

PREDICCIÓN DE LA COMPOSICIÓN DE LA DIETA INGERIDA POR GANADO VACUNO USANDO DATOS DE METAGENÓMICA RUMINAL

Saez-Torillo^{1*}, S.N., Nguyen², T., Lima², J., Roehe², R. y Martínez-Álvaro^{1*}, M.

¹ICTA, Universitat Politècnica de València; ²Scotland's Rural College, Edinburgh

*snsaetor@upv.es; *mamara19@upv.es

INTRODUCCIÓN

En el ámbito de la trazabilidad alimentaria, mejora genética y nutrición, el conocimiento preciso de la composición de la dieta es importante. Esta información podría mejorar la captura de efectos ambientales en modelos estadísticos que ajustan eficiencia alimentaria y emisiones de metano. La reducción de costos de secuenciación ha permitido el uso de datos metagenómicos como una herramienta predictiva prometedora. Este estudio pretende explorar el microbioma ruminal de novillos para predecir el tipo de dieta y la ingesta total de sus componentes.

MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio incluyó 142 novillos de razas Luing (n=71) y Charolais (n=71), alimentados con forraje (n=70) o concentrado (n=72). Los datos provenían de ensayos realizados en 2012 y 2013 (Duthie *et al.*, 2016; Troy *et al.*, 2015). Se registró el consumo de materia seca (DMI, kg/d), la ganancia media diaria (ADG, kg/d) y la producción de metano (MP, g/d). A través de análisis químicos de la dieta y DMI, se determinó el consumo de fibra detergente ácida (ADF, g/kg DM), proteína cruda (CP, g/kg DM), energía metabolizable (ME, MJ/kg DM), fibra detergente neutra (NDF, g/kg DM) y almidón (ST, g/kg DM) de cada animal. Además, se secuenció el extracto ruminal *post mortem* de estos animales. El análisis metagenómico se realizó siguiendo a Martínez-Álvaro *et al.* (2022), lo que permitió obtener las abundancias microbianas de filos (MF), géneros (MT) y genes (MG). MT y MG se transformaron utilizando el método logarítmico centrado y logarítmico aditivo, respectivamente, para manejar su naturaleza composicional. Se optimizaron los algoritmos de regresión logística *stepwise* (LR) y Random Forest (RF) para clasificar el tipo de dieta forraje/concentrado (LR con MF y RF con MT y MG). Además, RF se utilizó para predecir la ingesta de los componentes de la dieta. La precisión de los modelos fue evaluada mediante validación externa. Además, se testó si incluir la ingesta de componentes de la dieta mejora la precisión de índice de conversión (FCR), consumo residual (RFI), ADG, DMI y MP en modelos fenotípicos y genéticos que ya incluían dieta, experimento y raza como efectos fijos. Para compararlos se calculó la precisión de la predicción (como la correlación entre los valores verdaderos y los predichos) de los modelos y el error estándar de los valores genéticos (EBVs), todo en datos externos.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los modelos clasificaron las dietas con un área bajo la curva (AUC) de $0,86 \pm 0,06$ al usar LR con el log-ratio de los MF *Verrucomicrobia/Chlorobi*, y de $0,90 \pm 0,05$ al emplear RF con MT y MG juntos. Además, con RF y esas mismas abundancias, se predijo la ingesta de los componentes de la dieta con una precisión de: ADF $0,77 \pm 0,08$; CP $0,83 \pm 0,07$; ME $0,81 \pm 0,06$; NDF $0,78 \pm 0,07$ y ST $0,80 \pm 0,07$. Por otro lado, los modelos lineales que incorporaron la ingesta de componentes de la dieta como covariables mejoraron la precisión: al incorporar la ADF como covariable en el modelo fenotípico de ADG, la precisión pasó de $0,35 \pm 0,11$ a $0,43 \pm 0,10$. Al incorporar ADF y CP en el modelo de DMI, la precisión aumentó de $0,10 \pm 0,08$ a $0,42 \pm 0,13$. No se observó aumento en la precisión de la predicción de FCR, MP o RFI. El modelo genético para DMI mostró una reducción en la desviación estándar de los EBVs, de $1,11 \pm 0,05$ a $1,02 \pm 0,05$. Mientras que para ADG y MP, se observó solo una tendencia de mejora.

CONCLUSIÓN

Estos resultados sugieren que la composición del microbioma ruminal tiene un alto potencial para predecir la ingesta de componentes de la dieta. Su integración en modelos fenotípicos y genéticos podría mejorar la precisión de las evaluaciones genéticas de eficiencia alimentaria y de emisiones de metano en bovinos de carne.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Duthie, C.A. *et al.* 2016. *Animal*, 10: 786-795.
- Martínez-Álvaro, M. *et al.* 2022. *Microbiome* 10
- Troy, S.M. *et al.* 2015. *J. of Animal Sci.* 93: 1815-1823.

Agradecimientos: Al Scotland's Rural College por proporcionar acceso a los datos y las instalaciones. La Dra. Martínez Álvaro agradece el apoyo de la ayuda RYC2021-032618-I (MCIN/AEI y EU/PRTR).