

EFFECTO DE LA INCLUSIÓN DE SUBPRODUCTOS AGROINDUSTRIALES EN DIETAS PARA OVINO EN EL MICROBIOMA RUMINAL

Marcos^{1,2*}, C.N., de Evan¹, T., González-Recio², O., Gutiérrez-Rivas², M., González², C. y Carro¹, M.D.

¹Departamento de Producción Agraria, 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
*c.nmarcos@upm.es

INTRODUCCIÓN

La utilización de subproductos agroindustriales en alimentación animal ha crecido en los últimos años, pero la información existente acerca de su efecto en el microbioma ruminal es escasa. El objetivo de este trabajo fue determinar el efecto de substituir parcialmente algunos ingredientes convencionales de un concentrado por una mezcla de DDGS (granos secos de destilería con solubles) de maíz, pulpa de naranja (PN) y orujo de aceituna extractado (OAE) en el microbioma ruminal de ovejas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Las dos dietas experimentales consistieron en heno de alfalfa y concentrado en proporción 50:50. El concentrado CON contenía 63 % de cereales y 22,5 % de harinas proteicas, y en el concentrado con subproductos (SUB) el 44 % de los ingredientes se sustituyeron por DDGS (18 %), PN (18 %) y OAE (8 %). Las dietas se administraron a 4 ovejas fistuladas en el rumen en un diseño cruzado con dos periodos de 45 días cada uno (30 días de adaptación y 15 días de muestreo). Se determinó la degradabilidad *in situ* de los dos concentrados en los dos periodos experimentales y se muestreó el contenido ruminal a las 0, 3 y 6 h tras la ingestión para analizar el pH y la concentración de NH₃-N y ácidos grasos volátiles (AGV) según lo descrito por Marcos *et al.* (2019) y determinar la composición del microbioma ruminal según lo descrito por López-García *et al.* (2021). Se calcularon la Alpha-diversidad (Chao1, Shannon y Simpson), la Beta-diversidad a partir de un análisis de componentes principales (PCA) y un PERMANOVA con los datos CLR (log-ratio centrados) transformados, y las correlaciones de los diferentes parámetros con los componentes principales. Se calculó la abundancia diferencial entre los animales cuando recibían las dos dietas mediante un modelo mixto, donde el periodo, el tiempo de muestreo y la dieta se consideraron efectos fijos y la oveja fue un efecto aleatorio.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

No se observaron diferencias ($P>0,05$) entre dietas en el análisis de Alpha-diversidad. En el análisis de Beta-diversidad, el primer y el segundo componente explicaron el 9,7 y 7,3 % de la varianza total, respectivamente, y tampoco se observaron diferencias ($P>0,05$) entre dietas, pero sí entre tiempos de muestreo ($P<0,05$). El pH y la proporción molar de acetato estuvieron positivamente correlacionados con los dos componentes principales. Por otro lado, la producción de AGV y la proporción molar de propionato estuvieron negativamente correlacionados con los dos componentes. No se observaron diferencias ($P>0,05$) en la degradabilidad *in situ* de la materia seca entre concentrados (72,1 y 73,7 % para CON y SUB, respectivamente), pero la degradabilidad de los concentrados fue mayor ($P<0,05$) cuando los animales recibían la dieta SUB. La abundancia de algunas bacterias de la familia *Actinomycetaceae*, *Sporomusaceae* y *Rhizobiales* varió en función del tiempo de muestreo. Entre dietas solo se observó que una especie sin clasificar del género *Succinimonas* era más abundante en los animales alimentados con la dieta SUB. Esto podría deberse a las diferentes proporciones de almidón y pectinas entre dietas, ya que el género *Succinimonas* pertenece a la familia *Succinivibrionaceae* que tiene un rol importante en la degradación del almidón y las pectinas a succinato y propionato (Santos y Thompson, 2014).

CONCLUSIÓN

Estos resultados sugieren que se podría reemplazar hasta un 44 % de los ingredientes de un concentrado comercial por una mezcla de DDGS, PN y OAE sin afectar al microbioma ruminal.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• López-García, A., *et al.* 2021. GigaScience 11: 1-14. • Marcos, C.N., *et al.* 2019. J. Dairy Sci. 103: 1472-1483. • Santos, E. & Thompson, F. 2014. The Family Succinivibrionaceae.

Agradecimientos: Este trabajo es parte del proyecto PID2021-124648OB-C21 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por "FEDER Una manera de hacer Europa". C.N. Marcos y T. de Evan han recibido una ayuda Margarita Salas del Programa Recualifica (RD 289/2021).