

PREDICCIÓN DEL PERFIL BIOQUÍMICO EN SANGRE DE TERNERAS POR NIR

Guirratí, K., El Yaakoubi, F., Albanell, E., Salama, A.A.K. y Manuelian*, C.L.

Grup de Recerca en Remugants (G2R), Facultat de Veterinària,
Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), 08193 Bellaterra, Barcelona

*carmen.manuelian@uab.cat

INTRODUCCIÓN

Los marcadores bioquímicos permiten evaluar el estado metabólico y nutricional de los animales y detectar deficiencias nutricionales, optimizando así las dietas (Aboshady *et al.*, 2024). Mientras los métodos convencionales son costosos y lentos, la espectroscopía del infrarrojo cercano (NIR) se presenta como una alternativa económica, rápida y no destructiva (Brown *et al.*, 2020). A pesar de su amplia aplicación en diversas áreas, su uso en muestras plasmáticas aún es limitado. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue desarrollar modelos de predicción NIR para determinar marcadores bioquímicos en terneras lactantes alimentadas con leche enriquecida con aminoácidos esenciales.

MATERIAL Y MÉTODOS

Un total de 25 terneras Angus × Frisona de 12 ± 1 días de edad y $41,9 \pm 1,16$ kg de peso vivo fueron divididas en 5 grupos según el tipo de sustituto lácteo: i) leche entera; ii) proteínas lácteas coagulables con Lys, Met y Thr; iii) proteínas séricas con Lys, Met y Thr; iv) proteínas séricas con Lys, Met, Thr y Val, y v) proteínas vegetales con Lys, Met, Thr y Val. Las terneras se mantuvieron estabuladas durante 15 días y eran alimentadas 2 veces al día. El último día se tomaron 175 muestras de sangre de forma seriada (0, 1, 2, 3, 4, 6 y 8 h) tras la toma de la mañana. Para cada muestra plasmática se tomó la lectura NIR y se realizó el análisis bioquímico (creatinina, glucosa, ALT, AST y urea). La lectura NIR se realizó con un NIRSystem 5000 (FOSS, Dinamarca) en el rango de 1,100–2,500 nm cada 2 nm. Se recogieron los espectros en modo transflectancia usando una cubeta de cuarzo con un reflector de oro (0,5 mm paso óptico). Cada muestra se analizó por duplicado y se promedió para obtener un único espectro por muestra. Los modelos de predicción se desarrollaron con Win ISI III (v.1.6, FOSS). Para ello, se dividió el conjunto de datos en un set de calibración (80% de las muestras) y un set de validación (20%) y se desarrolló una regresión de mínimos cuadrados parciales modificados. Los tratamientos espectrales utilizados para corregir el efecto de la dispersión de la luz fueron la variable normal estándar (SNV), la SNV junto con la corrección de tendencia (SNV+D) y la corrección de dispersión múltiple (MSC), combinadas con 6 tratamientos matemáticos. La calidad predictiva se evaluó mediante el coeficiente de determinación para la calibración (R^2), para validación cruzada y para validación externa (R^2_{VAL}); error estándar de calibración (SEC), de validación cruzada y de validación externa (SEP); la desviación predictiva residual, el sesgo y la pendiente.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los marcadores bioquímicos analizados presentaron concentraciones medias de $1,07 \pm 0,110$ mg/dL, $108,9 \pm 15,69$ mg/dL, $48,4 \pm 6,78$ UI/L, $5,89 \pm 1,166$ UI/L, $14,0 \pm 4,17$ mg/dL, para creatinina, glucosa, AST, ALT y urea, respectivamente. Los mejores modelos de predicción se obtuvieron para urea con la corrección SNV ($R^2 = 0,83$; SEC = 1,70), y para glucosa con la corrección MSC ($R^2 = 0,71$; SEC, 6,83). Sin embargo, estos modelos no validaron correctamente (Urea, $R^2_{VAL} = 0,16$; SEP = 3,59; Glucosa, $R^2_{VAL} = 0,42$; SEP = 11,22) y tampoco se consiguieron modelos adecuados para el resto de parámetros ($R^2 < 0,40$). No obstante, García-García *et al.* (2014) demostraron el potencial del NIR como método exploratorio para la determinación de urea ($R^2_{VAL} = 0,83$) y glucosa ($R^2_{VAL} = 0,64$) en suero humano utilizando NIR con Transformada de Fourier (FT-NIR). En soluciones de diálisis artificial, Henn *et al.* (2018) consiguieron buenas calibraciones tanto para urea como para glucosa ($R^2_{VAL} \geq 0,86$) utilizando FT-NIR, pero se debe señalar que estos autores solo utilizaron 49 muestras para la calibración y 25 muestras para la validación de un dializado artificial y no muestras sanguíneas reales.

CONCLUSIÓN

Aunque los coeficientes de determinación para la calibración de urea y glucosa fueron aceptables y en línea con la bibliografía, la validación externa no consiguió los resultados esperables. Los siguientes pasos a seguir serán el desarrollo de modelos con selección de longitud de ondas, así como valorar el potencial predictivo del perfil plasmático de aminoácidos.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aboshady, H.M. *et al.* 2024. Anim. 18: 101354.
- Brown, B.A. *et al.* 2020. Can. J. Anim. Sci. 100: 557-569.
- García-García, J.L. *et al.* 2014. Anal. Methods. 6: 3982-3989.
- Henn, R. *et al.* 2018. J. Biophotonics. 11: e201700365.