

Importancia de bacterias pertenecientes al orden Clostridiales en el ecosistema ruminal de cabras alimentadas con una dieta fibrosa

Importance of bacteria belonging to Clostridiales order in the ruminal ecosystem of goats fed fibrous diet

N. Sohaefer¹; M.C. Giménez^{1,2}; G.N. Arenas^{1,3}; S. Ruiz¹; L. Pereyra¹; C. Pereyra¹; L. Quiroga¹; S. Vernola¹; A. Gaia¹; D. Cardone¹; C. Goncalves¹; L. Sanchez¹; A. Tapia¹; D. Carrión¹; P. Galeano¹; K. Fliegerova⁴; J. Mrázek⁴ y D. Grilli^{1,2} ¹Universidad Juan Agustín Maza. Mendoza, Argentina.

²Instituto de Histología y Embriología de Mendoza, CCT-CONICET Mendoza.

³Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Cuyo. Mendoza, Argentina

⁴Institute of Animal Physiology and Genetics. Academy of Sciences of the Czech Republic

Contacto: dieogrilli@yahoo.com.ar

Palabras clave: Bacterias; Rumen; Cabras
Key Words: Bacteria; Rumen; Goats

Introducción: recientemente, logramos aislar *Pseudobutyrvibrio xylanivorans* a partir del rumen de cabras Criollas, una bacteria hemicelulolítica perteneciente al orden Clostridiales, taxón ampliamente reconocido en el ecosistema ruminal. Debido a las características in vitro de esta cepa se decidió utilizarla como probiótico. Por lo tanto, resulta necesario analizar la importancia de esta cepa en el ecosistema ruminal de cabras adultas, alimentadas con una dieta similar a la que componen los animales cuando pastorean forrajeras nativas en los ambientes áridos en los que se distribuyen en nuestra región.

Objetivo: analizar los cambios en la población bacteriana del rumen de cabras Criollas alimentadas con dos dietas diferentes, utilizando Next Generation Sequencing (NGS).

Metodología: se realizaron 2 experimentos nutricionales con una duración de 20 días cada uno. Inicialmente, cuatro cabras fistuladas fueron alimentadas con una Dieta Tradicional (DT) de heno de alfalfa (80%) y maíz (20%). Posteriormente, fueron alimentadas con una Dieta con Elevado Contenido de Fibra (DECF) conformada por 100% de heno de alfalfa. La ingesta de nutrientes fue calculada a partir de la ingesta total de alimento y la composición nutricional de los alimentos ingeridos. Los contenidos ruminales se muestrearon al finalizar cada dieta. La técnica NGS permitió la identificación taxonómica de las bacterias ruminales hasta el nivel de género. Los valores promedio del porcentaje de bacterias identificadas en cada condición nutricional fueron sometidos al análisis de la varianza, seguido por el procedimiento HSD de Tukey ($p < 0.05$).

Resultados y Discusión: bacterias no cultivadas pertenecientes al orden Bacteroidales, representaron el único taxón integrante del microbioma ruminal núcleo. Este se mantuvo estable con la DECF (15,1 % \pm 4,1%) y la DT (15,6 % \pm 1,6%), a pesar de las diferencias en la composición nutricional de la ingesta consumida con la DT (288 g MS

de FDN) y la DECF (340 g MS de FDN). En los animales alimentados con la DT, las bacterias predominantes fueron *Prevotella* sp. (35,9 \pm 4,7%), mientras que bacterias desconocidas del orden Clostridiales fueron predominantes en las cabras alimentadas con la DECF (27,7 \pm 7,3%). El orden Clostridiales representó tan sólo el 13,3 \pm 1,6% de las bacterias ruminales en los animales alimentados con DT. Sin embargo, cuando los animales consumieron la DECF, se observó un incremento significativo ($p < 0,001$) de los Clostridiales (58,6 \pm 5,4%), siendo el principal orden identificado. Lachnospiraceae fue la familia con mayor diversidad de géneros identificada dentro del orden Clostridiales para ambas dietas. Las cabras alimentadas con la DECF obtuvieron un porcentaje significativamente ($p < 0,001$) superior de bacterias de esta familia (15,4 \pm 1,5%), en comparación con las cabras alimentadas con la DT (0,9 \pm 0,6%). Dentro de la Familia Lachnospiraceae, los butyrvibrios representaron el principal género bacteriano en las cabras alimentadas con la DECF (7,1 \pm 1,3%). Los pseudobutyrvibrios representaron tan solo el 0,03 \pm 0,01% de las bacterias ruminales identificadas con la DT, mientras que incrementaron significativamente ($p < 0,05$) hasta alcanzar el 0,80 \pm 0,67% de las bacterias identificadas en los animales alimentados con la DECF.

Conclusión: la mayor ingesta de fibra vegetal seleccionó predominantemente un grupo de bacterias desconocidas, con aparente actividad fibrolítica, pertenecientes al orden Clostridiales. Los butyrvibrios representaron un importante género bacteriano seleccionado con la dieta fibrosa, pero con una escasa representación de los pseudobutyrvibrios. Esto permitió descartar el uso de la cepa probiótica en la manipulación de la fermentación ruminal de cabras adultas. Estas poseen un ecosistema ruminal complejo, poco estable y con escasa participación de los pseudobutyrvibrios, cuando consumen dietas con una composición nutricional similar a la ingerida en los ambientes áridos que ocupan en nuestra región.