

Análisis de la diversidad bacteriana ruminal en cabras criollas durante la transición de una dieta forrajera a una dieta concentrada

Analysis of the rumen bacterial diversity of creole goats during shift from a forage diet to concentrate diet

D.J. Grilli ¹; G.N. Arenas ²; P. Dayenoff ¹; J. Mrázek ³; M.E. Cerón ⁴; V. Egea ⁵; S. Páez Lama ⁵; N. Sohaefer ¹, D. Carcaño ¹; C. Pereyra ¹, S. Ruiz ¹, A. Cáceres ¹; A. Fernández ¹; D. Mancini ¹; L. Pereyra ¹; L. Quiroga ¹

¹ Facultad de Ciencias Veterinarias y Ambientales, Universidad Juan Agustín Maza, Mendoza, Argentina

² Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina

³ Institute of Animal Physiology and Genetics, Academy of Sciences of the Czech Republic, Praha, R. Checa

⁴ Centro de Investigación en Ciencias Veterinarias y Agronómicas, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Castelar, Bs. As., Argentina

⁵ Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas, Centro Científico y Tecnológico, CONICET, Mendoza, Argentina

Contacto: dieogrilli@yahoo.com.ar

Palabras clave: PCR en tiempo real (qPCR) - genómica - bacterias

Key Words: Real-time PCR (qPCR) - genomics - bacteria



Introducción: En los sistemas de alimentación intensivos, los rumiantes suelen someterse a un período de adaptación cuando se incorpora en su alimentación un elevado contenido de granos de cereales. Los cambios microbianos durante esta fase de adaptación

han sido ampliamente reportados utilizando técnicas de cultivo que permiten la caracterización de sólo unas pocas especies bacterianas ruminales, dado el carácter anaeróbico estricto de las bacterias. Los recientes avances en técnicas moleculares permiten el análisis de tales bacterias sin la necesidad de cultivarlas, identificando de esta manera muchas bacterias funcionales y desconocidas como nuevos objetivos de investigación.

Objetivos: Caracterizar los cambios bacterianos ocurridos durante la transición abrupta desde una dieta forrajera a una dieta con elevado contenido energético en el rumen de cabras criollas, mediante qPCR.

Metodología: Se utilizaron 8 cabras fistuladas, previamente alimentadas con una dieta de heno de alfalfa (AH). Posteriormente, 4 cabras fueron seleccionadas al azar y se cambiaron a una dieta mixta de forraje y concentrado conformada por 60% de heno de alfalfa y 40% de maíz (dieta AH/C). Las cabras restantes se mantuvieron con la dieta AH durante todo el experimento y se utilizaron como grupo control. Los contenidos ruminales se muestrearon a los 2, 10 y 20 días después del comienzo del período experimental. El pH de las muestras se midió inmediatamente con un electrodo de vidrio. Las muestras se liofilizaron y se transportaron al laboratorio. El ADN del contenido ruminal fue extraído por un método que combina lisis mecánica de las células con filtración en columna del ADN, mediante el Kit QIA-amp DNA Stool. La cuantificación de los grupos bacterianos seleccionados se realizó con el sistema qPCR Mx3005P y primers que amplifican fragmentos del gen ADNr 16S.

Resultados: No hubo diferencias en la población de Firmicutes ni Actinobacterias en las cabras alimentadas con la dieta AH/C durante los diferentes tiempos de muestreo. Sin embargo, detectamos un aumento significativo de Proteobacterias, luego de 10 días de la incorporación de maíz en la dieta, con un posterior retorno a concentraciones similares al grupo control luego de 20 días del cambio dietético. La población de Bacteroidetes presentó un incremento significativo después de la incorporación de maíz en la dieta y no retornó a valores similares a los del grupo control, transcurridos 20 días desde el cambio dietético. Se identificó que las bacterias pertenecientes al género Prevotella fueron el principal componente de la estructura de la población de Bacteroidetes.

Discusión: La presencia de Firmicutes y Actinobacteria en ambientes ruminales tan diferentes sugiere que los mismos pueden ser un componente principal del "núcleo" bacteriano ruminal de las cabras. El aumento significativo de Proteobacteria luego de la incorporación de maíz, podría indicar que dichas bacterias tienen actividades metabólicas muy diversas, lo que les permite adaptarse a los más diversos ambientes ruminales. Debido a que los animales utilizados en el presente estudio no mostraron indicios clínicos ni valores de pH compatibles con acidosis ruminal, las variaciones numéricas de las bacterias pertenecientes al grupo Prevotella sp pueden ser atribuidas a la susceptibilidad de este grupo bacteriano frente al cambio de nutrientes disponibles en el rumen.

Conclusiones: Durante la transición de una dieta forrajera a una dieta con elevado contenido de granos, algunas de las comunidades bacterianas del rumen se mantienen estables constituyendo el "núcleo" bacteriano ruminal, mientras que otras comunidades sufren variaciones numéricas, quizás en el intento de mantener las complejas interacciones de la microbiota simbiótica del rumen y así garantizar los procesos de fermentación de los nutrientes que benefician al animal hospedador.