



CARACTERIZACIÓN LONGITUDINAL DE LA MICROBIOTA DE LA LECHE HUMANA EN MADRES COSTARRICENSES

K, Solís Salazar; D, Mejía González; R, Bonilla Sandoval; L, Marín Arias; R, Campos Sánchez.

INTRODUCCIÓN

El microbioma de la leche humana (LH) está compuesto por una variedad importante de microorganismos como bacterias, virus y hongos, que contribuyen al desarrollo y fortalecimiento del sistema digestivo e inmunológico del bebé. Su composición varía entre mujeres y poblaciones, influenciada por factores como la salud materna, el modo de parto, la etapa de lactancia, y características antropométricas. El objetivo de este estudio es caracterizar longitudinalmente la microbiota de la leche humana (MLH) de una cohorte de mujeres costarricenses y analizar su relación con características maternas.

METODOLOGÍA

Se obtuvieron muestras de leche a los 2, 5 y 8 meses postparto de 38 mujeres lactantes del área Metropolitana de Costa Rica. El ADN fue extraído usando el kit MasterPure Complete DNA and RNA Purification (Lucigen). Posteriormente se amplificó la región V3-V4 del gen ARNr 16S y las librerías resultantes se secuenciaron utilizando la plataforma Illumina MiSeq (cartuchos v2, 500 ciclos, paired-end). Los datos fueron procesados con QIIME2 v2024.5, empleando la base de datos Silva, y se realizaron análisis estadísticos en R.

RESULTADOS

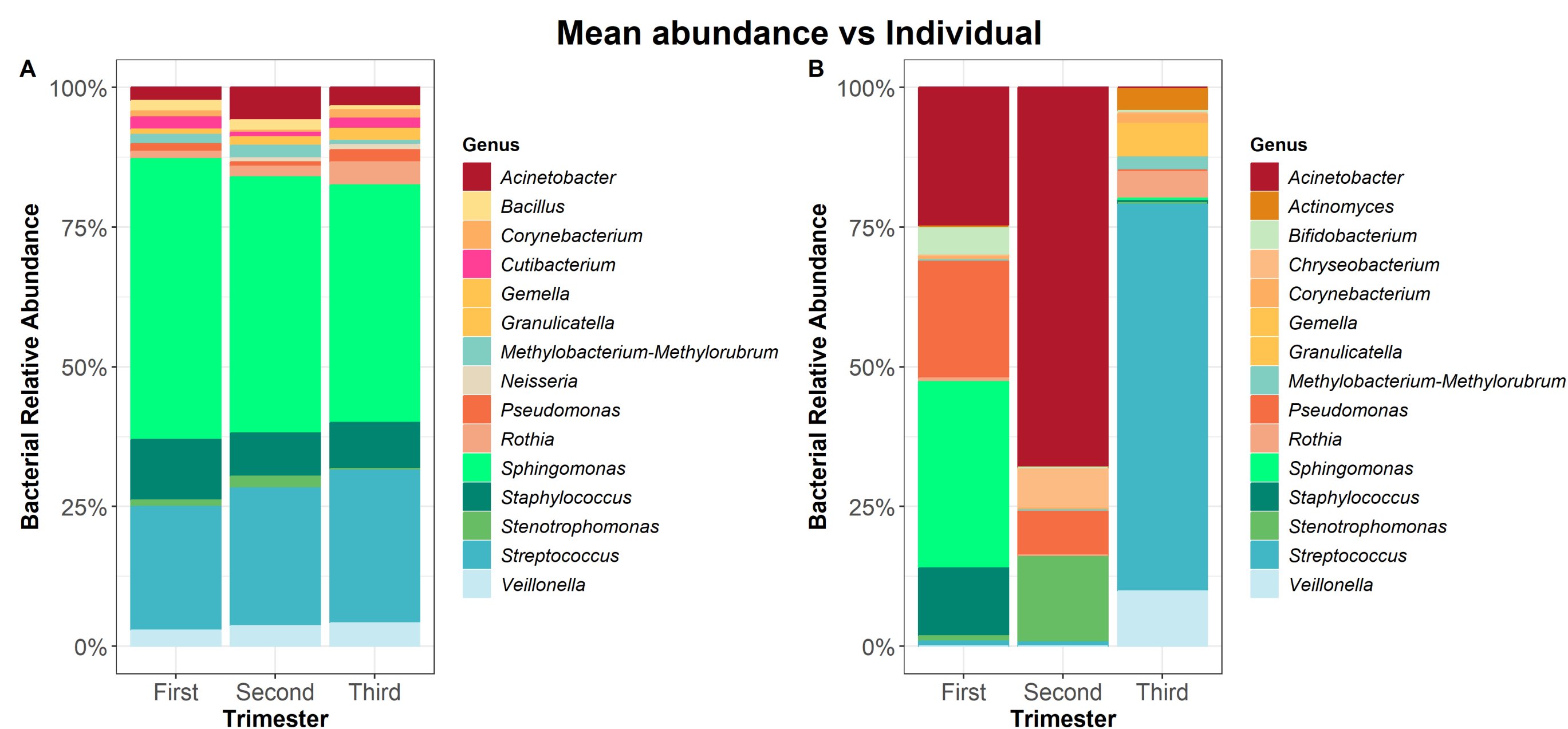


Fig. 01. Abundancia relativa a nivel de género representada en los tres tiempos de muestreo para A. el promedio de las participantes, B. una participante individual.

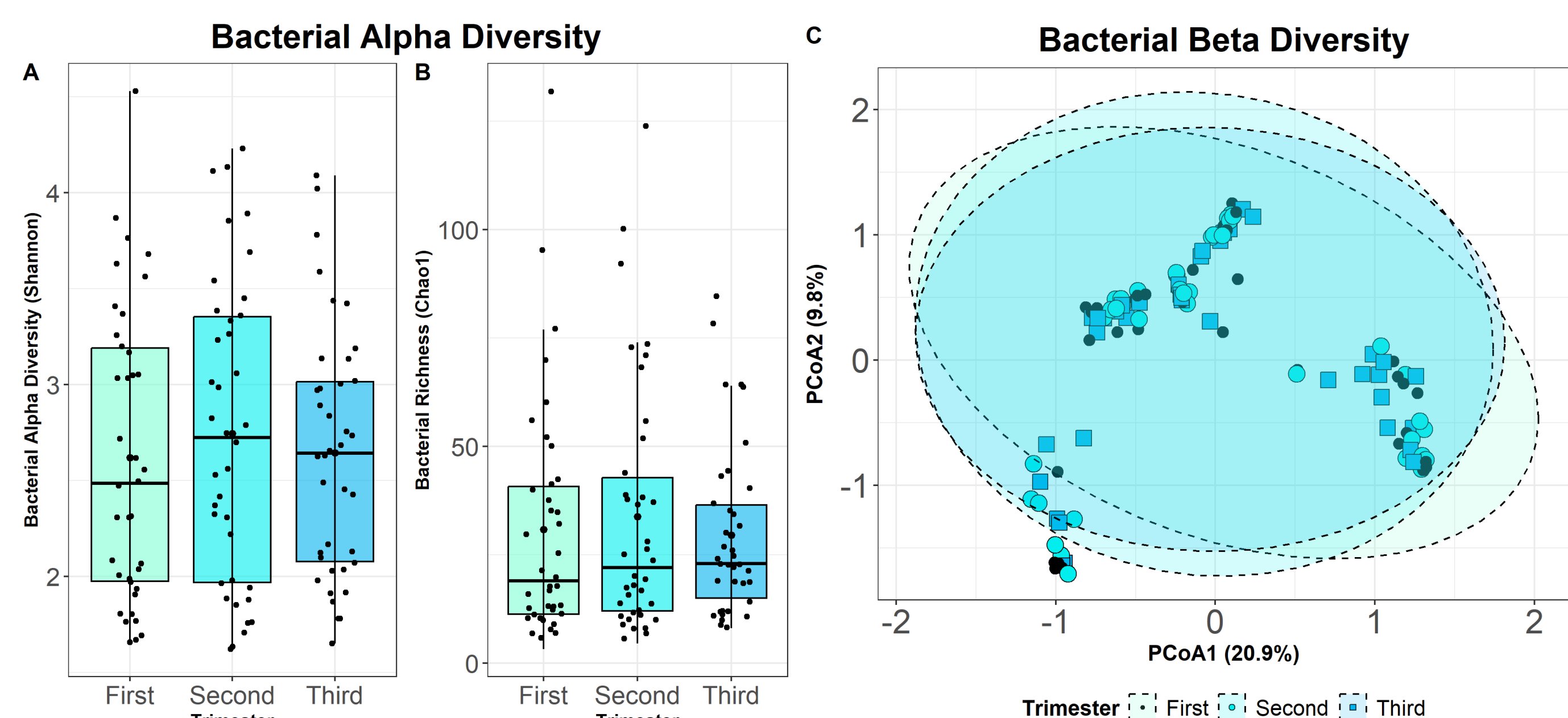


Fig. 02. Índices de diversidad en los tres tiempos de muestreo: A. alfa diversidad medido por la métrica de Shannon (Kruskal-Wallis $\chi^2 = 0.426$, p-value = 0.808), B. alfa diversidad medido por la métrica de Chao1 (Kruskal-Wallis $\chi^2 = 0.456$, p-value = 0.796), C. análisis de coordenadas principales (PCoA) basado en la diversidad beta (PERMANOVA, $F = 0.599$, p-value = 0.996).

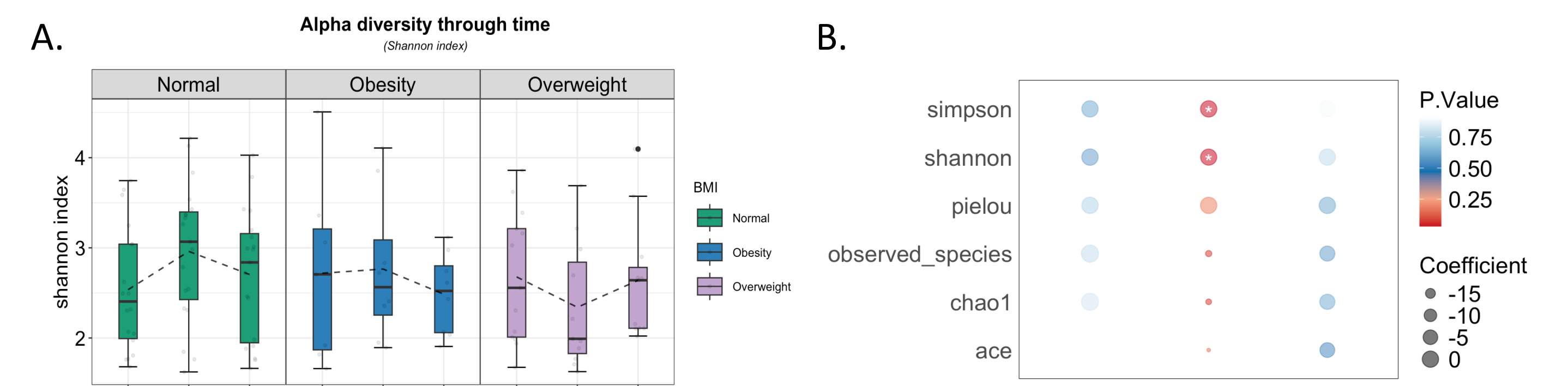


Fig. 03. A. Gráficos de diversidad alfa según IMC y tiempo de muestreo (p-value = 0.037). B. Comparación de diversidad alfa entre IMC con sobrepeso (n=11) y normal (n=19) Shannon (p-value = 0.037), Simpson (p-value = 0.031).

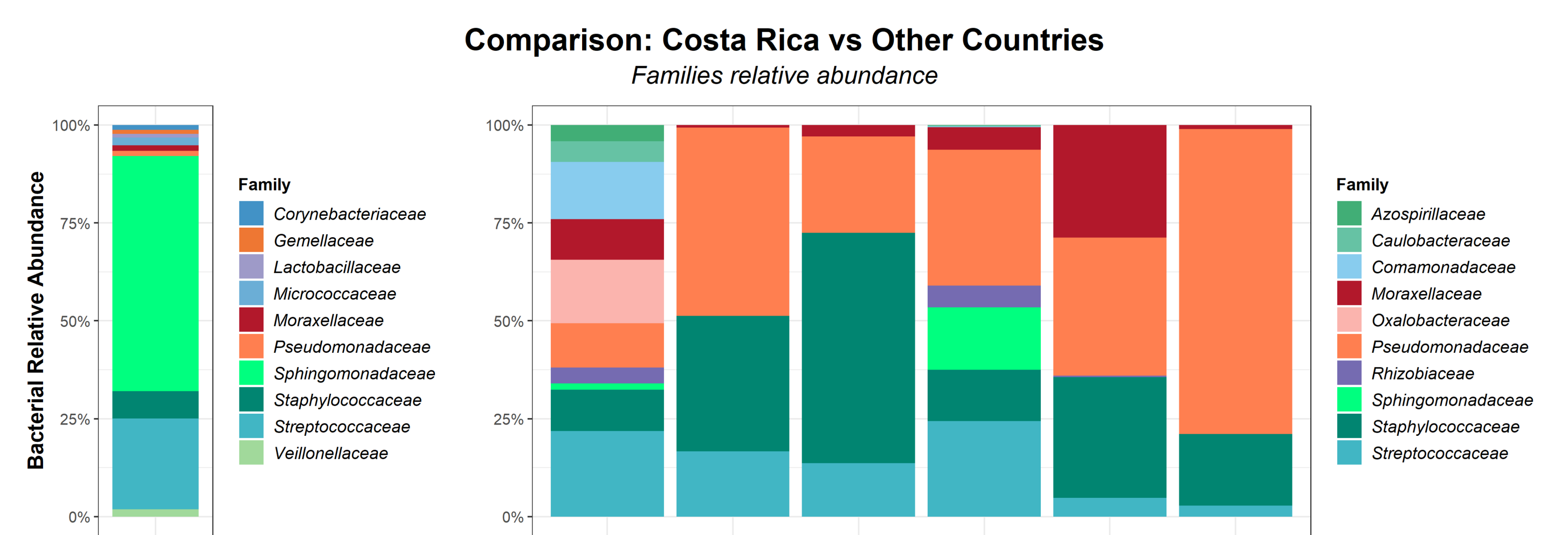


Fig. 04. Comparación de la abundancia relativa bacteriana observada a nivel de familia en muestras de leche humana recolectadas en el primer trimestre de lactancia a partir de mujeres costarricenses en comparación con mujeres de otras regiones.

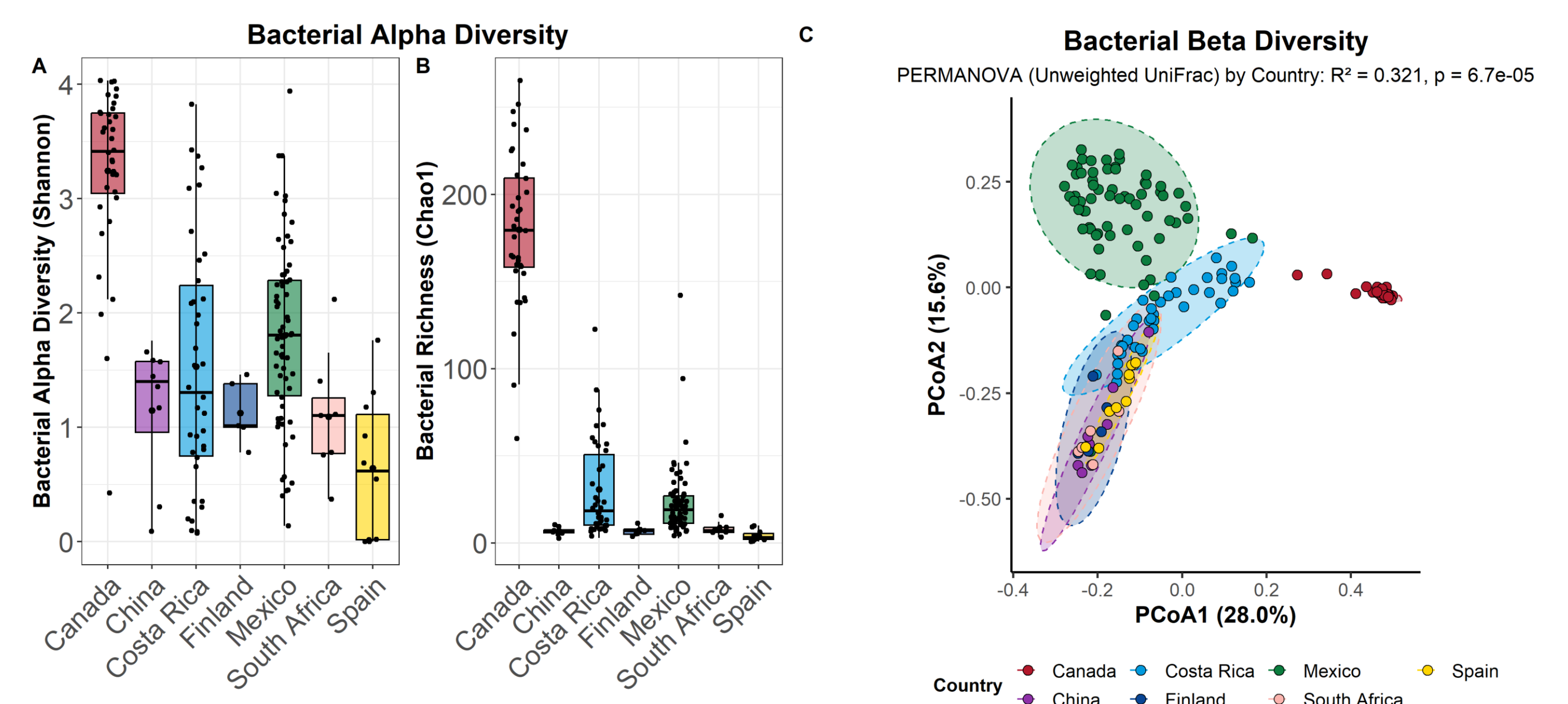


Fig. 05. Índices de diversidad según país de origen. A. alfa diversidad medido por la métrica de Shannon (Kruskal-Wallis $\chi^2 = 73.467$, p-value = 7.935e-14), B. alfa diversidad medido por la métrica de Chao1 (Kruskal-Wallis $\chi^2 = 115.65$, p-value = 2.2e-16), C. Análisis de coordenadas principales (PCoA) basado en la diversidad beta (PERMANOVA, $F = 13.937$, p-value = 6.7e-05).

CONCLUSIONES

Este estudio representa la primera aproximación longitudinal a la microbiota de la leche humana en Costa Rica, aportando evidencia sobre su composición bacteriana y su variabilidad. Los resultados coinciden con estudios previos en otras poblaciones respecto a la presencia de géneros como *Sphingomonas*, *Streptococcus* y *Staphylococcus*, aunque las proporciones observadas difieren entre poblaciones, lo que resalta la importancia de los estudios regionales.

Además, la comparación internacional de la diversidad microbiana en leche humana durante el primer trimestre de lactancia reveló diferencias significativas entre países, destacando a Costa Rica por su perfil distintivo en riqueza y equidad microbiana. Esta singularidad podría estar influenciada por factores ambientales, dietéticos o culturales locales, lo que refuerza la importancia de ampliar la investigación regional sobre el microbioma humano. Este estudio sienta las bases para futuras investigaciones que exploren la relación entre la microbiota de la leche y la microbiota intestinal infantil.