



Microbiota bacteriana en la leche humana: origen, composición y retos para los bancos de leche humana

Andreina Hidalgo Solano¹

AFILIACIONES: ¹Banco de Leche Humana, Hospital de las Mujeres Dr. Adolfo Carit Eva, Caja Costarricense del Seguro Social (CCSS), San José, Costa Rica

RESUMEN. La leche humana constituye el alimento de elección para los recién nacidos debido a sus propiedades nutricionales, inmunológicas y funcionales. En las últimas décadas, el desarrollo de técnicas de secuenciación molecular permitió demostrar que la leche humana posee una microbiota compleja integrada por microorganismos comensales y potencialmente beneficiosos para el neonato. Esta microbiota participa activamente en la colonización intestinal temprana, la modulación del sistema inmunológico y la prevención de enfermedades infecciosas e inflamatorias.

Los bancos de leche humana desempeñan un papel fundamental en la alimentación de recién nacidos prematuros y de bajo peso al nacer cuando la leche materna homóloga no está disponible. Sin embargo, los procesos utilizados para garantizar la inocuidad microbiológica, particularmente la pasteurización tipo Holder, generan alteraciones importantes en la microbiota nativa y en algunos componentes bioactivos de la leche humana.

La composición de la microbiota de la leche humana se encuentra influenciada por múltiples factores, entre ellos el tipo de parto, la edad gestacional, el uso de antibióticos, la etapa de lactancia y las condiciones ambientales. Asimismo, se han propuesto diversos mecanismos para explicar su origen, incluyendo la transferencia desde la cavidad oral del lactante, la piel materna y la ruta enteromamaria.

La evidencia actual sugiere que la microbiota de la leche humana contribuye a reducir el riesgo de enterocolitis necrotizante, infecciones respiratorias, alergias y enfermedades metabólicas, además de influir en la programación inmunológica y metabólica a largo plazo. Debido a ello, las investigaciones recientes se enfocan en estrategias dirigidas a preservar o restaurar la microbiota beneficiosa de la leche humana donada mediante suplementación con probióticos, inoculación con leche materna homóloga y modelos de nutrición neonatal personalizada.

La presente revisión analiza la composición, origen y funciones de la microbiota bacteriana de la leche humana, así como las implicaciones microbiológicas y clínicas asociadas a los bancos de leche humana y al procesamiento de la leche donada.

Dirección para correspondencia,
dirigida a:

Andreina Hidalgo Solano
andhisol_1991@hotmail.com

Recibido: 13 de mayo del 2026

Aceptado: 16 de octubre del 2026

Publicado: 30 de octubre del 2026

Los artículos publicados en La Revista del Colegio de Microbiólogos y Químicos Clínicos se distribuyen bajo la licencia **Creative Commons Atribución–NoComercial–Compartir Igual 4.0 Internacional (CC BY-NC-SA 4.0)**.

<https://doi.org/10.66675/JBGW6662>

PALABRAS CLAVE. leche humana; microbiota; bancos de leche humana; pasteurización; recién nacido prematuro; nutrición neonatal; enterocolitis necrotizante; probióticos.

ABSTRACT. Human milk is considered the optimal source of nutrition for newborns due to its nutritional, immunological, and functional properties. In recent decades, advances in molecular sequencing techniques have demonstrated that human milk contains a complex microbiota composed of commensal and potentially beneficial microorganisms for the neonate. This microbiota actively participates in early intestinal colonization, immune system modulation, and the prevention of infectious and inflammatory diseases.

Human milk banks play a crucial role in feeding preterm and low birth weight infants when mother's own milk is unavailable. However, procedures used to ensure microbiological safety, particularly Holder pasteurization, significantly alter the native microbiota and several bioactive components of human milk.

The composition of human milk microbiota is influenced by multiple factors, including mode of delivery, gestational age, antibiotic exposure, lactation stage, and environmental conditions. Several mechanisms have been proposed to explain its origin, including transfer from the infant oral cavity, maternal skin, and the entero-mammary pathway.

Current evidence suggests that human milk microbiota contributes to reducing the risk of necrotizing enterocolitis, respiratory infections, allergies, and metabolic diseases, while also influencing long-term immune and metabolic programming. Consequently, recent research has focused on strategies aimed at preserving or restoring the beneficial microbiota of donor human milk through probiotic supplementation, inoculation with mother's own milk, and personalized neonatal nutrition approaches.

This review analyzes the composition, origin, and functions of human milk bacterial microbiota, as well as the microbiological and clinical implications associated with human milk banks and donor milk processing.

KEYWORDS. human milk; microbiota; human milk banks; pasteurization; preterm infant; neonatal nutrition; necrotizing enterocolitis; probiotics.

INTRODUCCIÓN. La leche materna homóloga, es decir, aquella proveniente de la propia madre, constituye el alimento de elección para los recién nacidos debido a sus beneficios nutricionales, inmunológicos y funcionales. La Organización Mundial de la Salud recomienda la lactancia materna exclusiva durante los primeros seis meses de vida, especialmente en poblaciones vulnerables como los recién nacidos prematuros y de bajo peso al nacer (World Health Organization, 2025).

Además de aportar nutrientes esenciales, la leche humana contiene múltiples componentes bioactivos, entre ellos inmunoglobulinas, citoquinas, factores de crecimiento, enzimas y péptidos antimicrobianos que contribuyen al desarrollo inmunológico y metabólico del neonato.(Zimmermann & Curtis, 2020).

A pesar de estas recomendaciones, existen múltiples circunstancias que pueden impedir la instauración adecuada de la lactancia materna. Entre ellas destacan patologías neonatales que comprometen la coordinación de la succión, deglución y respiración, enfermedades maternas, complicaciones obstétricas, limitaciones institucionales y factores sociales o ambientales relacionados con el binomio madre-hijo. En este contexto, los bancos de leche humana (BLH) desempeñan un papel fundamental al garantizar el acceso oportuno y seguro a leche humana donada para neonatos que no pueden recibir leche de su propia madre (Picaud & Buffin, 2017; Updegrave et al., 2020).

Los BLH pueden funcionar como unidades integradas dentro de hospitales con servicios de neonatología o como centros regionales independientes. Su principal objetivo es recolectar, procesar, almacenar y distribuir leche humana donada bajo estrictas condiciones de calidad microbiológica y seguridad sanitaria. Para ello, deben implementar procesos que aseguren la inocuidad del producto sin comprometer significativamente sus propiedades biológicas(Herson & Weaver, 2024).

En los últimos años, el estudio de la microbiota de la leche humana ha despertado un creciente interés científico. Inicialmente, la leche materna se consideraba un fluido estéril; sin embargo, actualmente se reconoce como un ecosistema microbiano complejo y diverso compuesto principalmente por bacterias comensales y potencialmente beneficiosas para el neonato (La Tuga et al., 2014). Aunque las primeras bacterias identificadas fueron microorganismos cultivables, el desarrollo de técnicas de secuenciación molecular permitió demostrar que gran parte de esta microbiota es no cultivable y posee una composición mucho más compleja de lo que se creía inicialmente (Fernández et al., 2020; Han et al., 2009). La microbiota de la leche humana participa activamente en la colonización intestinal temprana, la modulación inmunológica y el establecimiento de un ecosistema intestinal saludable en el recién nacido (Jiménez et al., 2015).

No obstante, en el contexto de los bancos de leche humana surge un desafío importante: equilibrar la seguridad microbiológica con la preservación de los componentes bioactivos y microorganismos beneficiosos presentes en la leche humana. Procesos como la pasteurización tipo Holder reducen significativamente la carga bacteriana y eliminan microorganismos patógenos, pero también afectan la microbiota nativa y ciertos componentes inmunológicos (Peila et al., 2016).

Por ello, resulta fundamental comprender la composición, origen y funciones de la microbiota de la leche humana, así como los factores que modifican su estructura y las implicaciones clínicas derivadas de su alteración. El objetivo de esta revisión es analizar la composición de la microbiota bacteriana en la leche humana y en los bancos de leche, así como sus implicaciones para la seguridad microbiológica y la salud neonatal.

COMPOSICION DE LA LECHE HUMANA. La leche humana es un fluido biológico dinámico cuya composición varía de acuerdo a diversos factores, entre ellos la edad gestacional, el tiempo posparto, la dieta materna y el estado de salud de la madre y del lactante.(Gómez-Gallego et al., 2016) Está compuesta principalmente por agua, proteínas, lípidos, carbohidratos, ácidos grasos, vitaminas y minerales, pero también contiene una amplia variedad de componentes bioactivos que desempeñan funciones inmunológicas, metabólicas y antimicrobianas.

Entre estos componentes, destacan los oligosacáridos libres de la leche humana (Human Milk Oligosaccharides, HMO), reconocidos como elementos clave para la modulación de la microbiota intestinal neonatal. Los HMO actúan como prebióticos selectivos, promoviendo el crecimiento de bacterias beneficiosas como *Bifidobacterium* y *Lactobacillus*, y dificultando la adhesión de microorganismos patógenos al epitelio intestinal. Además, la leche materna incluye inmunoglobulinas, lactoferrina, lisozima, citoquinas, factores de crecimiento y vesículas extracelulares, contribuyendo activamente a la maduración inmunológica del recién nacido (Doare et al., 2018).

De manera complementaria, la leche posee una microbiota propia, compuesta principalmente por bacterias de los géneros *Streptococcus*, *Staphylococcus*, *Lactobacillus*, *Lactococcus*, *Bifidobacterium* y *Micrococcus*. (Dombrowska-Pali et al., 2024). La interacción entre microorganismos, oligosacáridos y componentes inmunológicos convierte a la leche humana en un sistema biológico altamente especializado que contribuye al desarrollo de la microbiota intestinal y a la regulación de las interacciones huésped-microorganismo durante los primeros meses de vida (Hurley & Theil, 2011; Xu et al., 2024).

MICROBIOTA DE LA LECHE HUMANA. La colonización del tracto gastrointestinal neonatal constituye un proceso complejo influenciado por diversos factores perinatales y ambientales. Entre los principales determinantes se encuentran el tipo de parto, la edad gestacional, el uso de antibióticos, la alimentación y la exposición ambiental temprana (Pannaraj et al., 2017; Zimmermann & Curtis, 2018).

La microbiota bacteriana de la leche humana está constituida por una comunidad compleja y variable en la que se han identificado tanto microorganismos comensales potencialmente beneficiosos como bacterias asociadas a la piel, cavidad oral, tracto gastrointestinal y ambiente. Entre los géneros reportados con mayor frecuencia se encuentran *Streptococcus*, *Staphylococcus*, *Lactobacillus*, *Lactococcus* y *Bifidobacterium*, mientras que estudios basados en técnicas de secuenciación han identificado además géneros como *Serratia*, *Pseudomonas*, *Corynebacterium*, *Ralstonia*, *Cutibacterium*, *Sphingomonas* y *Bradyrhizobium* (Dombrowska-Pali et al., 2024; Gómez-Gallego et al., 2016). La presencia de estos microorganismos no necesariamente representa contaminación, ya que algunos forman parte de comunidades microbianas asociadas a la leche humana, mientras que otros pueden proceder de fuentes maternas o ambientales. La Tabla 1 resume los principales microorganismos descritos en la leche humana, sus posibles fuentes de origen, características y relevancia para los bancos de leche humana.

Se estima que aproximadamente entre un 25 % y un 30% de la microbiota intestinal del lactante puede originarse a partir de la leche humana, diversos estudios sugieren que la leche humana favorece un ambiente intestinal ácido debido a la producción de metabolitos bacterianos derivados de bifidobacterias y lactobacilos. Esta acidificación contribuye a limitar el crecimiento de microorganismos potencialmente patógenos y favorece la maduración inmunológica intestinal. Asimismo, se ha demostrado que la influencia de la leche humana no se limita al intestino, sino que también impacta la microbiota oral, nasofaríngea y respiratoria del neonato.(Selma-Royo et al., 2021).

Tabla 1. Principales microorganismos identificados en la leche humana, posibles fuentes de origen y relevancia para los bancos de leche humana.

Microorganismo	Origen / Fuente	Características	Relevancia / Observaciones	Referencias
Streptococcus spp.	Cavidad oral del lactante y microbiota materna	Género frecuentemente identificado en leche humana; incluye especies asociadas con la cavidad oral y otras con comportamiento oportunista.	Forma parte de la microbiota frecuentemente detectada; su interpretación debe considerar especie, abundancia y contexto clínico.	LaTuga et al., 2014; Dombrowska-Pali et al., 2024; Stinson et al., 2021
Staphylococcus spp.	Principalmente piel y areola materna	Incluye especies comensales de la piel como <i>S. epidermidis</i> , <i>S. hominis</i> y <i>S. haemolyticus</i> .	Puede formar parte de la microbiota nativa; sin embargo, especies como <i>S. aureus</i> tienen importancia como microorganismos potencialmente patógenos.	Jiménez et al., 2015; Dombrowska-Pali et al., 2024; Beghetti et al., 2022

Lactobacillus spp.	Microbiota materna y posible ruta enteromamaria	Bacterias ácido-lácticas capaces de producir metabolitos que pueden contribuir a un ambiente intestinal desfavorable para microorganismos potencialmente patógenos.	Potencialmente beneficiosos y de interés como candidatos probióticos; su conservación durante el procesamiento constituye un área de investigación.	Soto et al., 2014; Gómez-Gallego et al., 2016; Liu et al., 2020
Bifidobacterium spp.	Posible ruta enteromamaria; microbiota materno	Bacterias asociadas con la colonización intestinal neonatal y utilización de componentes de la leche humana, incluidos oligosacáridos.	Su presencia resulta de interés por su posible contribución a la colonización intestinal; puede disminuir después del procesamiento térmico.	LaTuga et al., 2014; Stinson et al., 2021; Ocampo-Chih et al., 2025
Bacteroides spp.	Tracto gastrointestinal materno; posible ruta enteromamaria	Bacterias anaerobias intestinales detectadas en leche humana.	Su presencia apoya la hipótesis de una conexión entre microbiota intestinal materna y leche humana; su significado funcional requiere mayor investigación.	LaTuga et al., 2014; Jiménez et al., 2015; Stinson et al., 2021
Cutibacterium spp.	Piel materna	Bacterias comensales de la piel, predominantemente anaerobias.	Su detección puede reflejar transferencia desde la piel durante la lactancia o extracción y constituye un ejemplo de la dificultad para diferenciar microbiota nativo de contaminación.	Jiménez et al., 2015; Dombrowska-Pali et al., 2024
Pseudomonas spp.	Ambiente y equipos de extracción	Bacterias Gram negativas ambientales, algunas de comportamiento oportunista.	P. aeruginosa presenta especial importancia para el control microbiológico y puede relacionarse con equipos de extracción insuficientemente desinfectados.	Moossavi et al., 2019; Beghetti et al., 2022
Bacillus cereus	Ambiente y contaminación durante manipulación	Bacteria Gram positiva formadora de esporas, con capacidad de sobrevivir a determinados tratamientos térmicos.	Microorganismo de especial importancia para los BLH debido a la resistencia de sus esporas y al riesgo de proliferación cuando existen condiciones inadecuadas de almacenamiento.	Lima et al., 2017

Staphylococcus aureus	Piel materna y manipulación	Coco Gram positivo; puede formar parte de la contaminación de origen cutáneo y presenta potencial patógeno.	Constituye un microorganismo de importancia para el control microbiológico de la leche donada; su forma vegetativa es susceptible a la pasteurización tipo Holder.	Beghetti et al., 2022; Hamprecht et al., 2004
Enterobacteriaceae	Tracto gastrointestinal, ambiente y contaminación	Familia de bacterias Gram negativas que incluye especies comensales y potencialmente patógenas.	Su detección puede ser indicativa de contaminación y debe interpretarse en conjunto con los controles microbiológicos establecidos por los BLH.	Pannaraj et al., 2017; Soto et al., 2014; Moossavi et al., 2019

FACTORES QUE AFECTAN LA MICROBIOTA DE LA LECHE HUMANA.

La composición de la microbiota de la leche humana presenta importantes variaciones interindividuales. Entre los factores más relevantes que inciden en esta variabilidad se encuentran:

Edad gestacional: se han descrito diferencias en la composición microbiana de la leche proveniente de madres de recién nacidos prematuros y de término. Algunas investigaciones han reportado menor abundancia de *Bifidobacterium* y mayor presencia de enterobacterias y *Clostridium* en leche asociada a prematuridad (Soto et al., 2014).

Etapas de lactancia: la composición microbiana varía según el momento posparto. El calostro suele contener mayor abundancia de *Lactobacillus* y *Bifidobacterium* (76.9% y 48.6%, respectivamente) en comparación con leche tipo madura, mientras que en ésta última se presenta un incremento relativo de otros géneros bacterianos como *Veillonella* y *Prevotella* (Dombrowska-Pali et al., 2024; Gomez-Gallego et al., 2016; Khodayar-Pardo et al., 2014; Soto et al., 2014)

Tipo de parto: el parto vaginal se asocia con una mayor presencia de *Lactobacillus* y *Bifidobacterium*, probablemente debido a la exposición del neonato a la microbiota vaginal materna durante el paso por el canal de parto. En contraste, los recién nacidos por cesárea presentan una microbiota dominada principalmente por bacterias normalmente abundantes en la superficie de la piel como *Staphylococcus*, así como una menor abundancia de bacterias anaerobias beneficiosas. Como consecuencia, suelen mostrar una mayor colonización por microorganismos como *Clostridium*, *Cutibacterium* y *Corynebacterium* (Jiménez et al., 2015; Khodayar-Pardo et al., 2014). Se ha observado que el tipo de parto podría afectar la concentración de macronutrientes, además se sugiere que durante el parto se puede provocar un aumento en la permeabilidad intestinal permitiendo mayor translocación de bacterias hacia la leche materna (Powe et al., 2010; Zimmermann & Curtis, 2020).

Uso de antibióticos: la exposición materna a antibióticos durante el embarazo o el parto puede modificar significativamente la microbiota de la leche humana, especialmente mediante la reducción de lactobacilos y bifidobacterias (Consales et al., 2022; Dombrowska-Pali et al., 2024; Gomez-Gallego et al., 2016).

Factores geográficos y ambientales: la dieta materna, el estilo de vida, el clima y el entorno geográfico también influyen sobre la composición bacteriana de la leche humana. Por ejemplo, se ha descrito mayor abundancia de *Lactobacillus* en mujeres provenientes de zonas rurales (Consales et al., 2022; Dombrowska-Pali et al., 2024)

Tipo de alimentación: los lactantes alimentados exclusivamente con leche materna presentan un predominio de bacterias pertenecientes a los géneros *Bifidobacterium*, *Streptococcus* y *Staphylococcus*. En contraste, los niños alimentados con fórmula suelen presentar una microbiota más diversa, con mayor abundancia de *Bacteroides*, *Clostridium*, *Enterobacteriaceae* y *Enterococcus* (Zimmermann & Curtis, 2018, 2020).

ORIGEN DE LA MICROBIOTA DE LA LECHE HUMANA. El origen de la microbiota de la leche humana continúa siendo motivo de investigación. Actualmente se proponen tres mecanismos principales (LaTuga et al., 2014):

Transferencia desde la cavidad oral del lactante: durante la lactancia ocurre un flujo retrógrado desde la cavidad oral del lactante hacia los conductos galactóforos, fenómeno que permitiría la transferencia de bacterias orales hacia la glándula mamaria. La presencia en la leche humana de microorganismos comúnmente encontrados en la cavidad oral, como *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus mitis* y *Rothia mucilaginosa*, respalda esta teoría (Dombrowska-Pali et al., 2024; Guaraldi & Salvatori, 2012).

Para sustentar estos mecanismos de transferencia microbiana, se han realizado estudios comparativos entre la microbiota de la piel areolar materna, la leche humana y las heces del lactante. En estos trabajos se observó que en la leche materna predominan bacterias pertenecientes al filo *Proteobacteria* (principalmente *Moraxellaceae*, *Enterobacteriaceae* y *Pseudomonadaceae*), mientras que en la piel predominan bacterias del filo *Firmicutes*, como *Staphylococcaceae* y *Streptococcaceae*. Por otro lado, las enterobacterias y bifidobacterias representaron más del 50 % de las bacterias presentes en las heces infantiles. Asimismo, se determinó que el tiempo de exposición a la lactancia materna influye significativamente sobre la composición de la microbiota intestinal neonatal, observándose durante el primer mes de vida una mayor predominancia de bacterias provenientes de la piel areolar y de la propia leche materna, situación que cambia progresivamente conforme avanza el desarrollo del lactante (Pannaraj et al., 2017)

Transferencia desde la piel materna: la microbiota cutánea materna también puede colonizar la leche humana debido al contacto directo durante el amamantamiento y la extracción de leche. Se puede suponer que la microbiota bacteriana de la piel coloniza la glándula mamaria a través del pezón esto porque se han encontrado gran cantidad de bacterias comensales de piel humana como *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus hominis* y *Staphylococcus haemolyticus*. Situación que no ocurre en los lactantes alimentados con fórmula.(Dombrowska-Pali et al., 2024; Jiménez et al., 2015)

Ruta enteromamaria: la literatura indica que el microbioma de la leche materna comparte características con el microbioma del tracto gastrointestinal de la madre lactante. Esta teoría propone que bacterias provenientes del tracto gastrointestinal materno son transportadas por células dendríticas y otras células inmunológicas a través del sistema linfático hasta la glándula mamaria. Esta hipótesis explica la presencia de bacterias anaerobias estrictas como *Bifidobacterium*, *Veillonella* y *Bacteroides* en la leche humana (Dombrowska-Pali et al., 2024; Jiménez et al., 2015; Stinson et al., 2021).

BANCOS DE LECHE HUMANA Y PASTEURIZACION. Los bancos de leche humana (BLH) tienen como objetivo garantizar el acceso seguro y oportuno a leche donada para recién nacidos hospitalizados, especialmente prematuros y neonatos de muy bajo peso al nacer. En condiciones normales, se espera que la madre sea capaz de suplir las necesidades nutricionales de su hijo mediante la lactancia materna; sin embargo, en muchos casos de prematuridad existe dificultad para instaurar adecuadamente la lactogénesis II o en ocasiones la producción de leche es insuficiente durante los primeros días posparto. En estas circunstancias, los BLH desempeñan un papel fundamental al proporcionar leche humana donada mientras la madre logra establecer una producción láctea adecuada (Kantorowska et al., 2016).

El procedimiento más utilizado para garantizar la inocuidad microbiológica de la leche humana donada es la pasteurización tipo Holder, la cual consiste en calentar la leche a 62,5 °C durante 30 minutos (Updegrave et al., 2020). Este método ha demostrado una alta eficacia en la eliminación de microorganismos patógenos en su forma vegetativa, incluidos *Staphylococcus aureus*, *Salmonella spp.*, *Listeria monocytogenes* y *Cronobacter sakazakii*, logrando reducir la carga microbiana inicial hasta en 5 logaritmos (Hamprecht et al., 2004; Liang et al., 2023; Mohamed et al., 2026).

Sin embargo este método presenta varios desafíos microbiológicos en los BLH uno de los principales corresponde a *Bacillus cereus*, microorganismo esporulado capaz de sobrevivir al proceso de pasteurización y proliferar posteriormente bajo condiciones inadecuadas de almacenamiento (Lima et al., 2017). Además, la pasteurización reduce de manera significativa la microbiota nativa de la leche humana, afectando tanto bacterias potencialmente patógenas como microorganismos beneficiosos (Ocampo-Chih et al., 2025).

Aunque muchos de estos microorganismos nativos dejan de ser viables, se cree que sus componentes estructurales podrían continuar ejerciendo efectos inmunomoduladores en el lactante y contribuir al establecimiento de una microbiota intestinal simbiótica. Asimismo, se ha descrito que la composición bacteriana de la leche cambia después de la pasteurización; por ejemplo, en la leche cruda suele predominar *Staphylococcus*, mientras que en la leche pasteurizada se ha observado un aumento relativo de *Streptococcus* y *Pseudomonas*. (Beghetti et al., 2022; García-González et al., 2022). Aún persisten importantes vacíos de conocimiento en este campo, debido a que la mayoría de investigaciones se han enfocado principalmente en los efectos nutricionales e inmunológicos de la pasteurización, prestando menor atención a las modificaciones en la microbiota de la leche humana.

La pasteurización también genera efectos adversos sobre algunos componentes bioactivos de la leche humana. Entre ellos destacan la disminución de inmunoglobulina A secretora, lisozima, lactoferrina y ciertas enzimas con actividad inmunológica (Peila et al., 2016a; Pitino et al., 2023). A pesar de ello, la leche humana pasteurizada continúa mostrando ventajas clínicas importantes en comparación con la alimentación mediante fórmula (Hamprecht et al., 2004; Liang et al., 2023; Mohamed et al., 2026).

CONTAMINACION BACTERIANA EN LECHE HUMANA. Las principales fuentes de contaminación bacteriana de la leche humana incluyen la manipulación durante la extracción, el almacenamiento, los extractores de leche y el ambiente hospitalario (Moossavi & Azad, 2020). Asimismo, el contacto directo con la piel tanto de la madre como del personal de salud durante el internamiento constituye una fuente importante de microorganismos potencialmente patógenos. De igual manera, los métodos de alimentación mediante vaso o por vía nasofaríngea y orogástrica pueden favorecer la contaminación bacteriana (Beghetti et al., 2022). Entre los microorganismos frecuentemente asociados a contaminación se encuentran *Staphylococcus aureus* y *Pseudomonas aeruginosa*, este último especialmente relacionado con equipos de extracción de leche insuficientemente desinfectados. (Beghetti et al., 2022; Moossavi et al., 2019)

En neonatos prematuros, la inmadurez inmunológica aumenta la susceptibilidad frente a infecciones asociadas a leche contaminada (Saleh-Lakha et al., 2017). Por ello, los bancos de leche humana deben implementar estrictos protocolos de control microbiológico, higiene, cadena de frío y monitoreo bacteriológico (Cormontagne et al., 2021; X. Y. Liu et al., 2020).

IMPLICACIONES CLINICAS. La microbiota de la leche humana desempeña un papel fundamental en la prevención de enfermedades inflamatorias e infecciosas del neonato. Los beneficios clínicos de la lactancia materna están ampliamente documentados e incluyen la reducción de la mortalidad y morbilidad asociadas a enfermedades infecciosas, menor incidencia de infecciones gastrointestinales y respiratorias, disminución del riesgo de enterocolitis necrotizante y menor prevalencia de enfermedades alérgicas y metabólicas.

Asimismo, la interacción entre la microbiota de la leche humana y el sistema inmunológico neonatal contribuye al establecimiento de un ecosistema intestinal saludable y a la modulación de la respuesta inflamatoria (J.iang et al., 2017; Walker & Meng, 2020). A largo plazo, la lactancia materna también se ha asociado con una reducción en el riesgo de obesidad, diabetes mellitus tipo 2 y ciertas enfermedades autoinmunes (Gómez-Gallego et al., 2016; Horta et al., 2015; Togo et al., 2019; Zimmermann & Curtis, 2020).

La enterocolitis necrotizante (ECN) constituye una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en recién nacidos prematuros. Se trata de una inflamación intestinal grave caracterizada por una respuesta inmunológica inmadura que no logra diferenciar adecuadamente entre bacterias comensales y patógenas, lo que desencadena una respuesta inflamatoria excesiva y daño tisular intestinal. (J.iang et al., 2017). Esta patología se ha asociado con alteraciones en la microbiota intestinal neonatal; sin embargo, diversos estudios han demostrado que el uso de leche humana contribuye a disminuir su incidencia y gravedad en esta población vulnerable (Lee & Polin, 2003). Se sugiere que la leche humana y determinadas bacterias probióticas, especialmente *Bifidobacterium infantis* y *Lactobacillus acidophilus* previenen la aparición de ECN al acelerar la maduración de los genes de la respuesta inmune innata intestinal (Ganguli et al., 2013). Además, la leche materna favorece la colonización de bacterias protectoras, aumentando la producción de IgA reduciendo también la inflamación intestinal (Walker & Meng, 2020; Olivares et al., 2006).

La lactancia materna exclusiva y prolongada se ha asociado con un mejor desarrollo cognitivo infantil (Ibrahim et al., 2019). La colonización microbiana temprana ejerce efectos persistentes sobre el microbioma intestinal y la salud futura del individuo. Las primeras bacterias que colonizan el intestino neonatal influyen en el establecimiento y selección de microorganismos posteriores, dejando una huella biológica detectable incluso en la edad adulta. En este contexto, se ha identificado la presencia de bacterias como *Veillonella* y *Rothia*, provenientes de la leche materna, las cuales se han relacionado con una menor incidencia de asma infantil. Estos hallazgos sugieren que la colonización temprana mediada por bacterias derivadas de la leche humana podría constituir un importante factor de protección para la salud neonatal e infantil. (Ding & Schloss, 2014; Pannaraj et al., 2017).

PERSPECTIVAS FUTURAS. Para lograr una correcta colonización y consecuente desarrollo de una microbiota adecuada en un neonato es primordial contar con una alimentación correcta especialmente en los primeros días de vida. Las investigaciones actuales se enfocan en estrategias destinadas a restaurar o preservar la microbiota beneficiosa de la leche humana donada, es por esto que la comunidad científica habla cada vez más del concepto de suplementación con bacterias beneficiosas y o prebióticos que aporten mayor valor a la leche humana pasteurizada (Tran et al., 2020).

Otra estrategia propuesta es la inoculación directa de probióticos aislados de leche humana, principalmente bifidobacterias y lactobacilos. El desarrollo de colecciones de cepas seguras y beneficiosas permitiría generar una microbiota láctea sintética capaz de favorecer una adecuada colonización intestinal neonatal (W. Liu et al., 2020). Una de las principales ventajas de esta técnica respecto a la transferencia de leche materna homóloga es que, al tratarse de una inoculación controlada, se reduce el riesgo de exposición a microorganismos potencialmente patógenos presentes en la leche humana nativa. No obstante, la transferencia de una comunidad microbiana más amplia proveniente de la leche materna podría favorecer un desarrollo inmunológico más semejante al observado durante la lactancia materna convencional (Hick et al., 2024).

Asimismo, se investiga el trasplante integral del microbioma de la leche humana y el desarrollo de tecnologías que permitan personalizar la composición nutricional y microbiológica de la leche donada según las necesidades específicas de cada neonato (Stinson et al., 2024).

A pesar de que la leche materna constituye la opción de elección para la alimentación neonatal, especialmente en recién nacidos prematuros y de bajo peso al nacer, en muchos casos su contenido de macronutrientes puede resultar insuficiente para satisfacer los elevados requerimientos calóricos y nutricionales de esta población, por lo que frecuentemente es necesaria su fortificación (Maggio et al., 2009). En este contexto, resulta fundamental implementar tecnologías que permitan analizar con precisión la composición de la leche humana y determinar adecuadamente las necesidades de fortificación y modulación tanto de la leche humana donada pasteurizada como de la leche homóloga. Para este propósito, se han propuesto los analizadores infrarrojos comerciales de leche como herramientas prácticas y eficientes para cuantificar el contenido de macronutrientes. Sin embargo, debido a que estos equipos fueron desarrollados originalmente para la industria láctea, es indispensable validarlos utilizando un número representativo de muestras de leche humana que reflejen la amplia variabilidad en la composición nutricional entre la leche de madres de recién nacidos prematuros y la de neonatos a término (Fusch et al., 2017).

En consecuencia, el futuro de los bancos de leche humana probablemente estará orientado hacia modelos de nutrición neonatal personalizada, capaces de integrar seguridad microbiológica, preservación de componentes bioactivos y modulación dirigida de la microbiota, con el objetivo de optimizar los resultados clínicos en los recién nacidos más vulnerables. Para alcanzar este objetivo, es fundamental conocer e identificar los principales microorganismos que conforman la microbiota de la leche humana, así como comprender su origen, funciones y regulación dentro de los bancos de leche. Asimismo, resulta crucial evaluar los riesgos y beneficios asociados tanto a la presencia como a la ausencia de estos microorganismos, con el fin de mantener un adecuado equilibrio entre bacterias comensales y microorganismos potencialmente patógenos durante las distintas etapas del procesamiento de la leche humana.

VACÍOS DE CONOCIMIENTO Y RETOS PARA LOS BANCOS DE LECHE HUMANA EN COSTA RICA.

A pesar del creciente conocimiento sobre la microbiota de la leche humana, persisten vacíos que limitan su comprensión y aplicación en los bancos de leche humana (BLH). La elevada variabilidad interindividual, asociada con factores como la edad gestacional, etapa de lactancia, tipo de parto, uso de antibióticos y condiciones ambientales, junto con las diferencias metodológicas entre estudios, dificulta establecer una composición microbiana de referencia y comparar resultados entre poblaciones (Consales et al., 2022; Dombrowska-Pali et al., 2024; Gomez-Gallego et al., 2016; Zimmermann & Curtis, 2020).

Otro desafío es diferenciar la microbiota residente de los microorganismos incorporados durante la extracción, manipulación, almacenamiento o procesamiento. Debido a que la leche humana es una muestra de baja biomasa bacteriana, la contaminación puede influir en los perfiles obtenidos. Además, la detección de ADN bacteriano no necesariamente indica la presencia de microorganismos viables, lo que resalta la necesidad de complementar las técnicas moleculares con metodologías que permitan evaluar viabilidad y función (Dombrowska-Pali et al., 2024; Stinson et al., 2021; Moossavi et al., 2019).

Asimismo, se requiere mayor evidencia sobre la relación entre la microbiota de la leche humana y los desenlaces clínicos de los recién nacidos prematuros. Aunque la alimentación con leche humana se ha asociado con beneficios clínicos, todavía es limitado el conocimiento sobre qué microorganismos o funciones microbianas contribuyen directamente a estos efectos y cómo el procesamiento de la leche donada puede modificarlos (Pannaraj et al., 2017; Walker & Meng, 2020; Ocampo-Chih et al., 2025).

En Costa Rica, estos desafíos adquieren particular relevancia debido a la necesidad de fortalecer la seguridad y calidad de la leche humana donada dentro de la red nacional de BLH. Los esfuerzos desarrollados en el país se han concentrado, entre otros aspectos, en el establecimiento y fortalecimiento de procedimientos de control, trazabilidad, manipulación y análisis microbiológico de la leche donada. Actualmente, investigaciones nacionales han incorporado el desarrollo de metodologías específicas para la detección de *Bacillus cereus*, uno de los microorganismos de especial interés para la seguridad de la leche humana procesada. Estos avances representan una oportunidad para generar evidencia local que complemente el conocimiento internacional y permita evaluar las características microbiológicas de la leche de las donantes costarricenses y los cambios que ocurren durante las diferentes etapas de extracción, transporte, almacenamiento y procesamiento (Viquez Barrantes et al., 2023).

La generación de datos nacionales permitiría establecer perfiles microbiológicos propios de la población atendida, identificar microorganismos potencialmente beneficiosos o asociados a contaminación y evaluar el impacto de las diferentes etapas del procesamiento sobre la microbiota.

Asimismo, la incorporación de metodologías moleculares complementarias a los análisis microbiológicos convencionales podría contribuir a una caracterización más completa de la microbiota presente en la leche humana y a una mejor comprensión de los cambios producidos durante el procesamiento (Cormontagne et al., 2021; Dombrowska-Pali et al., 2024). Estudios realizados en población costarricense han caracterizado longitudinalmente la microbiota de la leche humana, evidenciando variaciones en su composición bacteriana durante el período de lactancia (Solís Salazar et al., 2025).

Por tanto, uno de los principales retos futuros para los BLH consiste en avanzar desde un modelo centrado exclusivamente en la eliminación de microorganismos potencialmente patógenos hacia un modelo que, sin comprometer la seguridad microbiológica, considere también la conservación de características microbiológicas potencialmente beneficiosas. Este enfoque requerirá ampliar los estudios longitudinales y multicéntricos que integren microbiología, secuenciación, características maternas, condiciones de procesamiento y desenlaces clínicos neonatales. De igual manera, será necesario determinar si las modificaciones de la microbiota producidas por las diferentes estrategias de procesamiento tienen consecuencias clínicamente relevantes para los recién nacidos prematuros (Moro et al., 2024; Conboy-Stephenson et al., 2024; Stinson et al., 2024).

BIBLIOGRAFÍA

Beghetti, I., Barone, M., De Fazio, L., Laderchi, E., Biagi, E., Turrone, S., Brigidi, P., Pession, A., Corvaglia, L., & Aceti, A. (2022). A Pilot Study on Donor Human Milk Microbiota: A Comparison with Preterm Human Milk Microbiota and the Effect of Pasteurization. *Nutrients*, 14(12). <https://doi.org/10.3390/nu14122483>

Cacho, N. T., Harrison, N. A., Parker, L. A., Padgett, K. A., Lemas, D. J., Marcial, G. E., Li, N., Carr, L. E., Neu, J., & Lorca, G. L. (2017). Personalization of the microbiota of donor human milk with mother's own milk. *Frontiers in Microbiology*, 8(AUG). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01470>

Consales, A., Cerasani, J., Sorrentino, G., Morniroli, D., Colombo, L., Mosca, F., & Gianni, M. L. (2022). The hidden universe of human milk microbiome: origin, composition, determinants, role, and future perspectives. *In European Journal of Pediatrics* (Vol. 181, Number 5, pp. 1811–1820). Springer Science and Business Media Deutschland GmbH. <https://doi.org/10.1007/s00431-022-04383-1>

Cormontagne, D., Rigourd, V., Vidic, J., Rizzotto, F., Bille, E., & Ramarao, N. (2021). *Bacillus cereus* Induces Severe Infections in Preterm Neonates: Implication at the Hospital and Human Milk Bank Level. *In Toxins* (Vol. 13, Number 2). MDPI. <https://doi.org/10.3390/TOXINS13020123>

Ding, T., & Schloss, P. D. (2014). Dynamics and associations of microbial community types across the human body. *Nature*, 509(7500), 357–360. <https://doi.org/10.1038/nature13178>

Doare, K. Le, Holder, B., Bassett, A., & Pannaraj, P. S. (2018). Mother's Milk: A purposeful contribution to the development of the infant microbiota and immunity. *In Frontiers in Immunology* (Vol. 9, Number FEB). Frontiers Media S.A. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2018.00361>

Dombrowska-Pali, A., Wiktorczyk-Kapischke, N., Chruszek, A., Olszewska-Słonina, D., Gospodarek-Komkowska, E., & Socha, M. W. (2024). Human Milk Microbiome-A Review of Scientific Reports. *In Nutrients* (Vol. 16, Number 10). <https://doi.org/10.3390/nu16101420>

Fernández, L., Pannaraj, P. S., Rautava, S., & Rodríguez, J. M. (2020). The Microbiota of the Human Mammary Ecosystem. *In Frontiers in Cellular and Infection Microbiology* (Vol. 10). Frontiers Media S.A. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2020.586667>

Fusch, G., Kwan, C., Kotrri, G., & Fusch, C. (2017). "Bed Side" Human Milk Analysis in the Neonatal Intensive Care Unit: A Systematic Review. *In Clinics in Perinatology* (Vol. 44, Number 1, pp. 209–267). W.B. Saunders. <https://doi.org/10.1016/j.clp.2016.11.001>

Ganguli, K., Meng, D., Rautava, S., Lu, L., Walker, W. A., & Nanthakumar, N. (2013a). Probiotics prevent necrotizing enterocolitis by modulating enterocyte genes that regulate innate immune-mediated inflammation. *American Journal of Physiology - Gastrointestinal and Liver Physiology*, 304(2). <https://doi.org/10.1152/ajpgi.00142.2012>

- García-González, I., Corona-Cervantes, K., Hernández-Quiroz, F., Villalobos-Flores, L. E., Galván-Rodríguez, F., Romano, M. C., Miranda-Brito, C., Piña-Escobedo, A., Borquez-Arreortúa, F. G., Rangel-Calvillo, M. N., & García-Mena, J. (2022). The Influence of Holder Pasteurization on the Diversity of the Human Milk Bacterial Microbiota Using High-Throughput DNA Sequencing. *Journal of Human Lactation*, 38(1), 118–130. <https://doi.org/10.1177/08903344211011946>
- Gomez-Gallego, C., Garcia-Mantrana, I., Salminen, S., & Collado, M. C. (2016). The human milk microbiome and factors influencing its composition and activity. In *Seminars in Fetal and Neonatal Medicine* (Vol. 21, Number 6, pp. 400–405). W.B. Saunders Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.siny.2016.05.003>
- Guaraldi, F., & Salvatori, G. (2012). Effect of breast and formula feeding on gut microbiota shaping in newborns. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 2, 94. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2012.00094>
- Hamprecht, K., Maschmann, J., Müller, D., Dietz, K., Besenthal, I., Goelz, R., Middeldorp, J. M., Speer, C. P., & Jahn, G. (2004). Cytomegalovirus (CMV) inactivation in breast milk: Reassessment of pasteurization and freeze-thawing. *Pediatric Research*, 56(4), 529–535. <https://doi.org/10.1203/01.PDR.0000139483.35087.BE>
- Han, Y. W., Shen, T., Chung, P., Buhimschi, I. A., & Buhimschi, C. S. (2009). Uncultivated bacteria as etiologic agents of intra-amniotic inflammation leading to preterm birth. *Journal of Clinical Microbiology*, 47(1), 38–47. <https://doi.org/10.1128/JCM.01206-08>
- Herson, M., & Weaver, G. (2024). A comparative review of human milk banking and national tissue banking programs. *Maternal and Child Nutrition*, 20(S4). <https://doi.org/10.1111/mcn.13584>
- Hick, E., Suárez, M., Rey, A., Mantecón, L., Fernández, N., Solís, G., Gueimonde, M., & Arboleya, S. (2024). Personalized Nutrition with Banked Human Milk for Early Gut Microbiota Development: In Pursuit of the Perfect Match. In *Nutrients* (Vol. 16, Number 13). Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI). <https://doi.org/10.3390/nu16131976>
- Horta, B. L., Loret De Mola, C., & Victora, C. G. (2015). Long-term consequences of breastfeeding on cholesterol, obesity, systolic blood pressure and type 2 diabetes: A systematic review and meta-analysis. In *Acta Paediatrica, International Journal of Paediatrics* (Vol. 104, pp. 30–37). Blackwell Publishing Ltd. <https://doi.org/10.1111/apa.13133>
- Hurley, W. L., & Theil, P. K. (2011). Perspectives on immunoglobulins in colostrum and milk. In *Nutrients* (Vol. 3, Number 4, pp. 442–474). <https://doi.org/10.3390/nu3040442>
- Ibrahim, S. H., Abd El-Ghany, S. M., El Shafie, T. M., & El Hady, M. (2019). Cognitive Functions in Breastfed versus Artificially Fed in Preschool Children. *The Egyptian Journal of Hospital Medicine*, 77(5), 5742–5751. <https://doi.org/10.21608/ejhm.2019.63230>
- Jiang, F., Meng, D., Weng, M., Zhu, W., Wu, W., Kasper, D., & Walker, W. A. (2017). The symbiotic bacterial surface factor polysaccharide A on *Bacteroides fragilis* inhibits IL-1 β -induced inflammation in human fetal enterocytes via toll receptors 2 and 4. *PLoS ONE*, 12(3). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0172738>
- Jiménez, E., De Andrés, J., Manrique, M., Pareja-Tobes, P., Tobes, R., Martínez-Blanch, J. F., Codoñer, F. M., Ramón, D., Fernández, L., & Rodríguez, J. M. (2015). Metagenomic analysis of milk of healthy and mastitis-suffering women. *Journal of Human Lactation*, 31(3), 406–415. <https://doi.org/10.1177/0890334415585078>
- Kantorowska, A., Wei, J. C., Cohen, R. S., Lawrence, R. A., Gould, J. B., & Lee, H. C. (2016). Impact of donor milk availability on breast milk use and necrotizing enterocolitis rates. *Pediatrics*, 137(3). <https://doi.org/10.1542/peds.2015-3123>
- Khodayar-Pardo, P., Mira-Pascual, L., Collado, M. C., & Martínez-Costa, C. (2014). Impact of lactation stage, gestational age and mode of delivery on breast milk microbiota. *Journal of Perinatology*, 34(8), 599–605. <https://doi.org/10.1038/jp.2014.47>
- LaTuga, M. S., Stuebe, A., & Seed, P. C. (2014). A review of the source and function of microbiota in breast milk. In *Seminars in Reproductive Medicine* (Vol. 32, Number 1, pp. 68–73). Thieme Medical Publishers, Inc. <https://doi.org/10.1055/s-0033-1361824>
- Lee, J. S., & Polin, R. A. (2003). Treatment and prevention of necrotizing enterocolitis. *Seminars in Neonatology*, 8(6), 449–459. [https://doi.org/10.1016/S1084-2756\(03\)00123-4](https://doi.org/10.1016/S1084-2756(03)00123-4)
- Lima, H. K., Wagner-Gillespie, M., Perrin, M. T., & Fogleman, A. D. (2017). *Bacteria and Bioactivity in Holder Pasteurized and Shelf-Stable Human Milk Products*.
- Liu, W., Chen, M., Duo, L., Wang, J., Guo, S., Sun, H., Menghe, B., & Zhang, H. (2020). Characterization of potentially probiotic lactic acid bacteria and bifidobacteria isolated from human colostrum. *Journal of Dairy Science*, 103(5), 4013–4025. <https://doi.org/10.3168/jds.2019-17602>
- Liu, X. Y., Hu, Q., Xu, F., Ding, S. Y., & Zhu, K. (2020). Characterization of bacillus cereus in dairy products in China. In *Toxins* (Vol. 12, Number 7). MDPI AG. <https://doi.org/10.3390/toxins12070454>
- Maggio, L., Costa, S., & Gallini, F. (2009). Human milk fortifiers in very low birth weight infants. *Early Human Development*, 85(10 SUPPL.). <https://doi.org/10.1016/j.earlhumdev.2009.08.018>
- Mohamed, H. M. H., Liang, N., Lowder, A., Dallas, D. C., & Waite-Cusic, J. (2026). Comparative inactivation of *Listeria monocytogenes* in human and bovine milk treated with high-pressure processing and UV-C treatment and potential growth during refrigerated shelf-life. *Frontiers in Microbiology*, 17. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2026.1774372>

Moossavi, S., Sepehri, S., Robertson, B., Bode, L., Goruk, S., Field, C. J., Lix, L. M., de Souza, R. J., Becker, A. B., Mandhane, P. J., Turvey, S. E., Subbarao, P., Moraes, T. J., Lefebvre, D. L., Sears, M. R., Khafipour, E., & Azad, M. B. (2019). Composition and Variation of the Human Milk Microbiota Are Influenced by Maternal and Early-Life Factors. *Cell Host and Microbe*, 25(2), 324-335.e4. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2019.01.011>

Ocampo-Chih, C., Hendricks, H., Weitkamp, S., Gowda, N. S., Singh, H., Banerjee, R., Rajagopala, S. V., & Weitkamp, J. H. (2025). Impact of donor human milk pasteurization methods on the gut microbiome of preterm infants. *Pediatric Research*. <https://doi.org/10.1038/s41390-025-04386-2>

Pannaraj, P. S., Li, F., Cerini, C., Bender, J. M., Yang, S., Rollie, A., Adisetiyo, H., Zabih, S., Lincez, P. J., Bittinger, K., Bailey, A., Bushman, F. D., Sleasman, J. W., & Aldrovandi, G. M. (2017). Association between breast milk bacterial communities and establishment and development of the infant gut microbiome. *JAMA Pediatrics*, 171(7), 647-654. <https://doi.org/10.1001/jamapediatrics.2017.0378>

Peila, C., Moro, G. E., Bertino, E., Cavallarin, L., Giribaldi, M., Giuliani, F., Cresi, F., & Coscia, A. (2016). The effect of holder pasteurization on nutrients and biologically-active components in donor human milk: A review. In *Nutrients* (Vol. 8, Number 8). MDPI AG. <https://doi.org/10.3390/nu8080477>

Picaud, J. C., & Buffin, R. (2017). Human Milk—Treatment and Quality of Banked Human Milk. In *Clinics in Perinatology* (Vol. 44, Number 1, pp. 95-119). W.B. Saunders. <https://doi.org/10.1016/j.clp.2016.11.003>

Pitino, M. A., Beggs, M. R., O'connor, D. L., Doyen, A., Pouliot, Y., Elanie Sergius-Ronot, M., & Unger, S. (2023). Donor human milk processing and its impact on infant digestion: A systematic scoping review of in vitro and in vivo studies. <https://doi.org/10.17605/OSF.IO/PJTMW>

Powe, C. E., Knott, C. D., & Conklin-Brittain, N. (2010). Infant sex predicts breast milk energy content. *American Journal of Human Biology*, 22(1), 50-54. <https://doi.org/10.1002/ajhb.20941>

Saleh-Lakha, S., Leon-Velarde, C. G., Chen, S., Lee, S., Shannon, K., Fabri, M., Downing, G., & Keown, B. (2017). A study to assess the numbers and prevalence of bacillus cereus and its toxins in pasteurized fluid milk. *Journal of Food Protection*, 80(7), 1085-1089. <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-16-521>

Selma-Royo, M., Calvo Lerma, J., Cortés-Macías, E., & Collado, M. C. (2021). Human milk microbiome: From actual knowledge to future perspective. *Seminars in Perinatology*, 45(6). <https://doi.org/10.1016/j.semperi.2021.151450>

Ibrahim, S. H., Abd El -Ghany, S. M., El Shafie, T. M., & El Hady, M. (2019). Cognitive Functions in Breastfed versus Artificially Fed in Preschool Children. *The Egyptian Journal of Hospital Medicine*, 77(5), 5742-5751. <https://doi.org/10.21608/ejhm.2019.63230>

Solís Salazar K, Mejía González D, Bonilla Sandoval R, Marín Arias L, Campos Sánchez R. Caracterización longitudinal de la microbiota de la leche humana en madres costarricenses [póster]. V Encuentro Académico; 2025; San José, Costa Rica. Universidad de Costa Rica.

Soto, A., Martín, V., Jiménez, E., Mader, I., Rodríguez, J. M., & Fernández, L. (2014). Lactobacilli and bifidobacteria in human breast milk: Influence of antibiotherapy and other host and clinical factors. *Journal of Pediatric Gastroenterology and Nutrition*, 59(1), 78-88. <https://doi.org/10.1097/MPG.0000000000000347>

Stinson, L. F., Ma, J., Lai, C. T., Rea, A., Perrella, S. L., & Geddes, D. T. (2024). Milk microbiome transplantation: recolonizing donor milk with mother's own milk microbiota. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 108(1), 1-10. <https://doi.org/10.1007/s00253-023-12965-8>

Stinson, L. F., Sindi, A. S. M., Cheema, A. S., Lai, C. T., Mühlhäusler, B. S., Wlodek, M. E., Payne, M. S., & Geddes, D. T. (2021). The human milk microbiome: who, what, when, where, why, and how? *Nutrition Reviews*, 79(5), 529-543. <https://doi.org/10.1093/nutrit/nuaa029>

Togo, A., Dufour, J. C., Lagier, J. C., Dubourg, G., Raoult, D., & Million, M. (2019). Repertoire of human breast and milk microbiota: A systematic review. *Future Microbiology*, 14(7), 623-641. <https://doi.org/10.2217/fmb-2018-0317>

Torrez Lamberti, M. F., Harrison, N. A., Bendixen, M. M., DeBose-Scarlett, E. M., Thompson, S. C., Neu, J., Parker, L. A., & Lorca, G. L. (2021). Frozen Mother's Own Milk Can Be Used Effectively to Personalize Donor Human Milk. *Frontiers in Microbiology*, 12. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.656889>

Tran, H. T., Nguyen, T. T., & Mathisen, R. (2020). The use of human donor milk. *The BMJ*, 371. <https://doi.org/10.1136/bmj.m4243>

Updegrave, K., Jannette Festival, C., & Sakamoto, P. (2020a). HMBANA Standards for Donor Human Milk Banking: An Overview *HMBANA Guidelines Committee HMBANA Standards for Donor Human Milk Banking: An Overview*. www.hmbana.orginfo@hmbana.org

Updegrave, K., Jannette Festival, C., & Sakamoto, P. (2020b). HMBANA Standards for Donor Human Milk Banking: An Overview *HMBANA Guidelines Committee HMBANA Standards for Donor Human Milk Banking: An Overview*. www.hmbana.orginfo@hmbana.org

Viquez Barrantes, D., Incer González, A. I., Acosta, O., & Usaga, J. (2023). <https://www.alanrevista.org/ediciones/2023/1/art-4/>. *Archivos Latinoamericanos de Nutrición*, 73(1), 42-59. <https://doi.org/10.37527/2023.73.1.005>

Walker, W. A., & Meng, D. (2020). Breast Milk and Microbiota in the Premature Gut: A Method of Preventing Necrotizing Enterocolitis. *Nestle Nutrition Institute Workshop Series*, 94, 103-112. <https://doi.org/10.1159/000505337>

World Health Organization. (2025). *Global targets 2025. To improve maternal, infant and young child nutrition*. 2025.<https://doi.org/10.1016/j.chom.2019.01.011>

Xu, D., Zhou, S., Liu, Y., Scott, A. L., Yang, J., & Wan, F. (2024). Complement in breast milk modifies offspring gut microbiota to promote infant health. *Cell*, 187(3), 750-763.e20. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2023.12.019>

immermann, P., & Curtis, N. (2018a). Factors Influencing the Intestinal Microbiome during the First Year of Life. In *Pediatric Infectious Disease Journal* (Vol. 37, Number 12, pp. E315–E335). Lippincott Williams and Wilkins. <https://doi.org/10.1097/INF.0000000000002103>

Zimmermann, P., & Curtis, N. (2018b). Factors Influencing the Intestinal Microbiome during the First Year of Life. In *Pediatric Infectious Disease Journal* (Vol. 37, Number 12, pp. E315–E335). Lippincott Williams and Wilkins. <https://doi.org/10.1097/INF.0000000000002103>

Zimmermann, P., & Curtis, N. (2020). Breast milk microbiota: A review of the factors that influence composition. In *Journal of Infection* (Vol. 81, Number 1, pp. 17–47). W.B.Saunders Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.clp.2016.11.003>