BIOMARCADORES DE LA EFICIENCIA ALIMENTARIA EN OVEJAS LECHERAS: ANÁLISIS METABOLÓMICO DIRIGIDO DE LA LECHE

Fonseca[1*], P.A.S., Toral[1], P.G., Yáñez-Ruiz[2], D.R., Hervás[2], G. y Frutos[1], P.

[1]Instituto de Ganadería de Montaña (CSIC-Univ. de León), Finca Marzanas, 24346 Grulleros, León;
[2]Estación Experimental del Zaidín (CSIC), Profesor Albareda 1, 18008 Granada
*p.fonseca@csic.es

INTRODUCCIÓN

Estimar la eficiencia alimentaria (EF) en ovejas lecheras es muy complejo por la dificultad de medir la ingestión de los animales, ya sea por el esfuerzo en tiempo o por su elevado coste. Sin embargo, conocer las bases biológicas de la EF puede favorecer la selección de animales más eficientes y reducir así los costes de producción y el impacto ambiental, a la vez que se mejora la rentabilidad (Madilindi *et al*., 2022). Por tanto, la identificación de variables sustitutivas que puedan predecir la EF sería de enorme interés. Resultados previos de nuestro grupo de investigación apoyan la creciente evidencia de que el metabolismo proteico (ya sea anabolismo o catabolismo) tiene un papel central en la EF en animales lecheros (Toral *et al*., 2023). En este trabajo, investigamos el potencial de los metabolitos de la leche para agrupar adecuadamente a ovejas lecheras con perfiles de EF divergentes.

MATERIAL Y MÉTODOS

Durante 3 semanas, se recopilaron datos sobre la ingestión, la producción y la composición de la leche, así como el peso vivo de 40 ovejas Assaf en lactación (día 62 ± 0,1 posparto al inicio del ensayo). A partir de estos datos, se calcularon 2 índices de EF: la ingestión residual de alimento (RFI; Marina *et al*., 2024) y el índice de eficiencia alimenticia (FEI; Toral *et al*., 2023), respectivamente. Las ovejas se clasificaron como más eficientes (EF+; n=6) y menos eficientes (EF–; n=6), basándose en los extremos de la distribución de ambos índices (i.e., RFI y FEI). Al final del periodo experimental, se tomaron muestras de leche de cada animal para realizar un estudio metabolómico dirigido para la cuantificación de aminoácidos, aminas, intermediarios metabólicos seleccionados, así como nucleósidos, nucleobases y carnitinas libres y de cadena corta mediante UPLC-MRM/MS. Los datos fueron procesados con el software *Agilent MassHunter Profinder* para la detección de picos y con *Mass Profiler Professional* para su alineación e integración. Posteriormente, utilizando los metabolitos que aparecían en al menos el 75% de las muestras, se llevó a cabo un análisis discriminante de mínimos cuadrados dispersos (sPLS-DA) mediante el paquete *mixOmics* en R (v4.4.2). Tras este paso, se estimaron los valores de importancia variable en la proyección (VIP) de cada metabolito y se seleccionaron aquellos con VIP>1,5. Además, se evaluaron las diferencias en la abundancia de estos metabolitos entre los grupos de EF mediante la prueba U de Mann-Whitney.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Tras el control de calidad, se trabajó con un total de 106 metabolitos. El análisis sPLS-DA realizado con este conjunto de metabolitos logró una completa separación de los grupos de EF, con las dos primeras dimensiones explicando el 19% y el 14% de la variabilidad, respectivamente. Posteriormente, la selección mediante el criterio VIP identificó un subconjunto de 12 metabolitos (ác. D-alfa-aminobutírico, ác. diaminopimélico, 3-hidroxy-L-tirosina, glicina, isoleucina, leucine, metionina, ornitina, fenilalanina, prolina, purina y ác. úrico). La aplicación de sPLS-DA a este subconjunto también permitió una separación completa de los grupos de EF, aumentando considerablemente el porcentaje de variabilidad explicado por la primera dimensión (hasta el 56%). Además, la abundancia de los 12 metabolitos seleccionados fue significativamente diferente entre los grupos EF+ y EF– (P<0,05).

CONCLUSIÓN

Los resultados, aún preliminares, muestran que un subconjunto de 12 metabolitos con diferencias significativas entre los grupos EF+ y EF– separan eficientemente los dos grupos. Estos resultados respaldan el uso de metabolitos lácteos para la clasificación y selección de animales más eficientes.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Madilindi, M.A. *et al.* 2022. Livestock Sci. 258: 104871 • Marina, H. *et al.* 2024. J. Dairy Sci. 107(7): 4743-4757 • Toral, P.G. *et al.* 2021. J. Dairy Sci. 104: 5569-5582 • Toral, P.G. *et al.* 2023. J. Dairy Sci. 106(6): 3947-3960.

Agradecimientos: Proyectos PID2020-113441RB-I00 y PID2023-146979OB-I00 (MCIN/MCIU/AEI, España y Fondos FEDER).