DOI: 10.12933/therya_ixmana-27-899
ISSN 2954-3606

Therya *ixmana*, 2027, Vol. 6(1):54-56

MAMÍFEROS BAJO CUIDADO PROFESIONAL: ¿MICROBIOS EN JUEGO?

Daniela Isabel Jaime Sánchez[1], Diego Zubillaga Martín[2] y Nallely Georgina Ruiz Torres[1,3]*

[1]Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México. Tlalnepantla de Baz, Estado de México, México. daniela.jaime10072002@gmail.com (DIJS), nallely.ruiz.torres@gmail.com (NGRT)

[2]Laboratorio de Genética y Ecología, Departamento de Ecología de la Biodiversidad, Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México. Ciudad de México, Ciudad de México, México. zubillaga.diego@gmail.com

[3]Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México. Ciudad de México, Ciudad de México, México.

*Autor de correspondencia

Dentro de cada organismo existe un mundo invisible cuya diversidad está influenciada por diferentes factores, incluyendo el lugar donde habite. Esta variación permite comparar la microbiota intestinal entre ejemplares de vida silvestre y bajo cuidado profesional (BCP) para entender cómo el entorno puede influir en la salud de los mamíferos.

En el tracto digestivo de los animales habitan millones de microorganismos, principalmente bacterias, pero también hongos, arqueas, virus y protozoarios. A este conjunto de diminutos habitantes se le denomina microbiota, siendo la intestinal una de las comunidades biológicas más complejas asociadas al cuerpo animal. Asimismo, al conjunto de su información genética y las sustancias que producen se le denomina microbioma. Estas comunidades microbianas desempeñan funciones fundamentales para el hospedero, ya que participan en la digestión de los alimentos, la síntesis de vitaminas, el fortalecimiento del sistema inmunitario y contribuyen a proteger al organismo frente a potenciales patógenos y enfermedades, entre otras cosas.

En los mamíferos, la microbiota intestinal se adquiere por dos vías principales: la transmisión vertical y la horizontal. La primera ocurre de madre a cría antes, durante y después del nacimiento. Durante este proceso, las crías entran en contacto con los microorganismos que habitan en los fluidos, las heces y la leche materna, los cuales constituyen la fuente inicial de la microbiota intestinal que poblará al individuo. La vía de transmisión horizontal se produce a través de la interacción con otros individuos y el entorno natural; este proceso incluye el contacto social, la coexistencia en entornos compartidos y la alimentación. Los microorganismos que integran estas comunidades microbianas no son estáticos, ya que cambian continuamente a lo largo de la vida del hospedero. En él conviven tanto las bacterias nativas como las transitorias; las primeras corresponden a aquellas que logran establecerse de manera permanente en el intestino, mientras que las transitorias provienen principalmente del ambiente y permanecen temporalmente en el sistema digestivo.

Entre los factores que moldean la microbiota intestinal, los hábitos alimenticios desempeñan un papel fundamental. Se ha visto que los mamíferos herbívoros presentan microbiotas intestinales más diversas, generalmente asociadas al metabolismo de moléculas complejas como la celulosa de las plantas. Estas asociaciones



Tapir centroamericano (*Tapirus bairdii*) en vida silvestre (izquierda) y bajo cuidado profesional (derecha). La ilustración representa de manera esquemática la microbiota intestinal asociada a la especie en ambos contextos. Imagen: Daniela Isabel Jaime Sánchez, con GPAI.

Therya *ixmana*, 2027, Vol. 6(1):54-56

con microbios fermentadores han sido claves para facilitar la herbivoría en este grupo de animales. Algunos incluso presentan modificaciones en su sistema digestivo, con un alargamiento de ciertos órganos donde albergan una importante cantidad de microorganismos simbióticos que los ayudan a digerir su dieta y que pueden representar entre el 10 y el 25 % de su peso corporal. Estas comunidades pueden estar presentes en prolongaciones del estómago, antes del intestino, como es el caso de los rumiantes (vacas, camellos, jirafas), o pueden estar en el colon o el ciego digestivo, en el intestino posterior, como en el caso de algunos monos, caballos y elefantes.

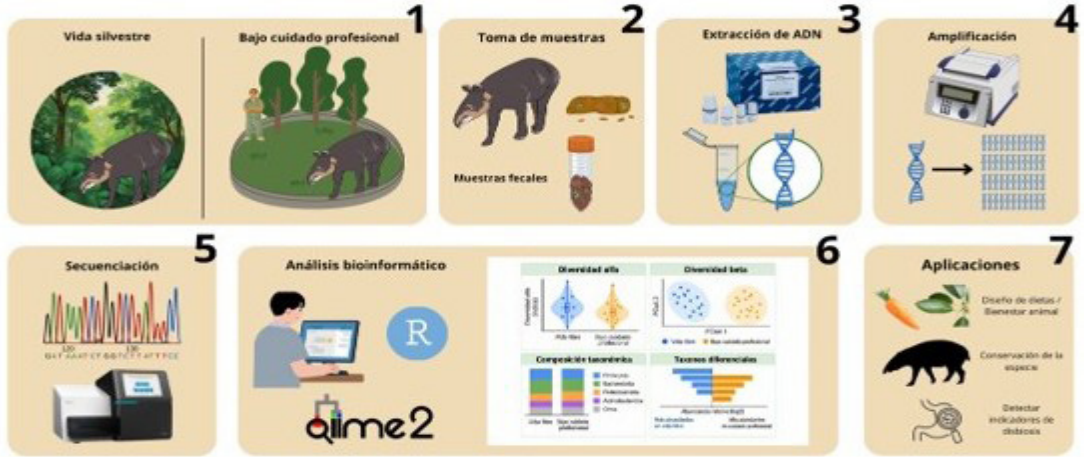
A pesar de esta estrecha relación, modificaciones en la dieta también pueden alterar la composición de las comunidades microbianas intestinales. Este aspecto resulta especialmente relevante en animales bajo cuidado profesional (BCP), es decir, aquellos que viven en entornos gestionados por el ser humano y que dependen total o parcialmente de su cuidado. En especies prioritarias para la conservación, mantener poblaciones BCP reduce el riesgo de extinción y contribuye a los esfuerzos de reproducción y reintroducción. Sin embargo, los entornos diseñados y manejados por el hombre representan condiciones distintas a las que experimentan los animales en vida libre. Esto puede incluir cambios en la alimentación, en el ambiente, en las interacciones sociales, administración de antibióticos, espacio limitado, cambios en ciertos hábitos naturales y una mayor exposición a microorganismos asociados a las personas, lo que puede vincularse a alteraciones en el microbioma intestinal; esto es conocido como disbiosis.

Para estudiar la microbiota intestinal de los mamíferos, no es necesario capturarlos ni manipularlos, pues sus excrementos ofrecen una forma de obtener información de forma no invasiva. Al realizar colectas de excrementos (muestras fecales) lo más frescos posibles, tanto de animales en vida silvestre como de aquellos bajo BCP, se puede extraer el material genético (ADN) de los microorganismos presentes. Posteriormente, se secuencia el gen del ARN ribosomal 16S, utilizado para estudiar microorganismos y, mediante análisis bioinformáticos y la comparación de las secuencias con las bases de datos de referencia, se identifican los grupos y se estiman sus abundancias. Esta información permite comparar la diversidad y la composición de la microbiota fecal entre grupos de animales.

La evidencia actual sugiere que las condiciones de manejo suelen reflejarse en una menor diversidad o riqueza de microorganismos en comparación con animales silvestres, a lo que muchos estudios denominan "la firma de cautiverio". También muestran un cambio importante en la composición o estructura de la comunidad, que a menudo está relacionada con la manifestación de diferentes enfermedades fisiológicas que no se presentan en su hábitat natural. Por ejemplo, en estudios con el panda gigante (*Ailuropoda melanoleuca*), se observó que los individuos BCP, presentan diferencias significativas en la diversidad, composición, y potencial funcionalidad de su microbiota intestinal en comparación con los individuos silvestres.

Los autores sugieren que estas diferencias se deben principalmente a cambios en la dieta, ya que los pandas BCP son alimentados con una mezcla de granos al vapor, productos de animales y bambú, mientras que los individuos de vida silvestre son especialistas, con 99 % de su dieta compuesta por una variedad de especies de bambú. Estas modificaciones resultan en una baja actividad bacteriana para la degradación de la celulosa, en comparación con una mayor actividad asociada al metabolismo de almidones en los pandas gigantes BCP. Resultados similares se reportaron en el rinoceronte negro (*Diceros bicornis*), cuyos individuos BCP mostraron una menor abundancia de bacterias asociadas a la degradación de fibra en comparación con sus contrapartes silvestres.

Estudios realizados con lémures de cola anillada (*Lemur catta*), elefantes marinos (*Mirounga leonina*) y focas leopardo (*Hydrurga leptonyx*) observaron que la diversidad microbiana variaba entre poblaciones de vida silvestre y BCP, siendo más diversa en los organismos de vida silvestre. Un estudio más amplio, que abarcó un total de 54 especies de mamíferos BCP, demostró que cambios en la diversidad del microbioma entre individuos silvestres y BCP no se distribuyen uniformemente en todas las especies, sino que la dieta y la morfología intestinal son los principales detonadores en la diversidad y composición de la microbiota intestinal. Particularmente, en caballos, jirafas y cebras se observó que hasta la mitad (50 %) de los microorganismos intestinales estaban presentes tanto en individuos silvestres como en BCP, mientras que en elefantes esta proporción fue considerablemente menor (solo el 20 %). Estos microorganismos compartidos podrían representar componentes esenciales de la microbiota del hospedero. Por ello, identificar y monitorear microorganismos clave podría aportar herramientas útiles y proporcionar información valiosa sobre las dependencias simbióticas del bienestar animal y fortalecer los programas de conservación y reintroducción.



Flujo de trabajo para el estudio de la microbiota intestinal del tapir centroamericano (*Tapirus bairdii*), desde la toma de muestras fecales hasta el análisis bioinformático y las posibles aplicaciones de los resultados.
Imagen: Daniela Isabel Jaime Sánchez con Canva.

Therya *ixmana*, 2027, Vol. 6(1):54-56

En este contexto, resulta relevante estudiar estas comunidades en especies de mamíferos mexicanos con diferentes requerimientos ecológicos, como es el caso del tapir y los primates mexicanos. El tapir (*Tapirus bairdii*) es el animal más grande del Neotrópico, es herbívoro y terrestre, mientras que los primates mexicanos también son herbívoros, pero viven en los árboles. En cuanto a los primates, las tres especies de primates mexicanos: el mono araña (*Ateles geoffroyi*), el mono aullador negro (*Alouatta pigra*) y el mono aullador de manto (*Alouatta palliata*) han sido severamente afectadas por la pérdida y degradación de su hábitat, la caza furtiva y los atropellamientos, contribuyendo a la disminución de sus poblaciones. Por esta razón, actualmente se encuentran protegidos por leyes nacionales e internacionales.

Hasta ahora se han realizado investigaciones descriptivas sobre la microbiota intestinal de estos mamíferos en individuos de vida silvestre. Por ejemplo, la microbiota del tapir se evaluó en animales silvestres de la región de Calakmul, Campeche, México. Los resultados mostraron una microbiota diversa y estable entre las temporadas seca y lluviosa, sin diferencias significativas en su composición. Los autores indican que su diversidad podría estar relacionada con la alta biodiversidad y el buen estado de conservación del hábitat; mientras que la presencia de los filos más representativos está determinada por su tipo de alimentación, la cual está especializada en hojas, fibra y frutos.

Para el caso de los primates mexicanos, se identificó que gran parte de la configuración de su microbiota está determinada por el tipo de alimentación. El mono araña se alimenta principalmente de frutos, como zapotes, nanche y jinicuil, mientras que los monos aulladores pueden comer principalmente hojas en ciertas temporadas del año. Estas dietas se ven reflejadas en los principales grupos de bacterias que componen su microbiota intestinal, ya que los monos araña tienen más bacterias que degradan azúcares complejos como los de los frutos, y los monos aulladores tienen bacterias especializadas en degradar la celulosa de las hojas. Para asegurar la degradación de esta celulosa, los monos aulladores presentan un alargamiento del ciego digestivo, donde albergan grandes cantidades de estas comunidades de bacterias, por lo que son considerados fermentadores del intestino posterior. Los monos mexicanos BCP suelen presentar problemas gastrointestinales, muy probablemente asociados a las modificaciones en la dieta que conllevan alteraciones de su microbiota intestinal.

Como hemos visto, el conocimiento sobre la microbiota intestinal de los mamíferos, tanto en vida silvestre como en sus contrapartes bajo cuidado profesional, está aún en desarrollo, y en algunas especies es escaso o nulo, por lo que resulta necesario investigar estas comunidades y comparar su composición entre ambos contextos. Se hace especial énfasis en el estudio de mamíferos herbívoros, por ser los que presentan asociaciones más fuertes y con comunidades más diversas. Profundizar en estas diferencias es fundamental para el desarrollo de programas de conservación, manejo y bienestar animal, ya que permite contribuir a la preservación de una microbiota intestinal más cercana a la natural, favoreciendo su salud y mejorando su calidad de vida.

En este contexto, el estudio de la microbiota emerge como un componente clave de la biología animal que debería incorporarse a las prácticas de manejo y conservación, reconociendo que proteger una especie también implica conservar la diversidad microscópica que habita en ella y que contribuye a su supervivencia

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a la Dra. L. Falcón, Dra. E. Vázquez y al Dr. J. Pérez por la revisión y por sus valiosos comentarios, los cuales contribuyeron a mejorar su contenido.

LITERATURA CONSULTADA

Alberdi, A., G. Martin Bideguren, y O. Aizpurua. 2021. Diversity and compositional changes in the gut microbiota of wild and captive vertebrates: a meta-analysis. Scientific Reports 11:22660.

Bornbusch, S. L. *et al*. 2022. Gut microbiota of ring-tailed lemurs (*Lemur catta*) vary across natural and captive populations and correlate with environmental microbiota. Animal Microbiome 4:29.

Dallas, J. W., y R. W. Warne. 2023. Captivity and animal microbiomes: potential roles of microbiota for influencing animal conservation. Microbial Ecology 85:820-838.

De Jonge, N. *et al*. 2022. The gut microbiome of 54 mammalian species. Frontiers in Microbiology 13:886252.

Gibson, K. M. *et al*. 2019. Gut microbiome differences between wild and captive black rhinoceros – implications for rhino health. Scientific Reports 9:7570.

Groussin, M. *et al*. 2017. Unraveling the processes shaping mammalian gut microbiomes over evolutionary time. Nature Communications 8:14319.

Guo, W. *et al*. 2019. Comparative study of gut microbiota in wild and captive giant pandas (*Ailuropoda melanoleuca*). Genes 10:827.

Kohl, K. D. *et al*. 2017. Patterns of host gene expression associated with harboring a foregut microbial community. BMC Genomics 18:697.

Mallott, E. K., y K. R. Amato. 2021. Host specificity of the gut microbiome. Nature Reviews Microbiology 19:639-653.

McFall-Ngai, M. *et al*. 2013. Animals in a bacterial world, a new imperative for the life sciences. Proceedings of the National Academy of Sciences 110:3229-3236.

McKenzie, V. J. *et al*. 2017. The effects of captivity on the mammalian gut microbiome. Integrative and Comparative Biology 57:690-704.

Moeller, A. H., T. A. Suzuki, M. Phifer-Rixey, y M. W. Nachman. 2018. Transmission modes of the mammalian gut microbiota. Science 362:453-457.

Moeller, A. H., y J. G. Sanders. 2020. Roles of the gut microbiota in the adaptive evolution of mammalian species. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences 375:20190597.

Muegge, B. D. *et al*. 2011. Diet drives convergence in gut microbiome functions across mammalian phylogeny and within humans. Science 332:970-974.

Nelson, T. M. *et al*. 2012. Diet and phylogeny shape the gut microbiota of Antarctic seals: a comparison of wild and captive animals. Environmental Microbiology 15:1132-1145.

Yanez-Montalvo, A. *et al*. 2021. Tapirus bairdii-associated fecal microbiome from a critical conservation area: Calakmul, México. Current Microbiology 78:2648-2659.

Zubillaga-Martín, D. *et al*. 2025. Gut microbiota signatures of the three Mexican primate species, including hybrid populations. PLoS ONE 20:e0317657.

Sometido: 30/sep/2026.
Revisado: 13/oct/2026.
Aceptado: 16/nov/2026.
Publicado: 17/nov/2026.
Editor asociado: Dra. Alina Gabriela Monroy-Gamboa.