

NA 48 Microbioma ruminal en vaca fresca bajo TMR con distintos niveles de almidón y tipo de carbohidratos: nivel *Phylum*
Miccoli F.E.^{1,2*}, Juliano N.^{2,4}, Guerrero L.³, Wehrendt D.³, Erijman L.³, Colombatto D.^{2,4}, Fernández-Martin R.^{2,4}, Galarza R.⁵ y Palladino, R.A.^{1,4}

¹Facultad de Cs. Agrarias, UNLZ. ²Facultad de Agronomía, UBA. ³INGEBI, CONICET. ⁴INPA, CONICET, ⁵INTA Cuenca del Salado.

*E-mail: fmiccoli@agro.uba.ar

Rumen microbiome in fresh dairy cows fed with TMR differing in starch level and type of carbohydrates: phylum level

Introducción

El tipo de carbohidrato y niveles de almidón pueden inducir cambios en el ambiente del rumen y la estructura del microbioma. El objetivo fue analizar los principales *Phylum* en vacas frescas bajo TMR difiriendo en nivel de almidón y tipo de carbohidratos (grano de maíz o cascarilla de soja).

Materiales y Métodos

Se utilizaron 24 vacas lecheras Holando (12 multíparas, 554, ± 25,1 kg PV; 12 primíparas; 568,6 ± 23,5 kg PV g, CC 3,25 ± 0,75). Del parto hasta los 28 d en leche se suministró una vez al día post ordeño AM (consumo ajustado al día 30) una dieta TMR 50:50 MS de silaje de planta entera de maíz y pellet a base de grano de maíz (**MZ**; maíz 45%, expeler de soja 33,8%, cascarilla de soja 16,9%, urea 1,5%, carbonato de Ca 1,1%, sulfato de Mg 0,5%, sal 1%, núcleo vit-min 0,2%) o cascarilla de soja (**CS**; maíz 20,3%, expeler de soja 30,4%, cascarilla de soja 45%, urea 1,4%, carbonato de Ca 1,1%, sulfato de Mg 0,6%, sal 1%, núcleo vit.-min. 0,2%). Las dietas fueron isoproteicas (16% PB), y ajustadas para alcanzar un porcentaje de almidón de 28 y 22% para MZ y CS, respectivamente (Juliano et al., 2020). Se extrajo contenido ruminal de 19 animales por técnica del tubo oro-ruminal adaptada para muestreos de microbioma (Miccoli et al., 2020) que, por las fechas de muestreos, se encontraban entre el día 4 al 11 postparto. Una vez obtenida la muestra se midió el pH (Hanna HI98128 pHep® 5 Waterproof) y se trasladó a un tubo de espécimen de 50 ml para almacenaje a -80°C. Se extrajo ADN genómico siguiendo el protocolo de extracción y purificación del kit ADN PuriPrep-SUELO (Inbio Highway Biología Molecular, Argentina). La concentración de ADN se cuantificó por lectura en Nanodrop 1000 spectrophotometer. La calidad del ADN fue evaluada mediante electroforesis a 120V durante 50 min, con una corrida de 120 ng de muestra en un gel de agarosa al 2% para cumplir con los requisitos para la secuenciación. De las 19, 15 muestras resultaron aptas en concentración e integridad del ADN (CS=8 y MZ=7) y fueron secuenciadas en Novogene (Novogene Corporation Inc., China), previa amplificación por PCR de la región V4 del 16S rRNA del ADN de bacterias y archaeas para generar las librerías de amplicones y luego la secuenciación. La plataforma utilizada fue NovaSeq PE250. Los resultados fueron analizados con los programas DADA2 y Phyloseq del paquete estadístico R, que permite analizar a nivel de ASV (100% Identity).

Resultados y Discusión

Se detectaron 44 taxones a nivel de *Phylum*. No hubo diferencias entre tratamientos en las abundancias relativas (RA) de los principales *Phylum* ($P>0,05$), aunque se detectaron diferencias entre animales (no reportadas en el presente trabajo). *Firmicutes* y *Bacteroidetes*, contabilizaron aproximadamente el 80%, seguidos de *Proteobacteria*, superior en MZ, y *Actinobacteria*, numéricamente superior en CS aunque no en términos estadísticos (Figura 1). La RA de *Euryarchaeota* (*Archaeas*, metanogénicas), fue superior

numéricamente en CS comparado con MZ (1,15% vs 0,78%). La relación *Firmicutes*:*Bacteroidetes* no difirió entre dietas ($P>0,05$), la cual estaría asociada a la relación forraje: concentrado (**F:C**; McCann et al., 2014). En este estudio con F:C 50:50, la RA de *Firmicutes* duplicó a *Bacteroidetes*, contrario a lo hallado por McCann et al. (2014) con dietas F:C 45:55 (mayor proporción de *Bacteroidetes*). Además, señalaron un incremento en la RA de *Firmicutes* a medida que aumento la proporción de concentrado, siendo superior en animales diagnosticados con acidosis ruminal subaguda. Sin embargo, Jami et al. (2014) reportaron una mayor RA de *Bacteroidetes* en vacas lecheras consumiendo una dieta F:C de 30:70, por lo cual la fuente de carbohidratos y nivel de almidón en dieta podría tener mayor impacto que la proporción de concentrado en sí mismo. Así también, el tipo de forraje base, ya que los taxas suelen diferir según se trate de henos de pasturas o alfalfa, silaje de maíz o de pasturas, especialmente los ligados a degradación de fibra.

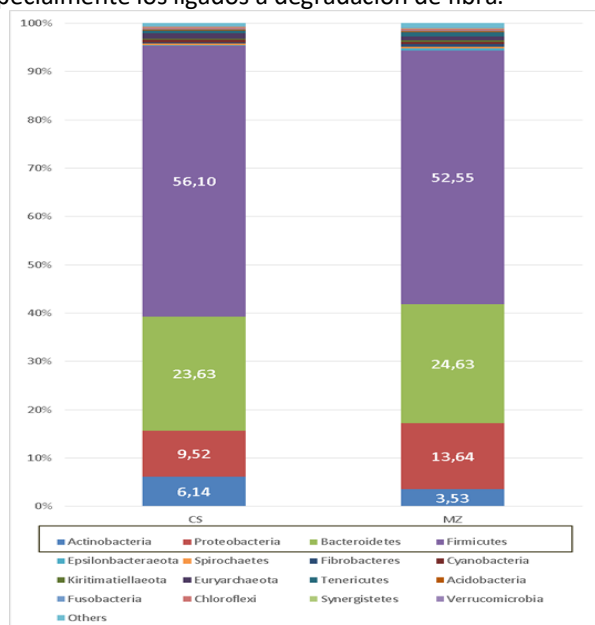


Figura 1. Abundancias relativas (RA) a nivel *Phylum* según el tratamiento de suplementación (CS= cascarilla de soja; MZ= grano de maíz).

Conclusiones

La alimentación de vacas frescas con TMR difiriendo en nivel de almidón y a base de grano de maíz o cascarilla de soja no tuvo efecto sobre los principales *Phylum* ruminales. Posiblemente, las diferencias entre dietas no se hayan podido detectar por la limitada cantidad de muestras o estén enmascaradas por la variabilidad individual o efecto "huésped", otro de los principales moduladores del microbioma.

Bibliografía

- Jami E (2014). Plos ONE 9(1): e85423.
Juliano N (2020). J. Dairy Sci. Vol. 103, Supp 1.
McCann JC (2014). Bioinform. Biol. Insights 8:109–125.
Miccoli F (2020). J. Dairy Sci. Vol. 103, Supp 1.