



## EFECTO DE LA DIETA EN LA DIVERSIDAD BACTERIANA DEL CONTENIDO RUMINAL DE BECERROS LACTANTES

PABLO LOPEZ GOMEZ<sup>1</sup>, CANDIDO ENRIQUE GUERRA MEDINA<sup>1</sup>, JOSE DE JESUS MALDONADO MENDEZ<sup>1</sup>, BIAANI BEEU MARTINEZ VALENCIA<sup>1</sup> y JOSE OCTAVIO LOPEZ RODRIGUEZ<sup>2</sup>

1 Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias, 2 Universidad de Guadalajara.  
lopez.pablo@inifap.gob.mx

La producción de carne de bovino inocua y de calidad en México está limitada por diversos factores, tiene un déficit, situación que se puede superar si se identifican los factores que incrementen la producción. Uno de ellos es el desarrollo ruminal para el establecimiento de los microorganismos ruminales. Estudiar las especies bacterianas en esta etapa es importante para explicar la respuesta productiva del animal. En este trabajo se caracterizó molecularmente la composición bacteriana del rumen bajo dos condiciones de alimentación. Se extrajo ADN total a partir de 50  $\mu$ L de líquido ruminal de dos becerros lactantes de cruce Cebú x Suizo sacrificados a 90 días, un becerro del tratamiento sin iniciador (pastoreo más leche) y uno que ha consumido iniciador más pasto y leche. Se generaron amplicones con el uso de primers universales (357F y CD) para la identificación de bacterias y se utilizó la técnica de secuenciación por síntesis (SBS) con el sistema MiSeq de Illumina. Para el tratamiento testigo se obtuvieron un total de 136,387 lecturas (62.33 %), los cuales corresponden a especies no clasificadas. El 35.21 % restante correspondió a *Dysgonomonas wimpennyi*, *Paraprevotella clara*, *Prevotella dentasini*, *Oscillospira eae*, *Thermovenabulum ferriorganovorum*, *Prevotella brevis* y *Butyrivibrio proteoclasticus*. Mientras que para el tratamiento innovador se encontró que 152,803 lecturas correspondieron a especies no clasificadas, lo que representa el 60.89 %. El 4.92 % correspondió a *Dysgonomonas wimpennyi*. El resto (31.59 %) se distribuyeron en *Desulfonauticus autotrophicus*, *Prevotella ruminnicola*, *Paraprevotella clara*, *Bacteroides denticanum*, *Erysipelothrix muris* y *Thermovenabulum ferriorganovorum*. En ambos tratamientos corresponden a las ocho especies con mayores lecturas de 714 y 884 clasificaciones, respectivamente. *Dysgonomonas wimpennyi*, *Paraprevotella clara*, *Thermovenabulum ferriorganovorum*, fueron comunes en ambas muestras. El resto fueron diferentes; por lo que, se encontró diferencia en la diversidad de especies bacterianas por efecto de la dieta en bovinos lactantes.