

metagenoma del rumen permite la clasificación y la predicción de los niveles de eficiencia de alimentación y de consumo

<https://www.nature.com/articles/s41598-018-36673-w>

Scientific Reports volumen 9 , número de artículo: 11 (2019) |

Beatriz Delgado, Alex Bach, Isabel Guasch, Carmen González, Guillermo Elcoso, Jennie E. Pryce y Oscar Gonzalez-Recio

Resumen

La investigación actual se llevó a cabo para determinar las asociaciones entre la microbiota rumen y rasgos relacionados con la eficiencia del alimento en una población de ganado Holstein ($n = 30$) usando secuenciación metagenoma conjunto. La mejora de la eficiencia alimentaria (EA) es importante para una producción ganadera más sostenible. La variabilidad de la eficacia de utilización del pienso en rumiantes está controlada parcialmente por la microbiota gastrointestinal. La modulación de la composición de la microbiota puede promover una ganadería más sostenible y eficiente. Este estudio reveló que las vacas más eficientes tenían mayor abundancia relativa de *Bacteroidetes* ($P = 0,041$) y *Prevotella* ($P = 0,003$), mientras que inferior, pero no significativa ($P = 0,119$), la abundancia relativa de *Firmicutes . methanobacteria* ($P = 0,004$) y *Methanobrevibacter* ($P = 0,003$) también fueron menos abundantes en las vacas de alta eficiencia. Un conjunto de metagenoma de novo se llevó a cabo usando de gráficos Brujin en Megahit resultantes en 496,375 contigs. Un pre-selección agnóstico de contigs microbianas permitió alta precisión de la clasificación para el Fe y de admisión niveles usando clasificación jerárquica. Estos contigs microbianas también fueron capaces de predecir FE y los niveles de ingesta con una precisión de 0,19 y 0,39, respectivamente, en una población independiente ($n = 31$). No obstante, se prevé una exactitud mayor potencial hasta 0,69 en este estudio para conjuntos de datos que permitieron una mayor potencia estadística. análisis de enriquecimiento mostraron que los genes dentro de estos contigs se participa principalmente en ácidos grasos y vías de degradación de celulosa. Los resultados indicaron que existen diferencias entre las composiciones de la microbiota de animales de alta y de baja eficiencia tanto en los niveles taxonómicos y de genes. Estas diferencias son aún más evidentes en términos de los niveles de ingesta. Algunas de estas diferencias se mantienen incluso entre las poblaciones bajo diferentes dietas y entornos, y pueden proporcionar información sobre el rendimiento de la utilización del alimento sin información sobre el nivel de consumo individual.
