

ASPECTOS MICROBIOLÓGICOS DE LA PRODUCCIÓN DE METANO EN RUMIANTES

David R. Yáñez-Ruiz y Leticia Abecia

Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Profesor Albareda 1, 18008, Granada
david.yanez@eez.csic.es

INTRODUCCIÓN

La producción de metano en el rumen representa la principal vía metabólica de recuperación de factores de reducción para permitir el consumo de electrones generados durante la hidrólisis de carbohidratos (Morgavi et al., 2010). Esta estrategia metabólica permite al rumiante la degradación de fuentes de energía en condiciones de anaerobiosis, sin embargo, acarrea dos aspectos negativos. Por un lado, la producción de metano representa una pérdida energética de entre el 2 y el 10 % de la energía bruta de la dieta; y por otro, contribuye de manera significativa a la emisión de gases con efecto invernadero (15 % del total de emisiones antropogénica). En la última década se ha llevado a cabo un ingente esfuerzo en la comunidad científica para encontrar vías de reducción de la producción de metano empleando diversas estrategias nutricionales. Sin embargo, los resultados han sido generalmente desalentadores y algunas veces contradictorios. Parte de la falta de respuesta se debe al desconocimiento que aún tenemos de la comunidad microbiana implicada en la síntesis de metano y en concreto del dominio Arquea. Este trabajo trata de describir algunos de los aspectos novedosos que se han descrito recientemente en cuanto al grupo de las arqueas del rumen y su relación con estrategias de reducción de la producción de metano.

LA COMUNIDAD DE ARQUEAS EN EL RUMEN

Las arqueas fueron clasificados por primera vez como un super-reino separado de las bacterias en 1977 a partir de árboles filogenéticos basados en las secuencias de genes de ARN ribosómico (ARNr). Estos dos grupos fueron originalmente denominados Eubacteria y Archaeobacteria, quedando finalmente denominados como Bacteria y Archaea. Dentro del dominio Arquea, es el grupo de las euriarqueotas (filo Euryarcheota) las que se encuentran en el rumen. Estas se dividen, según Kim et al. (2011), en 4 clases principales: *Methanobacteria* (70.3% del total de secuencias analizadas), *Methanomicrobia* (16.4%), *Thermoplasmata*, (7.4%) y *Methanopyri* (0.03%). Dentro de estas 4 clases, 12 géneros son los más representativos, destacando *Methanobrevibacter*, *Methanosphaera*, *Methanobacterium*, *Methanomicrobium* y *Methanosarcina*. Aunque, se acepta que estos géneros son los más representativos, algunos trabajos recientes que emplean técnicas secuenciación masiva (TSM), apuntan a que no en todos los casos los grupos mayoritarios han sido identificados y cultivados (Lee et al., 2012). En cualquier caso, el interés científico no está tanto en qué grupos forman parte del ecosistema, sino en qué medida contribuyen a la producción de metano y cómo responden a distintas estrategias nutricionales. Sin embargo, antes de describir la actividad de los distintos grupos, es importante resaltar cómo se establece la comunidad de arqueas en el rumen del animal.

En el rumen en desarrollo del animal pre-rumiante se puede encontrar bacterias celulolíticas y arqueas metanogénicas desde los primeros días de vida, que alcanzan abundancias muy similares a las de animales adultos en dos, tres semanas de vida. En estas primeras etapas, sin embargo, son las bacterias acetogénicas las que representan el grupo que más contribuye a la utilización de H₂. Se ha observado que a medida que el consumo de alimento sólido se incrementa, la comunidad de acetogénicas es gradualmente reemplazada por arqueas metanogénicas (Gagen et al., 2012). En este sentido, parece existir una transición en la abundancia relativa de los grupos mayoritarios de arqueas antes y después del destete, como muestran los resultados de piro-secuenciación que se presentan en la Figura 1 (Abecia et al., resultados no publicados). Esta evolución puede asociarse a los cambios que ocurren en la presión parcial de H₂ en el ecosistema, que va favoreciendo la actividad de ciertos grupos de arqueas en detrimento de otros y de bacterias acetogénicas. Trabajos recientes, apuntan a que existe una relación entre la comunidad de arqueas del rumen en el

animal pre-rumiante y en el adulto (Gagen y col., 2012) y que los acontecimientos relacionados con la colonización de arqueas del rumen que ocurren en estas primeras etapas de la vida del animal parecen tener una incidencia importante en la actividad del rumen en el animal adulto, lo que permitiría desarrollar estrategias de intervención como se describe en Abecia et al. (2013).

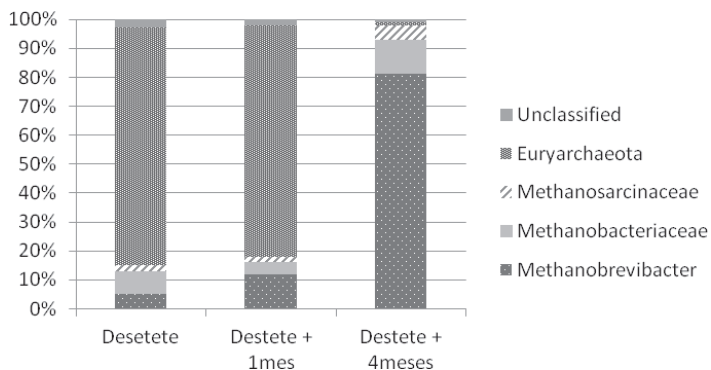


Figura 1. Abundancia relativa de los grupos mayoritarios de arqueas del rumen en cabras de distintas edades (Abecia et al., resultados no publicados).

ACTIVIDAD METANOGÉNICA DE ARQUEAS Y RESPUESTA A DISTINTAS ESTRATEGIAS NUTRICIONALES

En la última década se ha constatado que la actividad metanogénica del ecosistema ruminal no se relaciona directamente con la biomasa total de arqueas, por lo que la cuantificación de este grupo no parece aportar información relevante (Morgavi et al., 2010). Parece más interesante, sin embargo, la medición de la actividad de ciertas enzimas implicadas en la reducción de CO₂ a CH₄, como la methyl CoM reductasa (*mcrA*), o los cambios inducidos sobre los grupos (mayoritarios y minoritarios) de arqueas. Zhou et al. (2010) han mostrado que la comunidad de arqueas del rumen de terneros con distintas eficiencias de digestión varían, de manera que *Methanospaera stadtmannae* y *Methanobrevibacter sp.* predominaban en los animales con eficiencias más bajas. Esto coincide con resultados obtenidos recientemente en nuestro grupo en el que en cabras tratadas con bromoclorometano (BCM) el grupo de Methanomicrobiales desciende drásticamente cuando se reduce la producción de metano (Abecia et al., resultados no publicados). Esta distinta sensibilidad a compuestos antimetabólicos de distintas especies de arqueas ha sido también demostrada en cultivos puros en nuestro grupo empleando BCM tal y como se ilustra en la Figura 2 para *M. ruminantium* y *M. barkeri*.

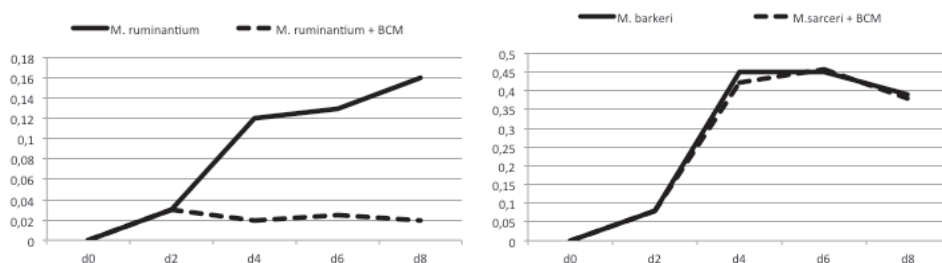


Figura 2. Evolución del crecimiento (ml CH₄/ml) de cultivos puros control de *Methanobrevibacter ruminantium* y de *Methanosarcina barkeri* y tratados con BCM (Abecia et al., resultados no publicados).

La variación en la abundancia de grupos de arqueas se relaciona con su capacidad para crecer a distintos niveles de presión parcial de H₂ en el rumen. Esto está ligado a la presencia y niveles de expresión de algunos de los genes que codifican las enzimas methyl CoM reductasa (*mcr I* y *II*) y N5-methyltetrahydromethanopterin (*mtr*), puesto que varían sustancialmente entre géneros y especies (Attwood y McSweeney, 2008). Los niveles de expresión de estos genes pueden ser empleados como biomarcadores de la actividad metanógena. En este sentido, recientemente Poulsen et al. (2013) han observado empleando TSM y metatranscriptómica que los niveles de expresión de las 3 subunidades de la coenzima *mcrA* se vieron afectados en vacas lecheras tratadas con aceite de colza, pero que este descenso no afectó a ninguno de los grupos mayoritarios de arqueas, sólo a las pertenecientes al grupo de Thermoplasmatales, uno de los grupos menos estudiado en el rumen.

Los estudios llevados a cabo en los últimos años en relación al ecosistema microbiano del rumen y la producción de metano, inciden en la importancia de combinar datos de expresión génica y abundancia filogenética y que en algunos casos grupos microbianos minoritarios considerados como no esenciales pueden jugar un papel más relevante de lo que inicialmente se pensaba. La distribución proporcional de grupos de arqueas con distinta capacidad para desarrollarse en condiciones de presión parcial de H₂ variables parece explicar parte del éxito de algunas estrategias nutricionales que se están desarrollando en la actualidad.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abecia, L., Martín-García, I., Martínez, G., Newbold, C.J., Yáñez-Ruiz, DR. 2013. Journal of Animal Science (en prensa). •Attwood, G.y McSweeney, C. 2008. Australian Journal of Experimental Agriculture, 48, 28–37. •Gagen, E.J., Mosoni, P., Denman, S.E., Al Jassim, R., McSweeney, C.S., Forano, E.2012. Microbial Ecology. 64: 628-640. •Morgavi, D.P., Forano, E., Martin, C., Newbold, C.J. 2010. Animal. 4: 1024-1036. • Poulsen, M. 2013. Nature Communications 4: 1428. • Kim, M., Morrison, M., Yu, M. 2010. FEMS Microbiology Ecology. 76: 49–63. • Lee, J. Y., Jung, Y. K. Oh, S. S. Lee, E. L. Madsen, C. O. Jeon. 2012. Applied and Environmental Microbiology. 78: 5983-93. • Zhou, M., Hernandez-Sanabria, E., Guan, L.L. 2010. Applied and Environmental Microbiology. 76: 3776-3786.

Agradecimientos: los autores agradecen el trabajo desarrollado por Gonzalo Martínez en el procesado de datos de piro-secuenciación y de Eva Ramos-Morales y Elisabeth Jiménez en la inoculación de cultivos puros. Parte de los resultados presentados han sido financiados por los proyectos FP7-Marie Curie Reintegration Grant 224816–METANORUMENy AGL2008-04707-C02-01.

MICROBIAL ASPECTS OF METHANE PRODUCTION IN THE RUMEN

ABSTRACT: this work presents some of the recent findings on the archaeal taxonomy in the rumen, how the distribution of groups relates to methanogenesis and to what extent this is linked to the response to different anti-methanogenic strategies. The combination of gene expression and microbial taxonomy studies appears essential to identify biomarkers or key microbial groups that relate to low methane emissions.

Keywords: Archaea, rumen, methane