

DATOS METAGENÓMICOS PARA LA PREDICCIÓN DE LA INGESTA

Marcos^{1,2*}, C.N., Gonzalez-Recio², O., Gutiérrez-Rivas³, M., Elcoso³, G. y Bach⁴, A.

¹Departamento de Producción Agraria, ETSIAAB, Universidad Politécnica de Madrid, Ciudad Universitaria, 28040 Madrid. ²Departamento de Mejora Genética Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Carretera de la Coruña km 7,5, 28040 Madrid.

³Blanca from the Pyrenees, Els Hostalets de Tost, 25795 Lleida. ⁴ICREA, Passeig de Lluís Companys 23, 08007 Barcelona; *c.nmarcos@upm.es

INTRODUCCIÓN

La eficiencia alimentaria es un carácter heredable con un elevado impacto económico y de especial interés para el sector del vacuno de leche. Sin embargo, determinar la ingesta individual de un animal es costoso y complejo, y dificulta su inclusión en los índices de selección. Por otro lado, existen modelos para predecir la ingesta, pero su fiabilidad es aún limitada. Recientemente, se ha planteado utilizar datos metagenómicos para predecir la ingesta. El objetivo de este trabajo es evaluar la viabilidad de utilizar datos metagenómicos para la predicción de la ingesta en ganado vacuno lechero.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se tomaron muestras de contenido ruminal de 32 vacas Holstein (días en leche: 103-224) mediante sonda esofágica. A los 42 días se volvieron a tomar muestras de contenido ruminal, así como muestras de saliva de 20 vacas. Se registró la producción de leche y la ingesta en cada momento de muestreo. Las vacas recibieron una ración unifeed basada en heno de hierba durante este periodo. Las muestras se analizaron según la metodología descrita por López-García *et al.* (2021) y se filtraron aquellos fillos con una abundancia relativa (AR) inferior al 0.1%. Se analizó la beta-diversidad mediante un PCA con los datos CLR transformados. Para la selección de variables metagenómicas (AR) a incluir en los modelos de predicción se tomó una muestra aleatoria de menor tamaño, se seleccionaron variables significativas mediante GLM y se incluyeron todas en un único modelo para reducir la dimensionalidad. Esto se repitió 10,000 veces y aquellos microorganismos que aparecieron en al menos un 1% de las ocasiones se consideraron candidatos. Finalmente, los candidatos se usaron para predecir la ingesta de una muestra aleatoria de menor tamaño y se comparó la correlación (r) obtenida entre el valor predicho y real, con la obtenida mediante un modelo propuesto por el NRC (2001). Esto se realizó 1,000 veces por candidato. Las muestras de contenido ruminal y saliva se analizaron de forma independiente.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se observaron diferencias entre las muestras de contenido ruminal y saliva en el análisis de beta-diversidad. Los resultados obtenidos sugieren que utilizar la AR de los fillos *Lentisphaerae*, *Kiritimatiellaeota* o *Plantomycetes* en el rumen permitiría predecir la ingesta con mayor precisión en comparación con el modelo NRC (2001). El mejor modelo obtenido al utilizar muestras de contenido ruminal incluía la AR de los fillos *Kiritimatiellaeota* y *Candidatus Melainabacteria* junto con la producción de leche. El valor de r obtenido con este modelo fue un 38% más elevado que el obtenido mediante el modelo NRC ($r = 0.51$ vs 0.37 , respectivamente). Los fillos *Lentisphaerae*, *Kiritimatiellaeota* y *Plantomycetes* probablemente estén asociados a la degradación de alimentos fibrosos en el rumen, lo que podría parcialmente explicar estos resultados. En saliva se observó una elevada correlación fenotípica entre la AR del filo *Proteobacteria* en las muestras de saliva y la ingesta ($r = -0.55$). En este caso, el valor de r obtenido al utilizar únicamente la AR de este filo en la saliva fue un 133% más elevado que el obtenido mediante el modelo NRC ($r = 0.56$ vs 0.24 , respectivamente). La mayor concentración de oxígeno en la boca podría afectar negativamente a la capacidad de adherirse a las superficies (Lamas *et al.*, 2016). A su vez, una mayor ingesta conllevaría un mayor tiempo de rumia, mayor salivación y otros factores que podrían incrementar el lavado de estas bacterias y disminuir su AR.

CONCLUSIÓN

Estos resultados preliminares sugieren que la microbiota de la saliva es un proxy candidato para predecir la ingesta en vacuno lechero, con una precisión mayor a los modelos del NRC.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Lamas, A. *et al.* 2016. Int. J. Food Microbiol. 238: 63-67.
- López-García, A. *et al.* 2022. GigaScience 11: 1-14
- NRC. Nutrient Requirements of Dairy Cattle. 2001.

Agradecimientos: C.N. Marcos ha recibido una ayuda Margarita Salas (RD 289/2021).