| | <i>Peptococcaceae</i> | 0.001 | 0.002 | 0.026 |
| Especie | <i>Clostridium butyricum</i> | 0.003 | 0.005 | 0.048 |

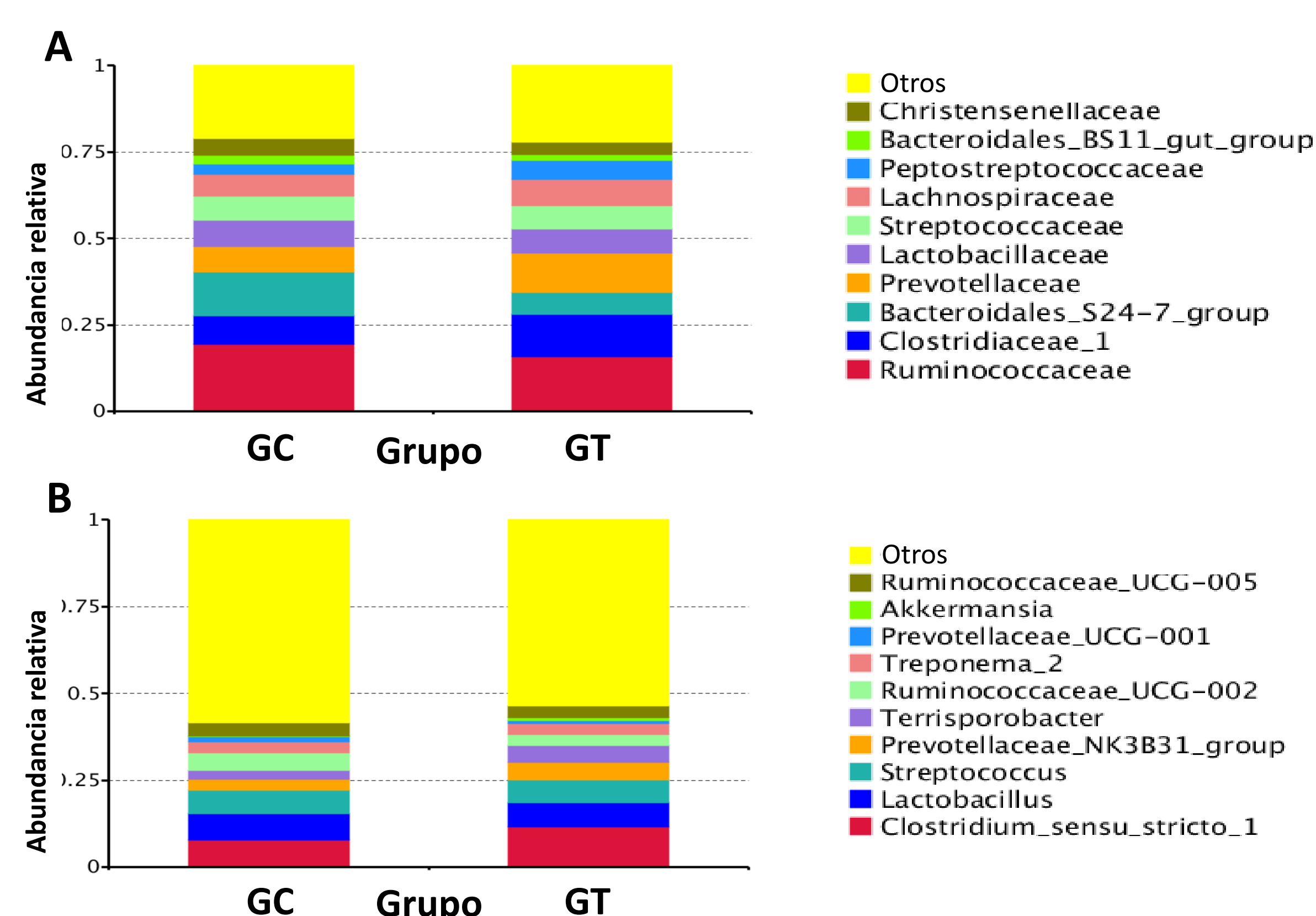


Figura 1. Porcentaje de abundancia relativa de las 10 familias (A) y géneros (B) más abundantes en GC y GT.



CONCLUSIÓN

La adición de BSP no modificó significativamente la riqueza de la composición de la microbiota de los cerdos, pero se observaron cambios en algunos **taxones específicos** que estarían relacionados con mejores parámetros de **salud intestinal**.