RELACIÓN ENTRE LA EFICIENCIA ALIMENTARIA Y LA DIVERSIDAD BACTERIANA DEL RUMEN EN OVEJAS EN LACTACIÓN: ESTUDIO PRELIMINAR

Toral[1], P.G., Belenguer[1*], A., Hervás[1], G., Yáñez-Ruiz[2], D. y Frutos[1], P.
[1]Instituto de Ganadería de Montaña (CSIC-Universidad de León), Finca Marzanas s/n. 24346 Grulleros, León. [2]Estación Experimental del Zaidín (CSIC), Profesor Albareda, 1 18008 Granada; *a.belenguer@csic.es

INTRODUCCIÓN

En el contexto actual de búsqueda de una mayor productividad y sostenibilidad en ganadería, resulta de gran interés una utilización más eficiente de los alimentos, es decir, un incremento de la eficiencia alimentaria. En animales rumiantes, se reconoce ampliamente que uno de los factores importantes que afectan a dicha eficiencia es el microbioma del rumen (Carberry et al., 2012). En este sentido, se ha sugerido una posible relación con la diversidad microbiana, aunque aún existe una gran controversia acerca de si esta es mayor o menor en el rumen de los animales más eficientes (Cantalapiedra-Hijar et al., 2018; Patil et al., 2018). Además, los estudios que se han llevado a cabo en este aspecto son escasos y se han realizado en vacuno o en corderos en crecimiento (e. g., Shabat et al., 2016; Li y Guan, 2017; Patil et al., 2018), mientras que no se conocen datos en ovejas en lactación.

A partir de experimentos realizados en nuestro grupo con ovejas assaf en lactación, se seleccionaron aquellos en los que se había analizado individualmente la comunidad microbiana y los parámetros productivos, de forma que fuera posible estimar la eficiencia alimentaria, con el fin de examinar una posible relación entre esta y la diversidad bacteriana del rumen.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se tomaron datos de ingestión (kg MS/d), producción de leche (kg/d), contenido de proteína y grasa de la leche (g/kg), peso vivo (kg) y diversidad bacteriana (riqueza o número de fragmentos y los índices de Shannon y equidad - más conocido como “evenness” -, estimados a partir de la técnica del polimorfismo de la longitud de los fragmentos terminales de restricción, T-RFLP, y utilizando 3 enzimas de restricción, *Hha*I, *Msp*I y *Hae*III) de 2 experimentos realizados con ovejas assaf en lactación y descritos en artículos publicados por nuestro grupo (Frutos et al., 2014, 2017, 2018). A partir de esa información, que procedía de 35 animales, se estimó la eficiencia alimentaria, utilizando dos de las medidas más habituales, la ingestión de alimento residual (RFI) y la eficiencia de producción de leche (MPE). La RFI se define como la diferencia entre el consumo de alimento observado y el estimado. Este último se calculó a partir de las necesidades, determinadas mediante el sistema del AFRC (1993). Por otra parte, la MPE se define como: kg leche corregida por la energía (ECM; Tyrrel y Reid, 1965) / kg de MS ingerida (MSI).

La posible relación de dichas medidas de eficiencia (RFI y MPE) con los datos de diversidad bacteriana de esos mismos experimentos se estudió mediante análisis de regresión lineal utilizando el programa estadístico SAS (versión 9.4).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La RFI presentó un valor medio de 0,29±0,062 (media±error estándar) y osciló entre -0,75 y 1,01. Por definición, los animales más eficientes presentan una RFI más negativa (consumen menos alimento del esperado). Por otra parte, la MPE, que se considera un indicador del rendimiento productivo, mostró una media de 1,11±0,033 y se situó en un rango entre 0,81 y 1,47 kg ECM/kg MSI. A diferencia de la RFI, los valores más altos de esta medida corresponden a las ovejas más eficientes.

En el caso de la MPE, la regresión lineal fue estadísticamente significativa ($P<0,05$) en algunos casos (riqueza con *Hha*I y *Hae*III, índice Shannon con *Msp*I y *Hae*III, y equidad con *Hha*I y *Msp*I), aunque la R^2 no alcanzó valores elevados. La riqueza estimada utilizando la enzima *Hae*III fue la que mostró la mejor relación (Figura 1; $P<0,001$, $R^2=0,418$ y R^2 ajustada=0,401). Sin embargo, en la figura se observa que los datos de cada experimento se agruparon, lo que parece indicar que podría existir un cierto sesgo debido a que la información provenía solo de 2 ensayos. La producción media de leche fue un 34% mayor en uno de ellos, coincidiendo con una MPE también más alta (26%). La relación positiva entre producción de

leche y MPE es una de las limitaciones más conocidas de esta medida de la eficiencia (Connor, 2015). Por ello se prefiere normalmente la RFI, cuyo valor es menos sencillo de obtener, pero resulta genéticamente independiente del tamaño corporal (Crews, 2005) y no se encuentra influenciado por el nivel de producción, de ahí que se considere un posible reflejo de las variaciones en procesos metabólicos básicos (Archer et al., 1999). Sin embargo, con la RFI, la regresión lineal no fue significativa en ningún caso (P>0,10) y presentó valores de R^2 menores de 0,04. Como ejemplo del escaso vínculo entre la RFI y los índices de diversidad se presenta la relación con la riqueza obtenida empleando la enzima *Hha*I (Figura 2; P=0,32, R^2=0,031 y R^2 ajustada=0,0003).

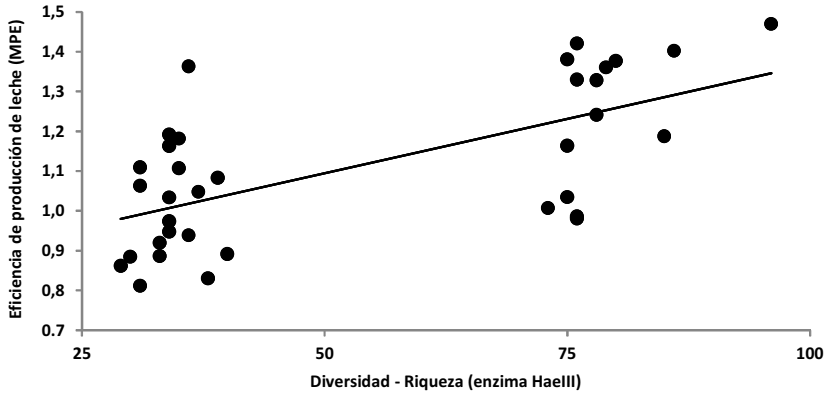


Figura 1. *Regresión lineal entre la eficiencia de producción de leche (MPE) y la diversidad bacteriana (riqueza) estimada mediante T-RFLP y usando la enzima Hae*III (R^2=0,418).

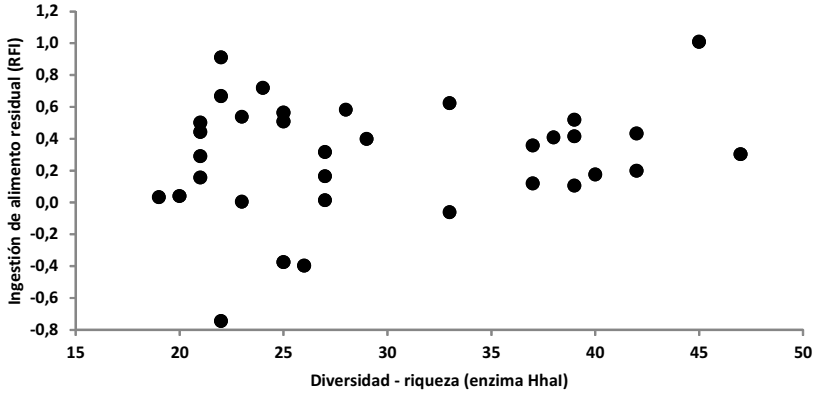


Figura 2. *Regresión lineal entre la ingestión de alimento residual (RFI) y la diversidad bacteriana (riqueza) estimada mediante T-RFLP y usando la enzima Hha*I (R^2=0,031).

Se han propuesto 2 teorías sobre la relación entre eficiencia alimentaria y diversidad microbiana en el rumen. Algunos trabajos en vacuno lechero (Shabat et al., 2016) y de carne (Li y Guan, 2017) sugieren que el microbioma ruminal es menos diverso y activo en los animales más eficientes. Esto podría ser debido a que una comunidad microbiana más simple exhibiría menos competencia entre sus componentes, utilizaría menos sustrato y energía para su proliferación y dirigiría más nutrientes al hospedador (Cantalapiedra-Hijar et al., 2018). Por otro lado, existe una idea generalizada de que una mayor diversidad siempre es mejor, que coincidiría con la hipótesis de que los animales más eficientes presentan una diversidad microbiana más elevada. Esto podría traducirse en una variedad más alta de rutas

metabólicas, de forma que prevalecerían aquellas que usan metabolitos con menos C y más cercanas a las del hospedador, lo que le permitiría a este obtener nutrientes procedentes de la microbiota de forma más eficiente (Patil et al., 2018).

Aunque los resultados obtenidos con la MPE apoyarían la segunda hipótesis, las limitaciones descritas y la ausencia de significación de la regresión lineal entre los índices de diversidad y la RFI no permiten alcanzar ninguna conclusión en relación al posible vínculo entre la diversidad bacteriana en el rumen y la eficiencia alimentaria en ovejas en lactación. Además, otras dificultades podrían haber impedido la detección de dicha relación. Los datos procedían de solo dos experimentos y de un restringido número de animales. Asimismo, la metodología utilizada para el análisis microbiano (T-RFLP) era cualitativa y no permitió estudiar la comunidad bacteriana completa. Otro posible inconveniente podría ser una escasa asociación de la información taxonómica de los ecosistemas microbianos con la actividad funcional, tal y como argumentan Patil et al. (2018), quienes construyeron una red metabólica complementaria al estudio taxonómico para poder detectar, en corderas en crecimiento, que los animales más eficientes presentaban una mayor diversidad funcional en el microbioma ruminal.

En cualquier caso, este trabajo es únicamente una primera aproximación y más estudios son necesarios para profundizar en este tema y confirmar si realmente existe una conexión entre la eficiencia alimentaria y la diversidad bacteriana del rumen en ovejas en lactación.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• AFRC. 1993. Ed. Acribia, Zaragoza. • Archer, J. A. et al. 1999. Austr. J. Agric. Res. 50: 147-161. • Cantalapiedra-Hijar, G. et al. 2018. Animal 12: s321-s325. • Carberry, C. A. et al. 2012. Appl. Environ. Microbiol. 78: 4949-4958. • Crews, D. H. 2005. Genet. Mol. Res. 4: 152-165. • Connor, E. E. 2015. Animal 9: 395-408 • Frutos, P. et al. 2014. J. Dairy Sci. 97: 1036-1046. • Frutos, P. et al. 2017. J. Dairy Sci. 100: 9611-9622. • Frutos, P. et al. 2018. J. Dairy Sci. 101: 6122-6132. • Li, F. & Guan, L.L. 2017. Appl. Environ. Microbiol. 83: e00061-17. • Patil, R. D. et al. 2018. J. Anim. Sci. 96: 2113-2124. • Shabat, S. K. et al. 2016. ISME J. 10: 2958-2972. • Tyrrell, H. F. & Reid, J. T. 1965. J. Dairy Sci. 48: 1215-23.

Agradecimientos: Este trabajo forma parte de los proyectos AGL2017-87812-R (MINECO) y CSI276P18 (Junta de Castilla y León), ambos cofinanciados por el FEDER. P.G. Toral disfruta de un contrato Ramón y Cajal del MINECO, cofinanciado por el FSE.

RELATIONSHIP BETWEEN FEED EFFICIENCY AND RUMEN BACTERIAL DIVERSITY IN LACTATING SHEEP: A PRELIMINARY STUDY

ABSTRACT: In ruminant livestock, there is an increasing interest in the improvement of feed efficiency, which has been suggested to be potentially related with the rumen microbial diversity. However, it is unclear whether the rumen microbiome is more or less diverse in efficient animals. Few studies about this have been published, and none refer to dairy ewes. We used data from two previous studies conducted with lactating sheep in our laboratory to examine the potential relationship between feed efficiency, measured by residual feed intake (RFI) and milk production efficiency (MPE), and bacterial diversity (richness, Shannon and evenness indices estimated by T-RFLP with 3 enzymes, *Hha*I, *Msp*I and *Hae*III). Results showed statistically significant linear regressions between MPE and some diversity indices, the best link being found with richness calculated using *Hae*III (R^2=0.42). However, no significant relationship was found with RFI (P>0.10 and R^2<0.04), which is a more adequate measurement. Limitations due to the low number of experiments and animals, the qualitative methodology to estimate diversity, which additionally does not cover the whole bacterial community, and the use of only taxonomic information might have precluded to obtain clearer results with regards to the possible association between feed efficiency and the rumen microbial diversity.

Keywords*:* feed efficiency, lactating ewes, microbial diversity, ruminal microbiota.