EFECTO DE LA PRESENCIA DE CABRAS ADULTAS ACOMPAÑANTES SOBRE LA MICROBIOTA DE CABRITOS EN LACTANCIA ARTIFICIAL

Palma-Hidalgo, J.M., Yáñez-Ruiz, D.R., Jiménez, E., Martín-García, A.I. y Belanche, A.
Estación Experimental del Zaidín, CSIC. C/ Profesor Albareda 1, 18008, Granada, España;
juanm.palma@eez.csic.es

INTRODUCCIÓN

En sistemas de producción lechera intensiva, los rumiantes recién nacidos suelen ser separados de sus madres al nacimiento y criados con lactancia artificial. La ausencia de contacto con rumiantes adultos puede comprometer la colonización microbiana del tracto gastrointestinal en cabritos, y más concretamente del rumen (Abecia *et al*. 2014), lo que a su vez podría dificultar una óptima transición a una dieta sólida tras el destete (Belanche *et al*., 2020). Con la intención de evitar este hándicap, el objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de la mera presencia de cabras adultas que actúan como acompañantes sobre la microbiota ruminal de cabritos al destete. La hipótesis fue que las cabras adultas podrían transmitir parte de su microbiota ruminal por contacto directo con los cabritos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se emplearon 32 cabritos recién nacidos de la raza Murciano-Granadina, los cuales fueron separados de sus madres dentro de las 12 horas posteriores al parto. Los cabritos se encalostraron y distribuyeron aleatoriamente en 2 grupos experimentales con similar peso medio. Uno de los grupos (CTL) se mantuvo aislado del contacto con rumiantes adultos, mientras que el segundo grupo (CMP) estuvo en contacto continuo con dos cabras adultas. Ambos grupos recibieron *ad libitum* leche artificial y pienso de arranque desde el nacimiento y heno de avena a partir de la semana 2, y se destetaron a las 7 semanas de vida. Se tomaron muestras de contenido ruminal mediante sondaje oro-gástrico a las 5, 7 y 9 semanas para describir la fermentación ruminal, el recuento óptico de protozoos y para la extracción de ADN para medir la abundancia de bacterias, arqueas, protozoos y hongos por PCR cuantitativa (qPCR). Las muestras de las 7 semanas se secuenciaron con *primers* específicos para procariotas (bacterias y arqueas). A partir de la tabla de OTUs obtenida, se calculó la diversidad alfa, la abundancia relativa de los distintos taxones y se evaluó la composición microbiana mediante análisis PERMANOVA y Análisis de Coordinadas Principales (PCoA).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los cabritos que co-habitaban con cabras adultas presentaron en su rumen un elevado número de protozoos, los cuales estaban totalmente ausentes en el grupo CTL. La diferencia en la presencia de protozoos fue igualmente constatada mediante qPCR por una mayor abundancia relativa de estos microbios en cabritos CMP ($P < 0,001$), los cuales también presentaron una mayor abundancia de arqueas ($P = 0,003$). La abundancia de bacterias ruminales fue similar en ambos grupos pero no así su diversidad, ya que a las 7 semanas se observaron hasta un 61% más OTUs en el grupo CMP con respecto a CTL, dando lugar a una mayor alfa-diversidad ($P < 0,001$ en ambos parámetros). Se observaron diferencias significativas entre ambos grupos en la abundancia relativa de varios taxones microbianos, lo que originó una estructura de la comunidad ruminal significativamente distinta entre ambos tratamientos ($P = 0,002$). En este sentido, se constató que el número de OTUs compartidos entre CMP y los animales adultos fue más de 4 veces mayor con respecto a los compartidos entre CTL y los adultos. Estos resultados sugieren que la presencia de animales adultos con cabritos recién nacidos pudo favorecer la colonización microbiana del rumen, lo que ocasionó una mayor biodiversidad ruminal en cabritos CMP. Esto, junto con la presencia de protozoos en estos cabritos, podría indicar un mayor desarrollo microbiológico del rumen (Palma-Hidalgo *et al*., 2020), que a su vez podría ir acompañado de mejoras en parámetros productivos (De Paula-Vieira *et al*., 2012).

CONCLUSIÓN

La presencia de cabras adultas acompañantes favorece la colonización microbiana ruminal, la presencia de protozoos y una mayor diversidad bacteriana en cabritos bajo lactancia artificial.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Abecia *et al*. 2014 Anim Prod Sci 54:1449–54 • Belanche *et al*. 2020 J Dairy Sci 103:5047–60 • De Paula Vieira *et al*. 2012 J Dairy Sci 95:3218–3224 • Palma-Hidalgo *et al*., 2021 Anim Microbiome 3:11

Agradecimientos: financiado por el proyecto AGL2017 86938-R y el contrato FPU16/01981.