

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN
POSGRADO CONJUNTO AGRONOMÍA-VETERINARIA



**EFICIENCIA PRODUCTIVA Y PERFIL DEL MICROBIOMA RUMINAL DE
BECERROS CON BAJO Y ALTO CONSUMO RESIDUAL DE ALIMENTO**

POR

NELSON MANZANARES MIRANDA

Como requisito parcial para obtener el grado de:

Doctor en Ciencia Animal

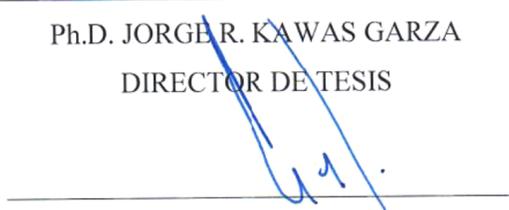
**EFICIENCIA PRODUCTIVA Y PERFIL DEL MICROBIOMA RUMINAL DE
BECERROS CON BAJO Y ALTO CONSUMO RESIDUAL DE ALIMENTO**

Aprobación de tesis por el comité particular de
NELSON MANZANARES MIRANDA

COMITÉ DE TESIS



Ph.D. JORGE R. KAWAS GARZA
DIRECTOR DE TESIS



Dr. GUSTAVO MORENO DEGOLLADO
CO-DIRECTOR



Ph.D. GERARDO MÉNDEZ ZAMORA
CO-DIRECTOR



Ph.D. HUMBERTO GONZÁLEZ RODRÍGUEZ
CO-DIRECTOR



Dra. YAREELLYS RAMOS ZAYAS
CO-DIRECTORA

**EFICIENCIA PRODUCTIVA Y PERFIL DEL MICROBIOMA RUMINAL DE
BECERROS CON BAJO Y ALTO CONSUMO RESIDUAL DE ALIMENTO**

Aprobación de tesis por el comité particular de

NELSON MANZANARES MIRANDA

COMITÉ DE TESIS



Ph.D. JORGE R. KAWAS GARZA
DIRECTOR DE TESIS



Dra. YAREELLYS RAMOS ZAYAS
CO-DIRECTORA



Dr. UZIEL CASTILLO VELÁZQUEZ
SUBDIRECTOR DE POSGRADO E INVESTIGACIÓN

AGRADECIMIENTOS

A Dios, por permitirme llegar a este importante momento de mi vida.

Al posgrado en conjunto de la Facultad de Agronomía y Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Autónoma de Nuevo León, ya que, a través de este programa, logré obtener un gran conocimiento y desarrollo profesional.

De manera especial, deseo agradecer al Sr Rector de la UANL, Dr. Med: Santos Guzmán López, por su valioso apoyo, motivación, confianza y facilidades brindadas para realizar la presente investigación.

A mi director de tesis, el Ph.D. Jorge R. Kawas, por su gran apoyo y guía a lo largo de este proceso de formación académica y científica. Muchas gracias, mi aprecio y reconocimiento.

A mi comité de tesis, el Dr. Gustavo Moreno Degollado, Ph.D. Gerardo Méndez Zamora, Ph.D. Humberto González Rodríguez y a la Dra. Yareelys Ramos Zayas, muchas gracias por todos sus consejos, tiempo dedicado, motivación y recomendaciones para para la elaboración de esta tesis.

Ph.D. Marco Vinicio Gómez Meza por sus asesorías para la conclusión de la tesis.

A mis compañeros del Centro de Investigación en Producción Agropecuaria, Mtro. Omar Rivera Uriarte, CP. Lilia Bazaldúa Rodríguez y Dra. Perla Rodríguez Balboa, por la ayuda que me brindaron para realizar este trabajo de investigación.

A todo el personal que forma parte del CIPA, por su atención y por facilitarme los procesos necesarios durante la investigación.

¡Muchas gracias a todos!

DEDICATORIA

A mi esposa Betty Reyes

A mis hijos Nelson, Ximena y Juan Pablo

A mis padres Simón Manzanares y Tayde Miranda

ÍNDICE

Página

1	INTRODUCCIÓN	1
2	REVISIÓN DE LITERATURA	3
2.1	Desempeño animal	3
2.1.1	Ganancia diaria de peso	7
2.1.2	Consumo de materia seca	8
2.1.3	Eficiencia alimenticia	9
2.2	Consumo de alimento residual	10
2.2.1	Relación entre tamaño corporal y tasa de crecimiento	12
2.2.2	Relación entre RFI y la calidad de la composición de la canal.....	14
2.2.3	Composición corporal y la ganancia.....	16
2.2.4	Relación entre el consumo de alimento y el RFI	18
2.2.5	Genética y el RFI	18
2.2.6	Rasgos fisiológicos de la variación en el RFI.....	24
2.2.7	Beneficios de la selección mediante RFI.....	24
2.3	Relación del microbioma con el RFI	25
2.3.1	Importancia de la microbiota ruminal.....	27
2.3.2	Bacterias	27
2.3.3	Archaea	28
2.3.4	Protozoos	29
2.3.5	Amebas	29
2.3.6	Hongos.....	30
2.3.7	Bacteriófagos	30
2.3.8	Líquido ruminal	30
3	CAPÍTULO 1. RELACIÓN ENTRE EL CONSUMO RESIDUAL DE ALIMENTO, GANANCIA DE PESO Y CONSUMO DE MATERIA DE SECA EN GANADO SIMMENTAL Y SIMBRAH.	32
3.1	Resumen	32
3.2	Abstract	32
3.3	Justificación	33
3.4	Hipótesis	33
3.5	Objetivos	33
3.5.1	Objetivo general.....	33
3.5.2	Objetivos específicos	34
3.6	Materiales y métodos	34
3.6.1	Animales y manejo	34
3.6.2	Alimentos y manejo	35
3.6.3	Variables evaluadas	35
3.6.4	Análisis estadístico	37
3.7	Resultados	38
3.8	Discusión	44
3.9	Conclusión	45

4	CAPÍTULO 2. DESEMPEÑO PRODUCTIVO DE TORETES DE RAZA CHAROLAIS CON ALTO Y BAJO CONSUMO RESIDUAL DE ALIMENTO.....	46
4.1	Resumen	46
4.2	Abstract	46
4.3	Justificación.....	46
4.4	Hipótesis	46
4.5	Objetivos.....	47
4.5.1	Objetivo general.....	47
4.5.2	Objetivos específicos	47
4.6	Materiales y métodos.....	47
4.6.1	Animales y manejo	47
4.6.2	Alimentación y manejo	48
4.6.3	Análisis estadístico	49
4.7	Resultados	51
4.8	Discusión.....	55
4.9	Conclusión.....	56

5	CAPÍTULO 3. EFECTO DEL NIVEL DE PROTEÍNA EN EL DESEMPEÑO PRODUCTIVO Y CONSUMO RESIDUAL DE ALIMENTO DE TORETES SIMMENTAL CONSUMIENDO DIETAS ISOENERGÉTICAS.	57
5.1	Resumen	57
5.2	Abstract	57
5.3	Justificación.....	57
5.4	Hipótesis	58
5.5	Objetivos.....	58
5.5.1	Objetivo general.....	58
5.5.2	Objetivos específicos	58
5.6	Materiales y métodos.....	58
5.6.1	Animales y manejo	59
5.6.2	Período de adaptación.....	59
5.6.3	Período de evaluación de eficiencia alimenticia.....	60
5.6.4	Alimentación y manejo.....	60
5.6.5	VARIABLES A EVALUAR.....	61
5.6.6	Análisis estadístico	62
5.7	Resultados	63
5.8	Discusión.....	68
5.9	Conclusión.....	69

6	CAPÍTULO 4. PERFIL DEL MICROBIOMA Y PRODUCCIÓN DE ÁCIDOS GRASOS VOLÁTILES EN EL RUMEN DE GANADO BEEFMASTER CON BAJO Y ALTO CONSUMO RESIDUAL DE ALIMENTO.....	70
6.1	Resumen	70
6.2	Abstract	71
6.3	Justificación.....	71
6.4	Hipótesis	72
6.5	Objetivos.....	72
6.5.1	Objetivo general.....	72

6.5.2	Objetivos específicos	72
6.6	Materiales y métodos.....	72
6.6.1	Animales de experimentación.....	72
6.6.2	Extracción de ADN.....	73
6.6.3	PCR y secuenciación	73
6.6.4	Bioinformática	74
6.6.5	Abundancia de taxones microbianos	74
6.6.6	Predicción de perfiles funcionales	74
6.6.7	Análisis de ácidos grasos volátiles.....	75
6.6.8	Análisis estadístico	75
6.7	Resultados	75
6.7.1	Muestras.....	75
6.7.2	Resultados de secuenciación.....	76
6.7.3	Análisis de variación.....	76
6.7.4	Diferencias en la abundancia microbiana entre BRFI y ARFI	76
6.7.5	Diversidad alfa.....	82
6.7.6	Diversidad beta	84
6.7.7	Predicciones funcionales usando PICRUST2	84
6.7.8	Ácidos grasos volátiles	85
6.8	Discusión.....	85
6.9	Conclusión.....	89
7	LITERATURA CITADA.....	90

ÍNDICE DE FIGURAS

Página

Figura 1. Consumo de materia seca actual y esperada en la alimentación de novillos.	12
Figura 2. Curva de crecimiento sigmoidea.....	13
Figura 3. Valores medios (\pm error estándar) y su interacción para GDP, CMS y RFI en función de la raza y sexo.	43
Figura 4. Relación entre el peso final como función del peso inicial en 57 toretes Charolais. Se incluye la ecuación de regresión y el coeficiente de determinación (R^2).	55
Figura 5. Diagramas de caja que muestran la abundancia de <i>Succiniclasticum</i> (Firmicutes) según datos transformados por clr. Los datos se muestran tanto para el día del muestreo como para el método de extracción de ADN. Hubo una diferencia significativa entre BRFI y ARFI ($p = 0.0011$), sin efecto del tiempo o de la extracción de ADN.	80
Figura 6. Gráficos de cajas que muestran la abundancia de BS11 (Bacteroidetes) según datos transformados por clr. Los datos se muestran tanto para el día del muestreo como para el método de extracción de ADN. Hubo una diferencia significativa entre BRFI y ARFI ($p = 0.0021$) y los métodos de extracción de ADN ($p = 0.0003$), sin efecto del tiempo.	81
Figura 7. Diagramas de caja que muestran la abundancia de SHD-231 (familia Anaerolinaceae, Chloroflexi) basados en datos transformados por clr. Los datos se muestran tanto para el día del muestreo como para el método de extracción de ADN. Hubo una diferencia significativa entre BRFI y ARFI ($p = 0.0059$) y los métodos de extracción de ADN ($p = 0.0020$), sin efecto del tiempo.	81
Figura 8. Diagramas de caja que muestran la abundancia de RF-32 (alfaproteobacteria) según los datos transformados por clr. Los datos se muestran tanto para el día del muestreo como para el método de extracción de ADN. Hubo una diferencia significativa entre BRFI y ARFI ($p = 0.0069$) y los métodos de extracción de ADN ($p < 0.0001$), sin efecto del tiempo.	82
Figura 9. Diagramas de caja que muestran el número de características. Los datos se muestran tanto para el día del muestreo como para el método de extracción de ADN. Todas las demás métricas de diversidad alfa fueron significativamente más altas usando muestras del kit A sin diferencias significativas entre BRFI y ARFI.....	82

ÍNDICE DE TABLAS

	Página
Tabla 1 Ingredientes y composición química del alimento utilizado en la evaluación de hembras y machos de la raza Simmental y Simbrah.	36
Tabla 2. Estadística descriptiva para ganancia diaria de peso, consumo de materia seca y consumo residual de alimento (RFI).	39
Tabla 3. Pruebas de normalidad y de igualdad de varianzas para ganancia diaria de peso, consumo de materia seca y consumo residual de alimento.	40
Tabla 4. Resumen del análisis de varianza de acuerdo con el diseño completamente al azar, con un arreglo factorial 2 x 2, considerando las razas y el sexo como factores principales y su interacción (raza x sexo).	41
Tabla 5. Valores de la estadística descriptiva del CMS, la GDP y el RFI por raza y sexo.	42
Tabla 6. Ingredientes y composición química del alimento utilizado en la evaluación de toretes de raza Charolais.	50
Tabla 7. Valores promedio (\pm error estándar de la media) del peso inicial (PI), peso final (PF), ganancia diaria por periodo (GDP), consumo diario de materia seca (CMS), conversión y eficiencia alimenticia de prospectos a sementales Charolais con RFI negativo (RFI = -0.421) y RFI positivo (RFI = +0.439) en prueba experimental de 81 días. El resumen del análisis de la varianza (ANOVA) en términos del cuadrado medio del error (CME), valor F y valor p son denotados. Valores $p < 0.05$ son presentados en negritas.	53
Tabla 8. Valores promedio (\pm error estándar de la media) de algunas características de la canal de prospectos a sementales Charolais con RFI negativo (RFI = -0.421) y RFI positivo (RFI = +0.439) en prueba experimental de 81 días. El resumen del análisis de la varianza (ANOVA) en términos del cuadrado medio del error (CME), valor F y valor p son denotados. Los datos RFI, PI y PF se incluyen a manera de referencia.	54
Tabla 9. Ingredientes y composición química de la dieta de alimento utilizado en el estudio de toretes de raza Simmental y Simbrah, con 13 y 16% de proteína cruda.	61
Tabla 10. Análisis estadísticos de las variables de desempeño productivo y características de la canal.	65
Tabla 11. Análisis estadístico para las características de la canal.	66
Tabla 12. Coeficientes de correlación de Pearson ($n = 18$) entre distintas variables de desempeño productivo y características de la canal de toretes de las razas Simbrah y Simmental estudiados bajo dos dietas de proteína cruda (13% y 16%). Valores por encima y por debajo de la diagonal representan los coeficientes de correlación y nivel de significancia (valor p), respectivamente. Valores en negritas denotan correlación significativa ($p < 0.05$).	67
Tabla 13. Estadísticos descriptivos de parámetros productivos para BRFI y ARFI ¹	78
Tabla 14. Resultados de secuenciación para cada kit de extracción de ADN.	78
Tabla 15. Resumen de resultados estadísticos (valores p) a nivel de phylum ¹	79
Tabla 16. Parámetros de diversidad alfa media del kit A utilizando la tabla filtrada ¹	83
Tabla 17. Parámetros de diversidad alfa media del kit B utilizando la tabla filtrada.	83

NOMENCLATURAS

AC	Altura a la cadera
ADN	Ácido desoxirribonucleico
CA	Conversión alimenticia
CE	Circunferencia escrotal
CMS	Consumo diario de materia seca
d	Día
DEP	Diferencias esperadas de la progenie
EA	Eficiencia alimenticia
ENm	Energía neta para mantenimiento
FG	Fracción grasa
FLG	Fracción libre de grasa
GDP	Ganancia diaria de peso
RFI	Residual feed intake
kg	Kilogramos
MS	Materia seca
IM	Intramuscular
INIFAP	Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias
Mcal	Megacaloría
PA	Peso al año
PC	Proteína cruda
PD	Peso al destete
PDM	Peso al destete materno
PDMT	Peso al destete materno total
PF	Peso final
PI	Peso inicial
PM	Peso metabólico
PN	Peso al nacimiento
PP	Peso promedio

1 Introducción

La Organización para la Alimentación y la Agricultura (FAO) de la ONU ha previsto que la demanda mundial de carne y proteína láctea se duplicará para el 2050 debido al continuo crecimiento poblacional y el aumento de los ingresos per cápita. A medida que aumentan los ingresos disponibles en los países en desarrollo, la gente elige incluir más alimentos ricos en proteína de origen animal en su dieta. Esta creciente demanda de proteína animal requerirá un consiguiente incremento en el suministro de los granos de cereales y fuentes de proteína de origen vegetal para los animales para uso en los sistemas de producción ganadera. Desafortunadamente, este rápido aumento de la demanda mundial para la alimentación animal coincide con una reasignación de los recursos de tierras de cultivo para apoyar la producción de bioenergía a partir de granos de cereales.

Para México, las unidades de producción agropecuarias y forestales constituyen el principal uso del suelo del país, cubriendo una superficie de 112.3 millones de hectáreas, lo que representa el 57.3% del territorio nacional, según información del Octavo Censo Agrícola, Ganadero y Forestal (INEGI, 2007). Por otro lado, de acuerdo con los datos del Servicio de Información y Estadística Agroalimentaria y Pesquera de la SAGARPA, México posee una gran diversidad de Recursos Genéticos Pecuarios, contando con un total de 45 razas de ganado bovino, de las cuales, 26 son europeas (*Bos taurus*), 7 cebuínas (*Bos indicus*) y 12 compuestas, es decir, producto de cruzamientos entre razas europeas y cebuínas.

El estado de Nuevo León, cuenta con una superficie ganadera que asciende a poco más de 5.5 millones de hectáreas, el 86% de la superficie estatal, de las cuales el 90% son de agostadero y el 10% restante de praderas. El inventario ganadero en el estado asciende a 386,474 cabezas (Corporación para el Desarrollo Agropecuario de Nuevo León, 2008). En México, existe una gran variabilidad genotípica y fenotípica de los bovinos de abasto, las diferencias en cobertura grasa, color, musculatura, entre otros, deberían hacer que el valor de los animales sea diferente según el mercado en el que se expone (INIFAP 2013). Hoy en día, Nuevo León ocupa el lugar 20 en la producción nacional de ganado bovino.

Diversas razas de ganado bovino se han adaptado a las condiciones climáticas de Nuevo León, incluyendo Beefmaster, Charoláis, Simmental, Simbrah, Brangus Rojo, Santa Gertrudis, Italianas (Chianina y Romagnola), Long Horn, Limousin, Suizo Europeo, Charbray, Braford, entre otras. El estado de Nuevo León ha sido reconocido internacionalmente por la calidad en la carne de su ganado. Adicionalmente, en Nuevo León el consumo de carne per cápita es de 35 kg al año (Asociación de Engordadores de Ganado Bovino del Noreste, 2021), de los más altos en el país, mismo que también se compara favorablemente con el promedio nacional de 15.1 kg (Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera, 2020).

La tesis está estructurada de la siguiente manera. Una revisión de literatura global, la cual aborda las diferentes temáticas relacionadas a los diversos aspectos de los experimentos realizados, cuatro capítulos que documentan las investigaciones realizadas y una conclusión general. El capítulo 1 considera la correlación entre el consumo residual de alimento y las diferencias esperadas de la progenie en ganado Simmental y Simbrah. El capítulo 2 trata sobre el desempeño productivo de toretes de raza Charolais con alto y bajo consumo de alimento residual. El capítulo 3 aborda el tema del efecto del nivel de proteína en el desempeño productivo y consumo residual de alimento de toretes Simmental consumiendo dietas isoenergéticas, y finalmente. El capítulo 4 está enfocado en el perfil de microbioma y producción de ácidos grasos volátiles en el rumen de ganado Beefmaster con bajo y alto consumo residual de alimento.

2 Revisión de literatura

2.1 Desempeño animal

El concepto del consumo residual de alimento (RFI, residual feed intake), una medida común para medir la eficiencia de utilización de un alimento en el ganado, independiente de su peso corporal o su nivel de producción, fue propuesta hace más de 50 años por Koch et al. (1963). El RFI se define como la diferencia entre el consumo actual de materia seca (CMS) de un animal y el CMS requerido para el mantenimiento y el crecimiento estimados a través de una ecuación de regresión que considera el peso corporal metabólico y la ganancia diaria de peso (GDP) (Koch et al., 1963). La principal ventaja de identificar los animales más eficientes (ej., con menos RFI) tiene el propósito de reducir el CMS del ganado en los sistemas de producción vaca-becerro, sin comprometer el crecimiento, debido a que los costos relacionados con la alimentación representan el mayor gasto de la producción de carne (Seabury et al., 2017).

La reducción en el costo del kg incrementado minimizaría los costos de alimentación, lo que resultaría en la maximización de las utilidades de la industria cárnica. En un estudio en Australia, una variación de aproximadamente el 20% en el RFI en ganado de carne, se pudo explicar por las diferencias en las funciones relacionadas con el rumen, tales como digestión microbiana y metabolismo epitelial (Herd et al., 2004). Hay evidencia que indica que los toros y vaquillas productoras de carne más eficientes tienen mayor digestibilidad de la materia seca (MS), materia orgánica (MO), fibra en detergente neutro (FDN), proteína y nutrientes digestibles totales (McDonnell et al., 2016; Bonilha et al., 2017), subrayando la vital participación de los microbios ruminales y del tejido epitelial como conductores vitales de la divergencia en el RFI. Consecuentemente, investigación adicional debe realizarse para evaluar los microbios ruminales y el tejido epitelial del ganado con bajo y alto RFI, lo cual permitiría identificar los mecanismos fisiológicos potenciales para mejorar la absorción de nutrientes del ganado con mejor eficiencia alimenticia. La asociación entre los cambios en el perfil de las bacterias ruminales y el RFI divergente ha sido sugerido previamente.

Por ejemplo, en comparación con los menos eficientes, los toros Brahman más eficientes tienen mayor abundancia de *Bacteroides*, pero menos *Prevotella* (McCann et al., 2014). En un estudio reciente, Liang et al. (2017) reportaron que los corderos más eficientes tenían menos *Butyrivibrio fibrisolvens* y *Escherichia coli*. La asociación entre la eficiencia alimenticia del ganado de carne y cambios en la transcripción génica del epitelio ruminal se ha presentado recientemente. Kong et al. (2016) reportaron que, en comparación con los menos eficientes, los novillos de engorda más eficientes tenían una mayor expresión de genes relacionados con la absorción de AGV (dynamina-2, DNM2; tubulina beta-5, TUBB5; tubulina alpha-4a, TUBA4A). Una mayor expresión de genes relacionados con el crecimiento y la proliferación celular tales como el transportador soluto (sustancia disuelta), familia 26, miembro 3 (SLC26A3), caveolina 1 (CAV1), NAD(P)H quinona dehidrogenasa 1 (NQO1), y regulador de proteína G, señalización 5 (RGS5), fueron detectados en novillos clasificados como de alta ganancia de peso y bajo consumo de alimento, en comparación con los novillos menos eficientes (Kern et al., 2016). La mayoría de los estudios disponibles con respecto al RFI en ganado de carne están limitados a machos o hembras, por lo que la asociación entre el RFI y el sexo amerita más investigación.

Se ha hipotetizado que la evaluación holística de la relación entre el RFI y la función ruminal, incluyendo las respuestas de las bacterias y el epitelio ruminal, en ambos, novillos y vaquillas, pudiera proveer conocimiento con respecto a los mecanismos biológicos con respecto a la variación de la divergencia del RFI entre sexos. Tal información ayudaría a descubrir biomarcadores para identificar a los animales más eficientes. En este sentido, en el presente trabajo se abordó el tema de eficiencia durante 70 días en novillos y vaquillas Red Angus. Bacterias ruminales que tienen un rol clave en la digestión de celulosa (*Fibrobacter succinogenes*, *Eubacterium ruminantium*) (Kozakai et al., 2007; Wu et al., 2017), desdoblamiento de la hemicelulosa (*Prevotella bryantii*) (Matsui et al., 2000), degradación de la xilosa (*Butyrivibrio proteoclasticus*) (Moon et al., 2008), consumo de almidón (*Succinimonas amylolytica*, *Streptococcus bovis*, *Succinovibrio dextrinosolvens*) (Khafipour et al., 2009), utilización de lactato (*Megasphaera elsdenii*, *Selenomonas ruminantium*) (Hungate, 1966; Chowdhury et al., 2015), y biohidrogenación ruminal (*Anaerovibrio lipolytica*) (Zhu et al., 2017), han sido cuantificadas en la fracción sólida del rumen. Adicionalmente, la abundancia de genes del epitelio ruminal que tienen roles clave en la

absorción de AGV (Stumpff, 2018), metabolismo (Minuti et al., 2015; Kern et al., 2017), ketogenesis (O'Shea et al., 2016; Xiang et al., 2016), y respuesta inmune-inflamatoria (McCann et al., 2016), que puedan estar afectados por los cambios en el consumo de alimento entre grupos de RFI, han sido medidos al sacrificio.

Los valores del mejoramiento genético para el consumo de alimento y la eficiencia alimenticia en ganado de carne son generalmente derivados de dietas altamente concentradas (HC) y bajo condiciones de manejo estabuladas. En las regiones templadas del noroeste de Europa, la mayoría del consumo de alimento en el ganado de carne durante su periodo de vida proviene de pasto de praderas y pastura ensilada. En este sentido, Lahart et al. (2020) evaluaron la repetitividad del consumo de alimento y eficiencia alimenticia durante tres periodos sucesivos de dietas, comprendiendo silo de pasto más concentrado (S+C), pasto de pradera (GRZ) y una dieta altamente concentrada (HC) en 97 bovinos de carne. El consumo de materia seca (DMI), la razón DMI/kg Peso Vivo (BW) y la razón Ganancia: Consumo (G:F) fueron evaluadas. Se observó una correlación significativa para DMI entre los periodos S+C y GRZ, así como también entre los periodos S+C y HC, en cambio, no se encontró asociación para DMI entre los periodos GRZ y HC. Se detectó una correlación significativa para la razón DMI/kg BW entre los periodos S+C y GRZ y entre los periodos S+C y HC. Se detectó una correlación significativa para el RFI entre los periodos S+C y GRZ, así como también entre los periodos S+C y HC, en cambio, no se detectó relación para el RFI entre los periodos GRZ y HC. La razón G:F no se correlacionó entre los periodos de prueba. Los resultados del presente trabajo muestran que la evaluación de los animales tanto para consumo de alimento como eficiencia alimenticia en condiciones estabuladas con dietas HC no reflejan su desempeño fenotípico cuando consumen dietas a base de forraje ensilado o pasto de praderas.

En la actualidad existen diversos programas de selección de ganado que utilizan herramientas matemáticas que permiten predecir el desempeño futuro, sustentado en el análisis de información productiva de los animales y sus parientes (ascendientes, descendientes, medios hermanos y primos), con la finalidad de obtener mayor cantidad de información para hacer que la predicción sea más precisa.

La genética moderna está encaminada al desarrollo de nuevas herramientas que permitan hacer predicciones más exactas, como el desarrollo de la genética molecular, que identifica el ADN y la presencia de marcadores moleculares que intervienen en algunas características particulares como el marmoleo, la eficiencia en pastoreo, habilidad reproductiva, entre otras.

El modelo que comúnmente se utiliza es el de predicciones genéticas del crecimiento, que incluye los pesos al nacer, al destete, al año y a los 18 meses, logrando obtener animales de mayor tamaño, que demandan mayor cantidad de nutrientes, alejándose de la eficiencia reproductiva. Dentro de las herramientas usadas para la selección de animales eficientes destacan:

1. Evaluación morfoestructural: se observa apariencia externa que es una evaluación subjetiva y las medidas de la estructura corporal.
2. Genética cualitativa: evalúa las características estructurales de la piel como el pelo, color y presencia de cuernos.
3. Genética cuantitativa: usa modelos estadísticos del desempeño productivo, donde se calcula los DEP (diferencia esperada progenie) de crecimiento.
4. Genética molecular: es utilizada para la selección asistida con marcadores moleculares de algunas características como el desempeño del animal, temperamento, habilidad reproductiva, eficiencia reproductiva, eficiencia de consumo de alimento y marmoleo.

Todas estas herramientas son usadas con el fin de mejorar la selección animal. Los métodos de clasificación lineal son una descripción de las variables fenotípicas de mayor interés en la adaptación del ganado, y que tienen mayor relevancia en el comportamiento animal, como son los aplomos, la fortaleza, la longitud corporal y la estatura (Bueno, 2013).

En la actualidad, se han realizado trabajos con terneros que han permitido mejorar el peso al destete, mediante la aplicación de estrategias de manejo reproductivo de la vaca, indirectamente del manejo alimenticio de la cría. Este tipo de estrategias pueden generar

respuestas positivas en los terneros debido a un mejor peso al destete, disminución de la edad de la vaquilla para entrar a la vida productiva, y la edad al sacrificio de los novillos o toretes (Prieto et al., 2013).

De igual manera, otro de los factores que está estrechamente vinculado con el desempeño productivo es el clima, que a pesar de que los animales ya están adaptados a las condiciones medioambientales en las que viven, en ocasiones el clima cambiante les produce estrés. La forma en cómo estos le hacen frente al problema, es mediante cambios en su fisiología y su comportamiento, lo cual implica cambios en los requerimientos nutricionales, siendo el agua y la energía los más afectados; estos cambios que realiza el animal provocan una reducción en su desempeño productivo. Como parte de la estrategia de adaptación del animal, se ha observado que el consumo diario de MS y el consumo diario de agua (CDA) son directamente afectados, ya que ambos se relacionan al balance térmico del ganado e impactan la regulación de la temperatura corporal.

Se ha comprobado que los animales que se crían en corrales de engorda aumentan su consumo de agua en verano y disminuye el consumo de materia seca. Si un animal se encuentra en su zona de termo-neutralidad (zona de confort), la energía de la dieta es utilizada para mantenimiento, crecimiento, producción de carne o leche, y actividad física. De igual manera, el clima afecta indirectamente al ganado reduciendo la cantidad y calidad de los forrajes y otros alimentos que se producen. Durante periodos de condiciones climáticas adversas, se han reportado variaciones en el consumo de alimento, reducciones en las ganancias de peso y en ocasiones muerte del ganado (Arias et al., 2008).

2.1.1 Ganancia diaria de peso

La ganancia diaria de peso (GDP) es la variable que representa el crecimiento o aumento de peso del ganado. Fisiológicamente, el aumento de peso consiste en la acumulación principalmente proteína, grasa y agua en el músculo (Di Marco, 2007). Es importante que la ración diaria se ofrezca en cantidad adecuada y que satisfaga los requerimientos de nutrientes para el crecimiento, mantenimiento y ganancia de peso. Cada uno de estos procesos requiere energía, proteína, minerales, vitaminas y agua en cantidades adecuadas para cada etapa de producción. El éxito y buen funcionamiento de un sistema

intensivo de engorda de bovino depende de un buen programa de alimentación, por esto es importante balancear una dieta que satisfaga los requerimientos nutricionales del ganado en crecimiento y para engorda.

2.1.2 Consumo de materia seca

Los alimentos contienen una fracción seca y otra fracción húmeda. El consumo de alimento por rumiantes debe expresarse en base seca. El consumo de MS puede variar de 1.8 a 3.5% del peso vivo, dependiendo de la edad, la densidad energética de la dieta, entre otros factores. Para formular adecuadamente una dieta, es importante conocer el contenido de MS de los ingredientes alimenticios. Los forrajes (henos, esquimos agrícolas y ensilajes) varían en su contenido de humedad, por lo que es importante medirla frecuentemente para formular con más precisión.

Uno de los factores importantes que pueden afectar el consumo de materia seca es el factor climático. Durante el verano, con altas temperaturas ambientales, el consumo de materia seca (CMS) se puede reducir considerablemente, especialmente con raciones altamente densidad energética, observándose una relación inversa entre temperatura ambiental y el consumo voluntario de alimento. La reducción del CMS durante las épocas de mucho calor se debe a que hay un mayor incremento calórico generado por el metabolismo microbiano y animal, por lo que el animal tiene que eliminar ese exceso de calor mediante el jadeo.

El clima afecta al ganado directa e indirectamente, ya que modifica la calidad y/o cantidad de alimentos disponibles, los requerimientos de agua y energía, la cantidad de energía consumida y el uso de esta. Los animales hacen frente a las condiciones adversas del clima mediante la modificación de mecanismos fisiológicos y de comportamiento para mantener su temperatura corporal dentro de un rango normal. Como consecuencia, es posible observar alteraciones en el consumo de alimento (materia seca), comportamiento y productividad. Estos cambios se acentúan bajo condiciones extremas de frío o calor, implicando drásticas reducciones en los índices productivos, tales como tasa de ganancia de peso y producción diaria de leche (Arias et al., 2008).

2.1.3 Eficiencia alimenticia

Debido a que dos tercios del costo de producción del ganado bovino está directamente relacionado con el costo de los alimentos, las estrategias que mejoren la eficiencia de utilización del alimento podrán incrementar la viabilidad económica de las operaciones ganaderas.

Las técnicas tradicionales utilizadas para medir la eficiencia alimenticia (EA), como la relación ganancia y el consumo de alimento, tienen una utilidad limitada en los programas para mejorar el mérito genético para la eficiencia alimenticia de ganado bovino, ya que están fuertemente influenciadas por los patrones de crecimiento y la madurez.

2.2 Consumo de alimento residual

La medida de eficiencia energética de mayor uso en ganado bovino es el RFI, fue propuesto por Koch et al. (1963), quienes sugirieron que el consumo de alimento podía ser ajustado de acuerdo con variables como ganancia diaria de peso o cualquier característica de interés que demande gasto energético.

Una medida alternativa de la eficiencia alimenticia es el RFI, que es la diferencia entre el consumo de alimento actual de un animal con lo que se cree que será el consumo de alimento basado en el crecimiento y su peso corporal, sobre un periodo específico en que se ponen a prueba, siendo relativamente fácil de medir con la tecnología adecuada (Koch et al., 1963; Archer et al., 1999). Este rasgo es moderadamente heredable y genéticamente independiente del crecimiento y tamaño corporal (Crews, 2006), con un rango que va desde 0.28 a 0.58 (Koch et al., 1963; Crews et al., 2003), lo que lo convierte en un rasgo que es fácil de transmitir a la progenie, y que al poder seleccionar ganado con un RFI bajo, el productor podrá reducir el consumo de alimento de un hato en un 10-15%, manteniendo el mismo nivel de producción. Esto permite a los ganaderos hacer un rápido progreso en la genética, optimizando los recursos. Para esto se han hecho estudios en diferentes poblaciones y razas de ganado bovino sometidas a pruebas de RFI, que demuestran que la selección de animales con un RFI eficiente tienden a tener 5% menos grasa subcutánea y que su progenie es más eficiente, por lo que estos beneficios pueden ser transmitidos a las siguientes generaciones (Archer y Bergh, 2000; Herd y Bishop, 2000; Basarab et al., 2003).

Los animales que consumen menos alimento de lo esperado en función de su crecimiento y mantenimiento tienen un valor negativo de RFI, lo que los clasifica como eficientes, mientras que animales con poca ganancia y un alto consumo de alimento, tienen un valor positivo de RFI, y se clasifican como ineficientes (Moore et al., 2009). El objetivo es encontrar toros con un RFI negativo.

Aunque el conocimiento de los mecanismos biológicos que controlan el RFI aún no se entienden por completo (Herd y Arthur, 2009; Moore et al., 2009), las concentraciones sistémicas de las principales hormonas metabólicas asociadas al consumo de alimento, el crecimiento, la acumulación de grasa, la repartición de nutrientes y la utilización de

nutrientes, han sido examinadas con el fin de identificar los posibles marcadores fisiológicos de eficiencia alimenticia (Wood et al., 2004).

El sistema GrowSafe es el único sistema de registro de consumo de alimento que permite la adquisición continua de datos. Los aretes de identificación del animal se lee cada segundo cuando un animal se alimenta en el comedero; los mecanismos de carga y otros sensores se muestrean continuamente. Este sistema integrado garantiza que todas las actividades se asignen correctamente a los animales individuales. El software audita y calcula continuamente los errores que pueden provenir de la lluvia, la nieve, el viento excesivo y la pérdida de transpondedores. No existe la posibilidad de que un usuario cambie o modifique los datos recopilados sin procesar. El registro continuo de datos permite un análisis de comportamiento avanzado. La lectura de los aretes GrowSafe y la precisión de los datos se acercan al 100 % debido al muestreo múltiple y al extenso diagnóstico del sistema. El sistema realiza un seguimiento y se informa a sí mismo cuando no está funcionando, para establecer las tolerancias (Maritime Beef Test Station, 2017).

GrowSafe Systems[®] es una tecnología que permite a los productores de ganado, el poder analizar la eficiencia alimenticia individual del ganado, donde se pueden identificar los animales que consumen menos alimento y se desarrollan más rápido. Este sistema funciona mediante el uso de comederos en corrales y un sistema de identificación electrónica, donde el ganado es puesto a prueba para su evaluación. Cada vez que un animal pone su cabeza cerca del área del comedero el sistema se activa y registra la cantidad de alimento que este consume, así como el tiempo que estuvo presente en el comedero. Esta información se transmite en tiempo real a un equipo que recopila los datos.

Otros rasgos de la composición corporal se han incorporado en el cálculo de RFI para forzar la independencia de las correlaciones, tales como la medición de la grasa dorsal, el área del lomo, el porcentaje de grasa intramuscular (por medio de ultrasonido), la conversión alimenticia (kg de materia seca/kg de peso incrementado), la ganancia diaria de peso, el consumo de materia seca (kg/d), la eficiencia parcial del crecimiento y la duración de la alimentación (Basarab et al., 2003; Crews, 2006).

El producir ganado más eficiente también ayuda a la viabilidad ambiental, ya que una mejora en la eficiencia alimenticia reduce el consumo, que a la vez causa una menor producción de estiércol, lo cual disminuye las emisiones de metano (Nkrumah et al., 2007; Hegarty et al., 2007).

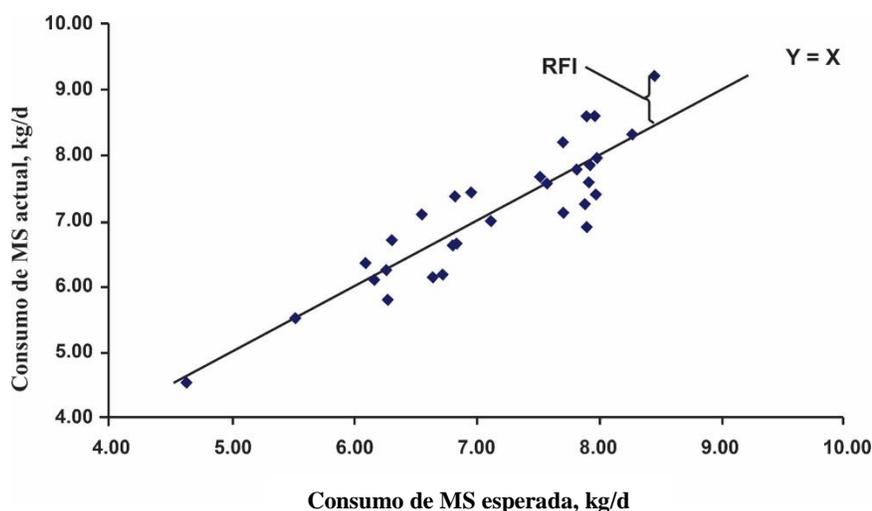


Figura 1. Consumo de materia seca actual y esperada en la alimentación de novillos.

2.2.1 Relación entre tamaño corporal y tasa de crecimiento

El crecimiento es una característica de desarrollo de los animales que se refleja en un aumento de tamaño físico del organismo. El desarrollo somático o crecimiento corporal es un proceso altamente complejo que requiere de dos premisas fundamentales: carga genética (ADN) y alimentación, en donde la primera aporta la información de la especie y aquella heredada al individuo de los padres, mientras la segunda aporta los nutrientes requeridos para el desarrollo óptimo (Álvarez, 2004).

Los animales en su proceso de crecimiento ganan altura rápidamente en las primeras etapas de su vida, y a medida que aumenta la edad, el desarrollo y el crecimiento se hacen más lentos, hasta que finalmente se detienen (Bavera, 2005). El crecimiento de las razas de bovinos especializados para carne en ambientes templados está caracterizado por una curva tipo sigmoideal de tres fases: un crecimiento inicial lento, una fase de aceleración pronunciada y un periodo de desaceleración hasta alcanzar su peso adulto (Aberle, et al., 2001).

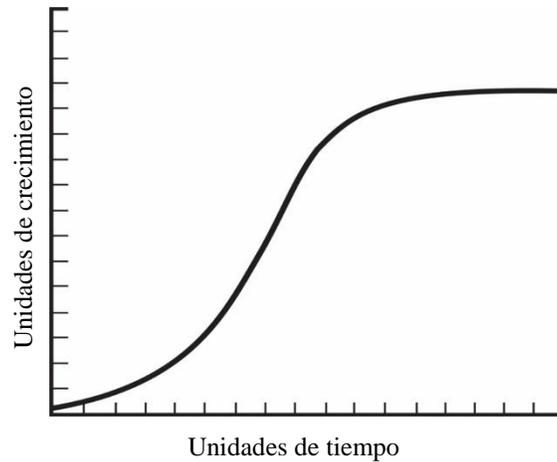


Figura 2. Curva de crecimiento sigmoidea.

La tasa de maduración de los diferentes órganos se puede relacionar con el peso del animal. Esto implica que, en condiciones nutricionales y ambientales ideales, se puede estimar el desarrollo de todos los componentes corporales y el peso maduro a partir de la medición de un solo componente corporal.

La altura a la cadera (frame score) es una medida teórica para clasificar en forma aproximada a los animales por tamaño, cuando los mismos crecen sin restricciones nutricionales, porque en dichas condiciones hay una relación directa entre alzada, edad y peso. Es una medida útil para describir el tamaño o estructura corporal de los bovinos y brinda una idea aproximada de los patrones de crecimiento, deposición, grasa, y peso adulto que tendrá un animal. La intensidad de crecimiento se pone de manifiesto por el aumento de peso en la unidad de tiempo (gramos o kilogramos de ganancia de peso diario, semanal y mensual).

En algunos casos, la correcta alimentación de los animales en sus distintas etapas de crecimiento no es posible, debido a diversas restricciones nutricionales, las cuales darán como resultado bajas en el crecimiento. Factores que influyen en el crecimiento incluyen: (1) tamaño corporal o frame score; (2) precocidad; (3) peso al nacimiento; (4) peso al destete; (5) sexo; (6) alimentación; (7) ambiente; (8) sanidad; (9) manejo; y (10) estrés.

2.2.2 Relación entre RFI y la calidad de la composición de la canal

El costo de la alimentación representa entre el 60 y 70% del costo total de la engorda, por lo cual se buscan distintas estrategias para disminuir dichos costos y aumentar la utilidad.

El índice de conversión alimenticia (ICA) es una medida que relaciona la cantidad de alimento empleado por cada unidad de producto obtenido. Este es un indicador biológico que permite valorar la factibilidad económica de la producción, teniendo en cuenta que el costo del alimento suele ser el principal costo productivo.

Algunas variables que se consideran para la evaluación de la canal son:

1. Raza: esta ejerce una influencia determinante en la composición, rendimiento y calidad de las canales. Las razas con maduración tardía producen canales con 50% menos grasa y más tiernas que las de maduración temprana. La carne de ganado Angus tiene mejores características sensoriales que la del ganado Charoláis cuando los animales se mantienen a bajos pesos corporales. Sin embargo, en razas compuestas, en las que se incrementa en la mitad o más el porcentaje de genética Brahman, la fuerza de corte aumenta, la suavidad medida por el panel sensorial se reduce, y disminuye el porcentaje de grasa en el músculo.
2. Sexo: los machos enteros, los machos castrados y las hembras difieren en su velocidad de crecimiento, ganancia de peso, composición, textura y grado de marmoleo de la carne. La carne de machos enteros finalizados a dos años de edad es más dura que la de las hembras o la de los machos castrados de la misma edad.
3. Grasa: la grasa es un factor que siempre se considera cuando se elabora un sistema de evaluación de canales. Los depósitos de grasa más fácilmente medibles son la grasa subcutánea y la grasa visceral.
4. Muscularidad: nos aportan gran valor para la predicción de la cantidad de carne que se obtiene de una canal.
5. Marmoleo: se relaciona con la cantidad de grasa intramuscular y con la jugosidad de la carne. Su abundancia es un indicador de calidad de la carne para determinados

mercados, aunque se debe tomar en cuenta que un aumento en el marmoleo implica una baja en el porcentaje de carne magra.

6. Color y textura de la carne.

Al igual que los avances en genética, también existen avances en la tecnología utilizada en equipo de ultrasonido. El ultrasonido se utiliza para obtener datos de la composición corporal del ganado, siendo una herramienta útil para obtener información valiosa de la canal de un animal vivo. La tecnología de ultrasonido utiliza ondas sonoras para crear imágenes de la composición corporal. Los rasgos de la composición corporal que pueden ser medidos incluyen el área del ojo lomo, la grasa dorsal y el porcentaje de grasa intramuscular. Cada uno de estos rasgos es al menos moderadamente heredable y es significativo en la determinación de la calidad de la carne roja y el rendimiento individual de los animales. Los resultados permiten recopilar datos de la composición corporal del ganado de sistema de producción vaca-becerro, que son potencialmente útiles para el mejoramiento genético.

Debido a que la comercialización depende de la calidad de la carne, las características sensoriales como la suavidad y el marmoleo pueden ser medidas mediante marcadores genéticos, y las características de la canal pueden ser valoradas mediante el uso del ultrasonido, midiendo el área del ojo lomo, la grasa dorsal y el porcentaje de grasa intramuscular. Con esta información se podrá saber que animales del hato son más productivos para el desarrollo de programas de mejoramiento genético. El mejoramiento genético a través de la selección ha sido una parte importante en la contribución para avances en la productividad ganadera alcanzada en estos tiempos (Dekkers y Hospital, 2002).

La eficiencia alimenticia es un rasgo económico y de importancia ambiental en la producción de carne, que puede ser medida en términos de consumo de alimento residual (RFI). El ganado seleccionado con bajo RFI (alimentación eficiente) tiene niveles de producción similar, pero con un menor consumo de alimento, mientras que también emiten menos metano. La medición del RFI es difícil y costosa, además no se ha adoptado ampliamente en los sistemas de producción de bovinos de carne. Sin embargo, el desarrollo de biomarcadores de DNA para RFI pueden facilitar su adopción en programas de mejoramiento asistido por la genómica. El ganado se ha reclasificado en términos de RFI a

través de dietas y la edad, así como también, el RFI también varía según la raza. (Higgins et al., 2019).

Aunque las propiedades fisicoquímicas de la carne son rasgos de interés económico en la producción bovina, las correlaciones entre eficiencia alimenticia y características de la canal han sido bajas. Aun cuando la síntesis de proteínas en el contexto de RFI se asocia al fenotipo, diversos estudios encontraron diferencias significativas en características de importancia económica como terneza y grasa de cobertura e intramuscular.

2.2.3 Composición corporal y la ganancia

La condición corporal del ganado bovino se puede clasificar mediante un sistema de puntuación que considera la apreciación visual y palpación manual de su nivel de reservas corporales, existiendo una alta correlación entre la clasificación de condición corporal y el porcentaje de grasa corporal del bovino. La condición corporal y los cambios en la condición corporal son el mejor indicador de las reservas nutricionales de un bovino; son un mejor indicador que el peso vivo o cambios en el peso vivo, así mismo es mejor que el indicador que las medidas de relación peso-altura o las medidas de grasa subcutánea.

La ganancia o pérdida de condición corporal implican cambios en el contenido de agua, proteína y grasa del cuerpo. El conocimiento de la composición química del animal nos permite evaluar ciclos productivos en términos de eficiencia en la utilización de nutrientes, determinar los requerimientos tanto de energía como de proteína, y es el punto de partida para reconocer los componentes químicos y anatómicos de la res (Mac Loughlin, 2009). Desde el punto de vista químico, el animal se divide en una fracción grasa (FG) y fracción libre de grasa (FLG) (Reid et al., 1955). La FG está compuesta por la totalidad de la grasa química del animal, y la FLG por agua, proteína y cenizas (Mac Loughlin, 2009).

En un estudio, donde se evaluó 100 toros Charoláis para determinar si el metabolismo de las proteínas y la composición corporal son determinantes del RFI en dos dietas contrastadas a base de ensilado. Se identificaron 32 animales con RFI más divergente (8 de bajo RFI y 8 con alto RFI por cada dieta). Se determinó el rendimiento de los animales en todos los animales, mientras que el balance de nitrógeno (NUE; retención de N/ingesta de N), el metabolismo de las proteínas y la composición corporal solo se midieron en el ganado

RFI más divergente. Independientemente de la dieta los animales con RFI eficientes, tendieron a mejorar su NUE cuando se calculó la retención de nitrógeno (N). Los individuos con RFI eficiente presentaron un porcentaje mayor de rendimiento y deposición muscular de la canal, independientemente de la dieta (Guarnido et al., 2022).

2.2.4 Relación entre el consumo de alimento y el RFI

En bovinos productores de carne en crecimiento, el RFI está asociado con diferencias en producción de calor, producción de metano y composición de la ganancia del peso corporal (acumulación de grasa). El consumo de alimento está asociado de forma positiva con la productividad y la talla corporal del animal, de tal manera que la selección para incrementar el crecimiento también puede aumentar los requerimientos de energía y el apetito, resultando en una mejora mínima en la eficiencia de utilización de los alimentos. Por el contrario, la selección para menor consumo de alimento reducirá el mérito genético para crecimiento, resultando en efectos negativos sobre la productividad (García, 2014).

Un enfoque alternativo para medir la eficiencia alimenticia involucra la separación de los requerimientos de energía para mantenimiento y producción. Para ello se utilizan métodos estadísticos que permiten calcular el consumo esperado de alimento en base al peso y productividad del animal, definiendo el RFI como la diferencia entre el consumo de alimento real y el esperado. De esta manera, los animales eficientes son aquellos que consumen menor cantidad de alimento al esperado para un peso y tasa de crecimiento determinada; y viceversa, los animales ineficientes son aquellos que consumen mayor cantidad de alimento al esperado. El RFI ha mostrado ser moderadamente heredable y genéticamente independiente del peso corporal y el nivel de producción.

La digestibilidad puede ser afectada por el nivel de consumo y su relación con la tasa de paso del alimento por el tracto digestivo, y también por factores relacionados con la dieta y el ambiente que alteran el consumo, los que pueden afectar en el consumo de energía digestible (Mendoza et al., 2008). La selección por bajo consumo residual resulta en menores consumos de MS sin sacrificar el crecimiento.

2.2.5 Genética y el RFI

En la literatura se pueden encontrar muchos estudios en los que se evalúa la eficiencia de utilización alimenticia de diferentes razas de bovinos productores de carne. La regulación del consumo de alimento y la eficiencia en la utilización de los alimentos por animales involucran una serie de procesos complejos y rutas metabólicas que están influenciadas por la genética del animal, así como también por numerosos factores ambientales y de manejo.

Aunque existe considerable variación genética en la eficiencia alimenticia del ganado, el costo de medición del consumo de alimento y la falta de un rasgo apropiado para ser usado en programas de selección genética, ha limitado el progreso genético en este rubro. El uso de rasgos tradicionales como la conversión alimenticia (CA; relación A: G) para medir la eficiencia, tienen poca utilidad en programas de mejora diseñados para incrementar el mérito genético para eficiencia alimenticia, ya que estos están fuertemente influenciados por patrones de crecimiento y madurez. Recientemente, el uso del RFI como un rasgo alternativo de eficiencia alimenticia ha recibido considerable atención. Debido a que el RFI es independiente del crecimiento y peso a la madurez, este es un rasgo más conveniente para su inclusión en los índices de selección para mejorar el mérito genético para eficiencia alimenticia en bovinos carne (García, 2014).

Las razas europeas de ganado especializadas en carne tienen un alto desarrollo muscular, pelvis más amplia, altura media y un nivel bajo a medio de engrosamiento (Piedrafita, 2010).

Existen estudios en diferentes partes del mundo relacionados con la selección y mejoramiento genético de características productivas en ganado bovino. En Francia, Renand et al. (1996) determinaron la correlación genética de evaluaciones con sementales usando toros que fueron posteriormente probados y estudiada su progenie, encontrando que al seleccionar por crecimiento y RFI, se observó un aumento significativo en la capacidad del crecimiento del músculo en la progenie en respuesta a la selección de la raza Charoláis.

La mayoría de los programas de mejoramiento genético en Estados Unidos para el ganado productor de carne han hecho énfasis en la selección por peso corporal, fertilidad y características de la canal para mejorar el desempeño productivo y reproductivo. Sin embargo, también es necesario considerar alternativas para reducir el consumo de alimento con el propósito de mejorar la eficiencia de la producción y utilidades del sistema de producción (Herd et al., 2004). La eficiencia alimenticia y el consumo son rasgos de importancia económica para los productores de ganado de carne, ya que la alimentación es el costo variable más grande (Arthur et al., 2004).

El conocimiento científico del área pecuaria se ha incrementado rápidamente después de descubrirse la estructura del ADN, lo que ha permitido el rápido desarrollo de las herramientas moleculares, donde científicos han comenzado a identificar regiones en las secuencias del cromosoma del ADN que influyen en los rasgos productivos (Van Eenennaam, 2010), y con estos se han identificado las variaciones presentes en un animal que son benéficas o dañinas para la salud y productividad. Las pruebas de ADN nos permiten ver el material genético de cada animal y poder ver su información a través de marcadores genéticos que son regiones específicas del ADN donde se encuentran variaciones asociadas positiva o negativamente con un rasgo de interés, pudiendo determinar si un animal es portador de variaciones favorables o no (Sifuentes y Parra, 2011). Los marcadores genéticos relacionados con la suavidad de la carne son la calpastatina CAST-T1, la calpaina CAPN-1 316 y la calpaina CAPN-1 4751; los asociados con el marmoleo son la tiroglobulina TG5 y la leptina, mientras que los asociados con el crecimiento y eficiencia son la hormona de crecimiento, la insulina IGF-2, el cromosoma bovino 5 (BTA 5) y los neuropéptidos.

Velasco et al, 2013, establecen que los marcadores genéticos en el ganado de carne tienen básicamente tres aplicaciones: identificación y parentesco animal, detección de características heredables y asistencia a la selección genética. Según el manual para la Selección de Ganado de Carne (BIF, 2010), en Estados Unidos existen compañías como Igenity, Pfizer Animal Genetics y MMI Genomics que proveen servicio de genotipificación para el ganado vacuno. Actualmente pruebas de este tipo ya se han realizado en diferentes hatos de ganado de registro en México, que han permitido contar con información molecular y las características usadas para la selección en animales portadores de genes relacionados con el rasgo productivo de interés, identificando a los prospectos a sementales que genéticamente resulten superiores y las hembras sobresalientes para usarlas como donadoras y reemplazos. Estas pruebas ayudarán a tener un ahorro considerable en el tiempo y dinero invertido, y poder promocionar mejores animales en el mercado nacional e internacional.

El poder distinguir los animales con un consumo de alimento residual bajo (LRFI) de los animales con un consumo de alimento residual alto (HRFI) a una edad temprana con una muestra de sangre, podría beneficiar a los criadores de carne en términos de optimización de la producción o selección de animales para sacrificar o criar (Foroutan et al., 2020).

En un estudio desarrollado con 15 toros jóvenes Angus HRFI y 10 LRFI utilizando tres plataformas metabolómicas (espectrometría de resonancia magnética nuclear (RMN), cromatografía líquida-espectrometría de masas en tándem (LC-MS/MS) y espectrometría de masas de plasma acoplado inductivamente (ICP-MS); identificaron biomarcadores séricos para RFI que podrían potencialmente traducirse a un análisis de sangre de RFI. Un conjunto de biomarcadores RFI predictivos incluía formiato y leucina (mejor para RMN), y otro conjunto incluía C4 (butiril-carnitina) y LysoPC (mejor para LC-MS/MS). Estos biomarcadores séricos tienen alta sensibilidad y especificidad, para distinguir animales HRFI de LRFI. Estos resultados sugieren que los metabolitos séricos podrían usarse para predecir y categorizar de manera económica los valores de RFI del bovino (Foroutan et al., 2020).

2.2.5.1 Respuesta a la selección

La variación expresada en cada ser vivo es la parte esencial del proceso evolutivo de la vida. En general, esta variación se deriva de la interacción entre los genes de un animal (genotipo) y el ambiente en que se desarrolla (salud, nutrición, clima, manejo, entre otras), lo que resulta en el fenotipo del individuo.

La selección genómica surge como una alternativa para mejorar las características de importancia económica como los aspectos de calidad de la canal, el peso y el porcentaje de cortes valiosos, entre otros, y consiste en la utilización de la información de miles de marcadores moleculares distribuidos en todos los cromosomas (genoma) para la predicción del mérito genético animal. Para su implementación se requiere el establecimiento de poblaciones de entrenamiento, que reúnan registros y mediciones en las características productivas de interés (datos fenotípicos) y la información aportada por el genotipo del ADN de los animales que la integran para miles de marcadores moleculares. A través de estas poblaciones es posible estimar el efecto de todos los marcadores y generar las ecuaciones de predicción que serán usadas en la estimación del valor genómico de cada animal para cada característica, incluso de los que no disponen de registros (Pravia et al. 2014).

Mediante la selección del ganado de carne, se ha logrado obtener un importante progreso genético en las características de crecimiento, habilidad materna, e incremento del tamaño adulto promedio, sin embargo, mayores requerimientos de mantenimiento han

resultado de esta selección, incrementado los costos de producción, reducido la eficiencia en el uso de los recursos alimenticios, y aumentado el potencial en problemas ambientales (Trujillo, 2013).

De acuerdo con diversos estudios realizados en Australia, se observó que la progenie de padres seleccionados por RFI bajo tuvieron al año de edad, un peso corporal y una ganancia diaria de peso similares, pero consumieron 11.3% menos alimento y tuvieron una conversión alimenticia 15.4% más baja en comparación con la progenie de padres seleccionados por un RFI alto (García, 2014).

Investigadores australianos fueron los primeros en examinar las asociaciones entre la selección por RFI y el comportamiento reproductivo en ganado de carne. Se evaluaron los efectos de la selección divergente por RFI sobre la habilidad materna en ganado Angus durante tres periodos de empadre. Aunque ellos no observaron diferencias en tasas de preñez y de partos entre las vacas seleccionadas divergentemente por RFI, se observó una tendencia para que las vacas con RFI bajo parieran 5 días después que sus contemporáneas con RFI alto. Sin embargo, el retraso en la fecha de parto no estuvo asociado con diferencias en peso al nacimiento o al destete, o bien con el peso destetado por vacas expuestas a un toro. (Arthur et al., 2005).

En un estudio canadiense, se examinó durante 10 empadres la habilidad materna y comportamiento reproductivo de vacas cruzadas que produjeron progenie divergente en RFI. El comportamiento reproductivo expresado como tasas de preñez, partos y destetes, fueron similares entre vacas que produjeron progenie con fenotipos divergentes en RFI, sin embargo, las vacas que produjeron progenie eficiente parieron 5 días después que aquellas que produjeron progenie ineficiente, aunque el peso al nacimiento y al destete fueron similares, examinaron durante dos empadres el comportamiento reproductivo de hembras Angus divergentemente seleccionadas por RFI (Basarab et al., 2007). En coincidencia con los dos estudios previamente discutidos, las hembras con un RFI bajo tuvieron un retraso de 8 días en el parto en comparación con las vacas con RFI alto, aunque la tasa de preñez y de parto durante los dos empadres fue similar entre ambos grupos. En estos tres estudios no se observaron interacciones significativas entre RFI y el inicio del ciclo estral, lo que indica que

la duración del periodo anéstrico antes del inicio del empadre y el subsecuente periodo entre partos, fue similar entre hembras seleccionadas divergentemente (Donoghue et al., 2011).

2.2.6 Rasgos fisiológicos de la variación en el RFI

Los rumiantes se caracterizan por su capacidad para alimentarse de pastos o forrajes. Esta característica se basa en la posibilidad de poder degradar carbohidratos estructurales del forraje como celulosa, hemicelulosa y pectina, muy poco digestibles para las especies no-rumiantes. La degradación del alimento se realiza principalmente mediante digestión fermentativa y no por la acción de enzimas digestivas del animal; los procesos fermentativos los realizan diferentes tipos de microorganismos a los que el rumiante aloja en sus divertículos estomacales. Por esta razón se debe tener en cuenta que, al alimentar a los rumiantes, primero estamos alimentando a los microorganismos ruminales, y que para su buen desarrollo tiene que haber un medio ruminal favorable para ello. De esa manera hay simbiosis entre las bacterias y el animal (Relling y Manttioli, 2003).

Otra de las variantes importantes es el RFI, que hace referencia a la diferencia entre el consumo esperado, el consumo observado y su tasa de crecimiento, independientemente del peso maduro y la ganancia diaria de peso; mediante la selección de los animales considerando un RFI bajo, sin comprometer la tasa de crecimiento. Esta es de heredabilidad moderada a alta con valores que van de 0.30 hasta 0.35. Dentro de los factores que contribuyen a la variación biológica del consumo residual son: composición corporal, conductas de alimentación, metabolismo tisular, estrés, incremento calórico de fermentación, digestibilidad y actividad física.

2.2.7 Beneficios de la selección mediante RFI

Debido a la importancia de la calidad de la canal y la eficiencia de conversión en la sostenibilidad y competitividad de la cadena de producción de carne, la implementación de selección genómica implica la posibilidad de mejorar genéticamente estas características. Los beneficios incluyen, la reducción de los costos de producción como consecuencia de una mejor eficiencia alimenticia, reducción en las emisiones de gases de efecto invernadero por kg de carne producido debido a una mayor eficiencia de producción en toda la cadena, una mejor productividad debido a una mayor proporción de cortes valiosos en las canales y de otros atributos de la calidad de la carne, mejoras en el acceso de exportación a mercados de alto valor, y generación de una base de información científica que podrá ser utilizada en el futuro en nuevos emprendimientos de innovación (Pravia et al., 2014).

Para los criadores de ganado, la evaluación de las canales es importante para los programas de selección, ya que permite identificar animales superiores en determinadas características. Además, permite mostrar las bondades comerciales de determinadas progenies, que serán el sustento del pie de cría en futuras generaciones. La evaluación de las canales es también necesaria en los experimentos para determinar la eficiencia relativa de los animales durante las fases de crecimiento, y como esta es afectada por la nutrición y otros factores ambientales (Rubio et al., 2013).

La identificación y reproducción del ganado con mérito genético, utilizando un RFI bajo, mejorará la eficiencia del ciclo productivo y la rentabilidad de los sistemas de producción mediante la reducción de los costos de alimentación, sin afectar el valor de la canal. Por otro lado, a través de la implementación de esta selección, es posible lograr importantes reducciones en las excreciones de nitrógeno y fósforo, así como las emisiones de gases de efecto invernadero como el metano. Aunque la mayoría de los estudios indican que el RFI post-destete no está asociado con las tasas de concepción y destete, la mayoría de los investigadores recomiendan determinar si los protocolos actuales favorecen la madurez tardía de los animales debido al incremento en las demandas de energía relacionadas con el desarrollo sexual temprano. Finalmente, se requiere más investigación para examinar los efectos de la selección por RFI post-destete sobre la eficiencia en el ciclo productivo bajo condiciones del medio ambiente más restrictivas (García, 2014).

2.3 Relación del microbioma con el RFI

El microbioma del rumen son los microorganismos de gran diversidad (bacterias, arqueas, protozoos y hongos) y complejidad de interacciones. La fermentación continua que realizan estos microorganismos hace que los compuestos ingeridos se degraden. Hay tres microambientes que se encuentran en el rumen que contienen estos microbios; la fase líquida constituye el 25% de la masa microbiana, la fase sólida constituye el 70% de la masa microbiana y las células epiteliales del rumen y los protozoos contienen el 5% de la masa microbiana. Una dieta nutricionalmente equilibrada es importante ya que proporciona un entorno que maximiza el crecimiento y la actividad de estos microbios (Matthews et al., 2018).

El rumen se considera un órgano que consta de billones de microbios, y su contenido genético es cientos de veces mayor que el de las células huésped. Estos genes afectan la utilización de nutrientes y la salud del huésped a través de vías metabólicas específicas. Por lo tanto, la microbiota ruminal está altamente asociada con la digestión y el metabolismo del alimento del huésped. Numerosos investigadores han informado que la eficiencia alimenticia, la disponibilidad y retención de nitrógeno, y la producción de metano en rumiantes, se ven afectadas por uno o más grupos de microbiotas ruminales (Liu et al., 2020).

Los microorganismos del rumen son anaeróbicos o anaeróbicos facultativos, y sus productos finales son utilizados directamente como energía por el huésped o por otros microorganismos. El pH del rumen se mantiene relativamente constante, normalmente entre 6 y 7, pero puede variar según la dieta. Dichas variaciones pueden resultar en un cambio en las poblaciones microbianas y los niveles de ácidos grasos volátiles (AGV) producidos por ellas. Estos ácidos grasos como el propiónico y el butírico pueden absorberse a través de la pared intestinal para servir como fuente de energía para los rumiantes. La gran cantidad de saliva producida por el rumiante, que tiene un alto contenido de bicarbonato de sodio y potasio, y urea, facilita la amortiguación del pH ruminal y lo mantiene relativamente constante. La saliva pasa al rumen, y posteriormente, se absorbe a través de las paredes del rumen. El amoníaco producido durante la fermentación también ayuda a amortiguar el pH ruminal, y es utilizado para el crecimiento microbiano (Matthews et al., 2018).

En un estudio desarrollado por Zhang et al. (2022), con 96 novillos de carne de tres diferentes razas (Angus, AN; Charolais, CH; y Compuesto Kinsella, KC) con divergentes RFI (altos y bajos) fueron estimados por medición de marcadores de copias genéticas usando la técnica qRT-PCR. El contenido ruminal de las muestras fue colectado durante el sacrificio y usadas para la extracción del material genético (DNA y RNA) y el análisis posterior. Se encontraron diferencias significantes entre las copias del marcador genético para abundancia y población activa de los cuatro grupos microbianos. Los novillos AN mostraron una abundancia mayor de bacterias y una baja abundancia de protozoarios y hongos, comparado con los novillos KC. Por otro lado, la población activa de bacterias, arqueas y protozoarios fueron significativamente menores con respecto a los novillos AN y CH. Lo que demuestra que la raza de ganado puede afectar la microbiota del rumen tanto a nivel de abundancia

como de actividad. Además, este estudio reveló una población de protozoarios altamente activa, el cual indica un papel importante en la fermentación microbiana del rumen bajo dieta de corral de engorda

2.3.1 Importancia de la microbiota ruminal

El rumen de los rumiantes adultos alberga una microbiota densa y diversa, mientras que el rumen de los terneros y corderos recién nacidos tiene una microbiota bastante simple. El rumen se inocula durante la lactancia, la ingestión de la dieta y el contacto con el ambiente, para que sea colonizado gradualmente por una gran cantidad de diversos microbios que afectan la función de las células epiteliales y el desarrollo del tejido linfoide asociado al intestino. La microbiota ruminal contiene bacterias (Firmicutes y Bacteroidetes como los dos filos predominantes), arqueas (*Methanobrevibacter smithii* y *Methanosphaera stadtmanae*), hongos y protozoos, entre las cuales las bacterias son las más predominantes y diversas (Liu et al., 2020).

En este estudio, desarrollado por Lopes et al., (2021) donde examinaron las diferencias en la composición de la microbiota ruminal (Bacterias, Arqueas y hongos), en el contenido sólido y líquido del rumen en ganado Nellore (*Bos indicus*) que muestran fenotipos altos y bajos de eficiencia alimenticia (RFI negativo y positivo, respectivamente). Además, este estudio determinó si los microbios ruminales específicos contribuyen al fenotipo de eficiencia alimenticia en novillos Nellore. De un total de 126 novillos, se seleccionaron 27 (12 con RFI negativo y 15 con RFI positivo) con base a un muestreo estratificado para el periodo de finalización. El resultado de este estudio evidencio las diferencias en la microbiota ruminal de novillos Nellore con alta y baja eficiencia alimenticia comprenden grupos taxones específicos de las comunidades de bacterias, arqueas y hongos.

2.3.2 Bacterias

Las bacterias son los microbios más abundantes en el intestino anterior de los animales rumiantes, con aproximadamente 10^{10} – 10^{11} células/ml y más de 200 especies. La composición de las bacterias que se encuentran en el rumen depende de una serie de factores que incluyen la preferencia por ciertos sustratos (es decir, la dieta), los requisitos de energía y la resistencia a ciertos productos metabólicos finales que pueden ser tóxicos para algunas

especies. En un estudio realizado por Hungate (1966), en el que se estudiaron las poblaciones microbianas del rumen utilizando cultivos, se determinó que la composición bacteriana del rumen es principalmente Gram negativa cuando los animales se alimentan con dietas ricas en forraje. Con dietas altas en granos, las bacterias Gram positivo, como los *Lactobacillus*, proliferan en el medio ruminal, con el pH disminuyendo después del consumo de carbohidratos de fácil fermentación (Matthews et al., 2018).

2.3.3 Archaea

En general, las archaea (arqueas) tienen un amplio espectro de metabolismos inusuales y distintivos, lo que les permite sobrevivir en una variedad de entornos diferentes. Las archaea del rumen son estrictamente anaeróbicas y son los únicos microorganismos conocidos presentes en el rumen capaces de producir metano. Estas archaea se denominan metanógenos y se encuentran en el rumen en un rango de 10^6 a 10^8 células por ml, lo que representa menos del 4% de la comunidad microbiana. Las arqueas se encuentran en la parte inferior de la cadena trófica debido a su necesidad de utilizar los productos finales de la fermentación como sustratos. El dominio arqueas se divide en dos reinos diferentes; Euryarchaeota, que consta de metanógenos y halófilos extremos, y Crenarchaeota, que consta de hipertermófilos y no termófilos. Los metanógenos que se encuentran en el reino Euryarchaeota, requieren un potencial redox muy bajo y se encuentran entre los anaerobios más estrictos que se conocen (Matthews et al., 2018).

La producción de metano mantiene bajas las concentraciones de hidrógeno en el rumen, lo que permite que los metanógenos promuevan el crecimiento de otras especies y permite una fermentación más eficiente. Sin embargo, el metano producido en el rumen es eructado, lo que lleva a la contaminación atmosférica. Los esfuerzos para mitigar las emisiones de metano del rumen incluyen vacunas (dirigidas a los metanógenos del rumen a través de la generación de anticuerpos contra antígenos metanógenos seleccionados que entran a través de la saliva, uniéndose a objetivos en los metanógenos), inhibidores de molécula pequeña (enzimas objetivo-esenciales para el crecimiento de metanógenos), aditivos y enfoques de reproducción (Matthews et al., 2018).

También se debe tener en cuenta que la producción de metano por parte de las arqueas representa una pérdida de energía de alrededor del 2-12% del consumo bruto de energía, lo que significa que esta energía ya no está disponible para el mantenimiento, crecimiento, preñez o la lactancia. Consecuentemente, manipular la dieta de los rumiantes para reducir el número de metanógenos, ayudaría a reducir el impacto negativo en el medio ambiente y también mejoraría la eficiencia de la producción ganadera (Matthews et al., 2018).

2.3.4 Protozoos

Los protozoos ciliados se encuentran en un rango de 10^4 - 10^6 células/ml en el fluido ruminal y son responsables del 30 al 40% de la digestión total de la fibra. También son relativamente activos en la hidrólisis de lípidos y pueden producir hidrógeno a través de sus hidrosomas. El género *Entodinium* es el protozoo más dominante en las dietas ricas en cereales. Este género degrada rápidamente el almidón, lo engulle y lo convierte en un polímero de almacenamiento yodofílico. La degradación ocurre a través de una combinación de enzimas desramificadoras, amilasa y glucosidasa. En última instancia, la presencia de protozoos probablemente pueda tener efectos tanto benéficos como negativos en el microbioma ruminal, ya que los protozoos engullen bacterias y otros microbios y partículas más pequeñas en el rumen, pero también moléculas más grandes incluyendo proteínas y carbohidratos. Ellos ingieren activamente la bacteria como fuente de proteína y también actúan como un factor estabilizador para los productos finales de fermentación (Matthews et al., 2018).

2.3.5 Amebas

Las amebas pueden representar un importante reservorio de bacterias en el medio ambiente, pero su papel en el rumen no está claro. En el ciclo vegetativo (multiplicación por fisión binaria), la ameba, similar a los protozoos ciliados, sobrevive al ingerir bacterias a través de la fagocitosis. Si bien se necesita más investigación para determinar el papel de la ameba en el rumen, se sabe que algunas bacterias pueden sobrevivir a la fagocitosis por protozoos y vivir como endosimbiontes (Matthews et al., 2018).

2.3.6 Hongos

Los hongos del rumen (10^3 - 10^6 zoosporas/ml) son anaerobios y pertenecen a la clase *Neocallimastigomycetes*, que consta de 6 géneros previamente reconocidos (*Anaeromyces*, *Caecomyces*, *Cyllamyces*, *Neocallimastix*, *Orpinomyces* y *Piromyces*) con 21 especies conocidas, y utilizando técnicas moleculares se descubrió dos géneros, *Oontomyces* y *Buwchfawromyces*.

Los hongos anaerobios pueden influir en el resto de la comunidad microbiana ya que producen H_2 durante la degradación inicial del tejido vegetal, y este H_2 puede utilizarse como combustible para los mecanismos de degradación de otras comunidades. Los hongos colonizan las paredes celulares de las plantas y representan aproximadamente del 8 al 12% de la biomasa microbiana total en el rumen, pero esta cifra varía ampliamente según la dieta. Los hongos parecen iniciar el proceso de descomposición del alimento, lo que indica que los hongos anaeróbicos pueden ser importantes para la eficiencia en la utilización del alimento, el crecimiento y la producción animal en los rumiantes alimentados con forrajes (Matthews et al., 2018).

2.3.7 Bacteriófagos

Los bacteriófagos son patógenos obligados de bacterias y ocurren en poblaciones densas de aproximadamente 10^7 - 10^9 partículas por gramo de digesta en el rumen. El alto número de bacteriófagos del rumen sugiere que pueden tener una función importante en el equilibrio del sistema ruminal, pero se sabe poco sobre el efecto del viroma del rumen en el sistema en el que habita. Sin embargo, se ha demostrado que los virus son un factor impulsor de la evolución de muchos sistemas microbianos en diferentes entornos, lo que a menudo facilita la transferencia horizontal de genes (Matthews et al., 2018).

2.3.8 Líquido ruminal

Los compartimientos pre-gástricos de los rumiantes son dos estructuras, el complejo retículo-rumen y el omaso, el primero funciona como cámara de fermentación, y el segundo como bomba de succión de líquidos. Ambas cámaras están separadas mediante un esfínter, el orificio retículo-omasal. El contenido ruminal está formado por la ingesta, el agua, la saliva y una gran cantidad de bacterias y protozoos que constituyen la microbiota ruminal. La

fermentación del contenido del rumen es controlada por los rumiantes a través de la selección del forraje, la adición de un amortiguador de la acidez ruminal (la saliva), y mediante las contracciones especializadas de los compartimientos pre-gástricos, las denominadas “contracciones ruminales”. Por otro lado, la rumia es proceso complejo que provoca la regurgitación del contenido ruminal, remasticación e insalivación, y posteriormente, la deglución (Corbera et al., 2004).

La fase líquida del contenido ruminal cuenta con una alta población de microorganismos, encargada de la digestión de los nutrientes de los alimentos que son ingeridos por los animales. Aproximadamente un 4% del volumen total corresponde a volumen microbiano, donde las bacterias constituyen la mitad de la biomasa en el rumen normal y son responsables de la actividad metabólica; de igual forma, se encuentran hongos, que constituyen hasta el 8% de la biomasa intra ruminal y se ubican en la ingesta de lento movimiento, evitando su rápido lavado y contribuyen a la digestión de forrajes de baja calidad. Por otra parte, los protozoos son los organismos más notables en el rumen, forman gran proporción de la biomasa, entre un 20–40%, pero su contribución es menor por la gran retención y la menor actividad metabólica (Rodríguez y Rodríguez, 2011).

El análisis del contenido ruminal permite obtener información útil que refleja el funcionamiento de los compartimientos pre-gástricos; la evaluación de sus características es un procedimiento esencial para conseguir el diagnóstico de desórdenes metabólicos y enfermedades clínicas que afectan la digestión y el bienestar animal. Para el análisis de dicho contenido, se obtiene una muestra de la parte más fluida (Corbera et al., 2004).

3 Capítulo 1. Relación entre el consumo residual de alimento, ganancia de peso y consumo de materia de seca en ganado Simmental y Simbrah.

3.1 Resumen

Aproximadamente dos tercios del costo de producción del ganado bovino es atribuido al costo de la alimentación, por lo que las estrategias que mejoren la eficiencia de utilización del alimento podrán incrementar la viabilidad económica de los sistemas de producción ganadera. Una medida alternativa de la eficiencia alimenticia es el RFI. El RFI pudiera llegar a ser considerado un indicador para la selección genética del ganado Simmental y Simbrah. En este estudio se midieron las ganancias de peso, los consumos de materia seca (CMS), y el consumo residual de alimento (RFI) de machos y las hembras usando comederos Grow Safe[®]. Cuarenta y nueve becerros prospectos a semental y vaquillas fueron incluidos en la prueba. La ganancia diaria de peso fue mayor en machos que en hembras. Se observó que no hubo correlación entre el RFI con el CMS y la GDP. En ambas razas y sexos, se identificaron individuos con un RFI negativo y positivo. Se determinó que bajo las condiciones en que se llevó a cabo la presente investigación, no fue posible determinar si el RFI puede usarse como indicador para la selección genética del ganado Simmental y Simbrah.

3.2 Abstract

Approximately two-thirds of the cost of cattle production is attributed to the cost of feed, so strategies that improve feed utilization efficiency can increase the economic viability of livestock production systems. An alternative measure of feed efficiency is RFI. RFI could be considered an indicator for the genetic selection of Simmental and Simbrah cattle. In this study, weight gains, dry matter intakes (CMS) and residual feed intake (RFI) of males and females were measured using Grow Safe[®] feed bunks. Forty-nine bull calves and heifers were included in the study. Daily weight gain was greater in males than females. It was observed that there was no correlation between RFI with CMS or GDP. In both breeds and sexes, individuals with negative and positive RFI were identified. It was determined

that under the conditions of this study, it was not possible to determine whether RFI can be used as an indicator for genetic selection of Simmental and Simbrah cattle.

3.3 Justificación

Diversas asociaciones de criadores de ganado de registro se encuentran en Nuevo León, entre las que se pueden destacar las asociaciones de Beefmaster, Charolais-Charbray Simmental-Simbrah, Brangus Rojo, Santa Gertrudis, las italianas (Chianina y Romagnola) y Long Horn.

Para medir el RFI, comúnmente se trae ganado de diferentes hatos a un sitio para someterse a las mismas condiciones de manejo y alimentación durante un tiempo determinado. La utilización de este tipo de evaluaciones en conjunto con el uso de los registros productivos del rancho, las diferencias esperadas de la progenie (DEP) y la evaluación visual del ganado han probado ser las herramientas más importantes para seleccionar a los futuros prospectos a sementales y hembras de reemplazo.

El RFI es una medida que puede usarse para el desarrollo de un sistema de mejoramiento genético basado en la selección de sementales y hembras que posean características sobresalientes en las variables productivas dentro de cada raza. Los valores de RFI, en conjunto con los DEP y la evaluación visual, contribuirán a mejorar la selección de becerros prospectos a toros sementales y becerras de reemplazo de registro.

3.4 Hipótesis

Los animales de las dos razas y sexos responden de manera diferente en su consumo de materia seca, ganancia diaria de peso y en el RFI calculado.

3.5 Objetivos

3.5.1 Objetivo general

Evaluar el desempeño productivo y obtener los RFI de becerros prospectos a toros sementales y becerras de reemplazo de las razas Simmental y Simbrah.

3.5.2 Objetivos específicos

1. Determinar el consumo de materia seca, obtener la ganancia diaria de peso y calcular la conversión alimenticia.
2. Estimar el RFI de becerros prospectos a toros sementales y becerras de reemplazo ambas razas.

3.6 Materiales y métodos

El presente estudio se llevó a cabo durante los meses de septiembre a noviembre del 2014, en las instalaciones del Centro de Investigación en Producción Agropecuaria (CIPA) de la UANL, el cual se encuentra localizado en el km 145 de la carretera nacional, entre las ciudades de Monterrey a Ciudad Victoria, en el municipio de Linares, Nuevo León, México, cuyas coordenadas geográficas son 24° 47' latitud norte y 99° 32 longitud oeste.

3.6.1 Animales y manejo

En este estudio se evaluaron 49 becerros prospectos a sementales (n = 29) y becerras de reemplazo (n = 20) de las razas Simmental (n = 26) y Simbrah (n = 23). A su arribo, se realizó un examen visual, individual y en grupo, con el propósito de iniciar el registro de la información. Los pesos individuales se registraron a su llegada, y se midió la altura a la cadera (AC) y la circunferencia escrotal (CE).

El ganado se desparasitó contra ectoparásitos mediante una inyección IM con doramectina (Dectomax 1%, Pfizer®); dosis que se aplicó considerando el peso vivo de cada animal. Las vacunas que se aplicaron incluyen protección contra IBR, DVD, PI³, BRSV (Cattle master 4, Pfizer®) y bacterias clostridiales (Ultrabac7 Pfizer®). También se aplicó una inyección IM de vitaminas A, D y E. Los animales se distribuyeron en lotes uniformes por peso vivo y sexo, quedando dos corrales para machos y uno para hembras.

Un periodo de 20 días de adaptación al consumo de grano y de recuperación de merma fue considerado antes de iniciar el estudio; el período de evaluación duró 80 días. La fecha de inicio de la evaluación se llevó a cabo a las 8:00 horas del día 10 de septiembre del 2014, y terminó el día 30 de noviembre del 2014.

3.6.2 Alimentos y manejo

El alimento que se ofreció a los animales contenía 15.5% de proteína cruda y 1.75 Mcal ENm (Tabla 1). Los ingredientes que se usaron para preparar la ración fueron sorgo de gano, harina de soya, granos secos de destilería, melaza, heno de zacate, pre-mezcla de vitaminas y minerales. El alimento y el agua se ofrecieron a libre acceso. La cantidad de alimento ofrecida fue ajustada semanalmente considerando un 10% sobre el consumo de materia seca de la semana anterior, con lo que se pretendió tener un consumo *ad libitum* de materia seca.

3.6.3 Variables evaluadas

Las variables que se midieron para evaluar a becerros prospectos a sementales y becerras de reemplazo fueron, consumo de materia seca (CMS), ganancia diaria de peso (GDP) y consumo residual de alimento (RFI). El ganado se pesó individualmente al inicio y al final de la prueba para calcular la ganancia diaria promedio de peso. Los consumos de alimento se registraron diariamente y la conversión alimenticia se calculó considerando el CMS y la GDP. El RFI se midió usando comederos GrowSafe[®] ubicados dentro de los corrales.

El RFI es la diferencia entre el consumo actual de MS y el consumo de MS esperado. Una vez que el ensayo ha terminado, el consumo diario de alimento se calcula a partir de las cantidades de alimento ofrecido y rechazado, la ganancia diaria de peso y el peso corporal promedio obtenido para el período de estudio. El consumo de MS inicial se obtuvo de la regresión lineal entre el peso corporal y consumo de MS ($W^{0.75}$) a mitad de la prueba y la GDP.

Tabla 1 Ingredientes y composición química del alimento utilizado en la evaluación de hembras y machos de la raza Simmental y Simbrah.

Ingredientes (g/kg)	Concentración
Sorgo de gano	36.5
Pasta de soya	6.0
Granos secos de destilería	14.0
Melaza	7.0
Heno de pasto Klein	34.0
Mezcla base*	2.5
Composición química (base seca)	
Materia seca (%)	87.4
ENm (Mcal/kg)	1.75
ENg (Mcal/kg)	1.10
Proteína cruda (%)	15.5
PC indegradable (%)	6.5
Fibra detergente ácido (%)	20.7
Fibra detergente neutro (%)	29.6

* Mezcla base: contiene Ca, Na, P, S, Mg, Fe, Zn, Cu, Co, Se, I, vitaminas A y E, urea, aceite mineral, monensina sódica (1,2000 ppm).

3.6.4 Análisis estadístico

Los datos de GDP, CMS y RFI se analizaron mediante un análisis de varianza de un diseño completamente al azar, con un arreglo factorial 2 x 2 (dos razas y dos sexos), siendo los factores principales raza y sexo, y la interacción (raza*sexo) (Ott, 1993). La comparación de medias fue usando la prueba Tukey con una $p < 0.05$. El modelo estadístico empleado en los análisis de la varianza para las variables evaluadas fue el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + B_j + (A * B)_{ij} + e_{ijk}$$

Donde:

Y_{ijk} =variable respuesta

μ =media general

A_i =Efecto de la i -ésima raza

B_j =Efecto del j -ésimo sexo

$(A * B)_{ij}$ =Efecto combinado (interacción) de la i -ésima raza en el j -ésimo sexo

e_{ijk} =Error aleatorio asociado con la respuesta a la i -ésima raza y j -ésimo sexo. Se asumen que los e_{ijk} están normalmente distribuidos con media cero y varianza s^2 . Los errores son independientes.

Los supuestos de normalidad (pruebas de Kolmogorov-Sminorv y de Shapiro-Wilk) y homogeneidad de varianzas (contraste de Levene) se verificaron de acuerdo con Steel y Torrie (1980). El análisis de correlación de Pearson se realizó entre la GDP, el CMS y el RFI. Las medias resultantes de los efectos principales se compararon mediante la prueba de t-Student ($p = 0.05$) (Ott, 1993). Los análisis estadísticos se realizaron utilizando el software de análisis estadístico SPSS (SPSS para Windows, versión 20.0, Chicago, IL, USA).

3.7 Resultados

En la Tabla 2, se presentan los resultados de la estadística descriptiva para las tres variables evaluadas (GDP, CMS, RFI). De acuerdo con las pruebas de Kolmogorov-Smirnov con la corrección de Lilliefors y de Shapiro-Wilk, los datos cumplieron el supuesto de distribución normal, así como también, cumplieron el supuesto de igualdad de varianzas, de acuerdo con la prueba de Levene.

En la Tabla 4, se presentan resultados del análisis de la varianza para ganancia diaria de peso. Únicamente se detectaron diferencias ($p < 0.001$) entre el sexo, pero no así para la raza ($p > 0.122$) o la interacción raza*sexo ($p > 0.555$). El valor medio para GDP de la raza Simbrah fue de 1.58 ± 0.059 kg/día y de la raza Simmental de 1.71 ± 0.056 kg/día (Tabla 5; Figura 2). Con respecto al sexo, se obtuvieron valores de 1.47 ± 0.063 kg/día hembras y de 1.82 ± 0.052 kg/día para machos (Tabla 5 y Figura 3).

En la Tabla 5, se presenta el análisis de la varianza para consumo de materia seca. Se detectó una diferencia ($p < 0.018$) entre las razas, pero no así para el sexo ($p > 0.442$) o la interacción raza*sexo ($p > 0.368$). Los valores promedio de CMS para las razas Simbrah y Simmental fueron de 10.60 ± 0.24 kg/día y 10.41 ± 0.23 kg/día, respectivamente (Tabla 5 y Figura 2). Con relación al sexo, las hembras obtuvieron un valor de 10.87 ± 0.25 kg/día y los machos de 11.41 ± 0.23 kg/día (Tabla 5 y Figura 2).

En relación con la variable RFI, el análisis de la varianza no detectó diferencias entre razas ($p > 0.450$), sexo ($p > 0.548$) o la interacción raza*sexo ($p > 0.819$) (Tabla 4). Los valores promedio de RFI fue de 0.181 ± 0.13 para Simbrah y de 0.04 ± 0.13 para Simmental. Las medias de RFI fueron de 0.16 ± 0.14 para hembras y de 0.05 ± 0.12 para machos (Tabla 5 y Figura 2).

De acuerdo con los análisis de correlación de Pearson realizados, la GDP se correlacionó positiva ($r = 0.554$; $p < 0.01$) con el CMS, y el CMS se correlacionó positivamente ($r = 0.488$; $p < 0.001$) con el RFI.

Tabla 2. Estadística descriptiva para ganancia diaria de peso, consumo de materia seca y consumo residual de alimento (RFI).

Estadístico	Variables		
	GDP (kg/día)	CMS (kg/día)	RFI
N	49	49	49
Media	1.6829	11.0445	0.0965
Error estándar de la media	0.04705	0.16898	0.08900
Mediana	1.7000	11.0600	0.1200
Moda	0.97	9.89	-0.26
Desviación estándar	0.32933	1.18283	0.62300
Varianza	0.108	1.399	0.388
Rango	1.34	4.49	3.06
Mínimo	0.97	8.74	-1.62
Máximo	2.31	13.23	1.44

Tabla 3. Pruebas de normalidad y de igualdad de varianzas para ganancia diaria de peso, consumo de materia seca y consumo residual de alimento.

Variable	Prueba de normalidad						Contraste de Levene sobre la igualdad de las varianzas de error			
	Kolmogorov-Smirnov ^a			Shapiro-Wilk			Valor F	gl ¹	gl ²	Valor p
	Estadístico	gl	Valor p	Estadístico	gl	Valor p				
GDP	0.066	49	0.200*	0.984	49	0.719	0.668	3	45	0.576
CMS	0.077	49	0.200*	0.974	49	0.360	1.396	3	45	0.256
RFI	0.099	49	0.200*	0.982	49	0.657	0.605	3	45	0.615

^a Corrección de la significación de Lilliefors.

* Este es un límite inferior de la significación verdadera.

Tabla 4. Resumen del análisis de varianza de acuerdo con el diseño completamente al azar, con un arreglo factorial 2 x 2, considerando las razas y el sexo como factores principales y su interacción (raza x sexo).

Variables	Fuente de variación	Estadístico				
		Cuadrado medio	Valor F	Valor p	CV (%)	R ² ajustado
GDP	Raza	0.195	2.487	0.122	16.59	0.278
	Sexo	1.440	18.402	<0.001		
	Raza x sexo	0.028	0.354	0.555		
	Error	0.078				
CMS	Raza	7.754	6.000	0.018	10.3	0.076
	Sexo	0.776	0.600	0.442		
	Raza x sexo	1.067	0.825	0.368		
	Error	1.292	6.000			
RFI	Raza	0.235	0.581	0.450	659	0.044
	Sexo	0.149	0.367	0.548		
	Raza x sexo	0.021	0.053	0.819		
	Error	0.405	0.581			

Tabla 5. Valores de la estadística descriptiva del CMS, la GDP y el RFI por raza y sexo.

Variables	Estadístico	Raza			
		Simbrah		Simmental	
		Hembra	Macho	Hembra	Macho
GDP (kg/día)	N	10	13	10	16
	Media	1.385	1.783	1.562	1.863
	SD	0.272	0.234	0.305	0.300
	Mínimo	0.97	1.38	0.97	1.35
	Máximo	1.93	2.31	2.07	2.27
CMS (kg/día)	N	10	13	10	16
	Media	10.321	10.878	11.433	11.388
	SD	1.286	1.315	1.054	0.911
	Mínimo	8.74	9.26	9.61	9.89
	Máximo	12.99	12.88	12.91	13.23
RFI	N	10	13	10	16
	Media	0.258	0.103	0.074	0.004
	SD	0.653	0.788	0.451	0.582
	Mínimo	-0.81	-1.29	-0.65	-1.62
	Máximo	1.25	1.44	0.78	0.91

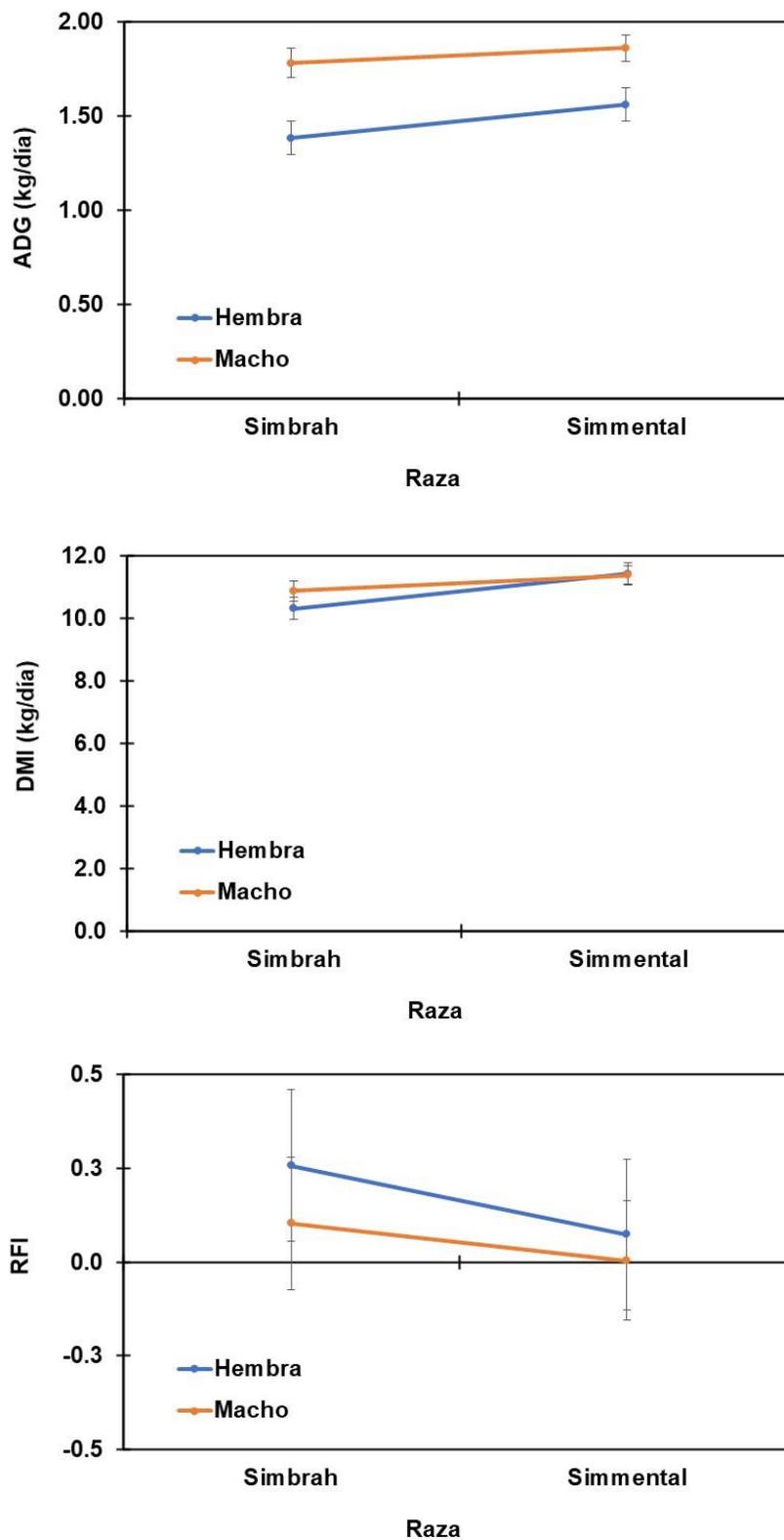


Figura 3. Valores medios (\pm error estándar) y su interacción para GDP, CMS y RFI en función de la raza y sexo.

3.8 Discusión

De acuerdo con los análisis de correlación de Pearson realizados en este estudio, la GDP se correlacionó positiva con CMS ($r = 0.554$; $p < 0.01$) y el RFI con CMS ($r = 0.488$; $p < 0.001$). Estos valores de correlación concuerdan con los obtenidos por Freetly et al. (2020), que sugieren que estas variables son heredables y genéticamente correlacionados para becerros y vacas adultas. Welch et al. (2012) evaluó becerros cruzados (novillos y vaquillas) para la estimación del RFI utilizando puertas Calan (American Calan, Norte-madera, NH) para medir el consumo individual de alimento, observando que el consumo residual de alimento no se correlacionó ($p > 0.05$) con la GDP, pero sí se correlacionó positivamente ($p < 0.05$) con el CMS.

En la Tabla 3, se presentan los efectos de raza y sexo en el RFI, no observándose diferencias para raza ($p = 0.450$) o sexo ($p = 0.548$), o la interacción raza*sexo ($p = 0.819$), por lo que se puede afirmar que estas dos variables no afectan el RFI. Welch et al. (2012) reportaron que no hubo interacciones ($p > 0.05$) en ningún grupo entre RFI y el sexo del animal en la evaluación de medidas de desempeño como GDP o CMS. En el presente estudio, los datos indican que ambos, machos y hembras, responden similarmente dentro de los grupos de RFI bajo y alto, y que incluir a ambos sexos para evaluación de las medidas de rendimiento, después del cálculo de RFI dentro del grupo contemporáneo, no tiene efectos adversos en el análisis. Esto significa que es factible considerar en una prueba, hembras o machos, de razas Simmental o Simbrah, sin que las variables de raza o sexo pudieran influenciar en la obtención de los mejores valores del RFI.

En un estudio de Fitzsimons et al. (2013), en el que se evaluó la relación del RFI con la emisión de metano y características de la fermentación ruminal en novillos Simmental, se observó que novillos con altos valores de RFI tuvieron un mayor consumo en materia seca que en aquellos con valores intermedios o bajos de RFI. Además, no se detectaron diferencias entre el peso del animal y actividad ruminal entre novillos con altos o bajos valores de RFI. Sin embargo, la producción de metano fue mayor en novillos con altos valores de RFI comparados con los que mostraron valores bajos de RFI. Los valores del RFI del presente estudio coinciden con aquellos de Fitzsimons et al. (2013) para la raza Simmental, sugiriendo que valores bajos del RFI están asociados a bajos niveles de emisión de metano sin afectar la

productividad de los novillos. En otra investigación (Kelly et al., 2010) con vaquillas de cruce Limousin x Holstein-Friesen, enfocada a las relaciones entre eficiencia y comportamiento alimenticio con variables metabólicas y rasgos morfológicos, no se detectó una correlación entre el RFI y la ganancia diaria de peso como fue detectado en el presente estudio. Resultados similares también fueron reportados por Onan et al. (2016), quienes sugieren que los valores de RFI son una medida de la eficiencia alimenticia que es independiente de las estimaciones de producción animal tales como ganancia diaria de peso y edad. Los valores de la GDP observados en el presente estudio también están dentro del rango documentado por Kelly et al. (2010). No obstante, las cantidades de consumo de MS están por debajo (6.74 ± 0.99 kg/día) con respecto a los encontrados (11.04 ± 1.18 kg/día) en el presente estudio. Las diferencias pueden ser debidas a la duración del estudio, características genéticas o condiciones ambientales durante la fase experimental.

3.9 Conclusión

El RFI es la mejor herramienta disponible para medir la eficiencia alimenticia debido a que es independiente del nivel de producción; se detectaron individuos en ambas razas con un RFI negativo. Bajo las condiciones en que se llevó a cabo la presente investigación, no es posible recomendar al RFI como indicador de selección genética del ganado Simmental y Simbrah. Sin embargo, seleccionar hembras en crecimiento con un RFI negativo podría reducir los costos de alimentación en ganado de carne en todas las etapas de su vida.

4 Capítulo 2. Desempeño productivo de toretes de raza Charolais con alto y bajo consumo residual de alimento.

4.1 Resumen

En este estudio se evaluaron 57 becerros prospectos a semental, de la raza Charoláis, para determinar el desempeño productivo y los valores de RFI para cada animal. Un análisis de regresión múltiple se utilizó para predecir el RFI, considerando las siguientes variables dependientes: consumo diario de materia seca, peso final y ganancia diaria de peso.

4.2 Abstract

In this study, 57 prospective stallion calves of the Charolais breed were evaluated to determine the productive performance and RFI values for each animal. A multiple regression analysis was used to predict the RFI, considering the following dependent variables: daily dry matter intake, final weight, and daily weight gain.

4.3 Justificación

En la actualidad se utilizan varias prácticas para el mejoramiento genético, entre las que se encuentran los valores genéticos, los cuales tienen la ventaja de evaluar e identificar los mejores animales, tanto hembras como machos, a una edad temprana, permitiendo el mejoramiento de futuras generaciones para características de crecimiento. La calidad de la canal puede ser medida *in vivo* utilizando la técnica de ultrasonografía; el área del ojo del lomo, porcentaje de grasa intramuscular (marmoleo) y espesor de grasa dorsal son buenos indicadores de la calidad de la canal. Es por ello la importancia de desarrollar este tipo de evaluaciones y conjuntar todas estas herramientas de selección disponibles, para poder identificar en forma más exacta los ejemplares genéticamente superiores.

4.4 Hipótesis

El comportamiento de las variables de desempeño productivo y características de la canal en becerros prospectos de sementales de la raza Charolais difieren entre individuos con bajo y alto consumo residual de alimento.

4.5 Objetivos

4.5.1 Objetivo general

El objetivo principal de este estudio fue evaluar si existe alguna correlación entre CMS, RFI y las características de la canal.

4.5.2 Objetivos específicos

Obtener y analizar el consumo residual de alimento en becerros prospectos a semental de registro de la raza Charolais y correlacionarlo con:

1. **Variables de desempeño:** peso inicial (PI), peso final (PF), ganancia diaria de peso (GDP) y consumo de materia seca (CMS).
2. **Medidas tamaño corporal:** altura a la cadera (AC) y circunferencia escrotal (CE).
3. **Características de la canal:** medición de área del ojo del lomo (AOL), grasa intramuscular (GI), grasa dorsal (GD) y grasa de la cadera (GCA).

4.6 Materiales y métodos

El presente estudio se llevó a cabo en las instalaciones del Centro de Investigación en Producción Agropecuaria (CIPA) de la UANL, el cual se encuentra localizado en el km 145 de la carretera nacional entre las ciudades de Monterrey a Ciudad Victoria, en el municipio Linares, Nuevo León México, cuyas coordenadas geográficas son 24° 47' latitud norte y 99° 32 longitud oeste, durante los meses de junio a octubre del 2015.

4.6.1 Animales y manejo

En este estudio se utilizaron 57 becerros prospectos de semental de registro de la raza Charoláis, con un peso promedio inicial de 341 kg y con un peso promedio final de 484 kg, en una prueba para determinar el desempeño productivo, variables de la canal (peso inicial, peso final, ganancia diaria de peso, consumo de materia seca, conversión alimenticia, área ojo del lomo, grasa intramuscular, marmoleo, grasa dorsal, grasa a la cadera e índice de rendimiento de la canal) y el RFI de cada animal. El área del ojo del lomo se mide en pulgadas (in) cuadradas, y se expresa por cada 100 libras de peso vivo del animal. El promedio es de 1.1 in² por cada 100 libras de peso vivo.

En este estudio los animales se confinaron en corrales de acuerdo con su tamaño y peso. Los corrales estaban equipados con el sistema GrowSafe Modelo 6000 (GrowSafe Systems Ltd., Airdrie, Alberta, Canadá) y los becerros portaban un arete de radio frecuencia para que el equipo identificara al animal y determinara el número de visitas al comedero por día, la duración por evento de alimentación (segundos), consumo por evento de alimentación (gramos) y duración de la alimentación por día (minutos).

A la llegada de los animales, se les realizó un examen visual, individual y en grupo, con el propósito de iniciar el registro de información; se registró el peso individual de llegada de cada animal y se midió la altura a la cadera, así como la circunferencia escrotal (CE). Con relación al aspecto sanitario, se desparasitaron IM contra ectoparásitos con doramectina (Dectomax 1%, Pfizer®), dosis que se aplicó considerando el peso vivo de cada animal. Las vacunas que se aplicaron incluyeron protección contra IBR, DVD, PI3, BRSV (Cattle master 4, Pfizer®) y bacterias clostridiales (Ultrabac7 Pfizer®), y se aplicó una inyección IM de vitaminas A, D y E.

Los animales fueron distribuidos en tres corrales (corral 1, n = 7; dos comederos; corral 2, n = 26; cuatro comederos; y corral 3, n = 24; cuatro comederos). Cada comedero tenía una capacidad máxima para alimentar ocho animales. El estudio tuvo un periodo de adaptación de 20 días, con el propósito de adaptar al ganado al consumo de grano y reducir la variabilidad por el efecto compensatorio que pudiera tener los animales por falta de alimento y agua durante el transporte, y 82 días de periodo de evaluación. La fecha de inicio de la evaluación se llevó a cabo a las 8:00 horas del día 20 de junio del 2015 tomando el peso inicial de cada animal y el término de evaluación fue en 29 de septiembre del 2015.

4.6.2 Alimentación y manejo

Los ingredientes y la composición química de la ración se presentan en la Tabla 6. El alimento que se ofreció a los animales contenía 1.75 Mcal Enm y 15.5% de PC. Los ingredientes que se usaron para preparar la ración fueron sorgo de gano, pasta de soya, granos secos de destilería, melaza, heno de pasto Klein, y pre-mezcla de vitaminas y minerales. El alimento y el agua se ofrecieron a libre acceso. La cantidad de alimento ofrecida fue ajustada semanalmente considerando un 10% adicional del consumo de materia seca de la semana

anterior, con lo que se pretendió tener un consumo ad libitum del alimento, evitando grandes fluctuaciones del consumo de alimento.

4.6.3 Análisis estadístico

Los datos de las diferentes variables de desempeño productivo consideradas, así como también los datos de las características de la canal evaluadas para los 31 y 26 sementales con valores de RFI (tratamientos) negativo y positivo, fueron analizados mediante el diseño experimental completamente aleatorio. Además, se realizó un análisis de regresión lineal para evaluar la relación del peso final como función del peso inicial. Los procedimientos estadísticos se realizaron mediante el uso del paquete estadístico para las ciencias sociales (por sus siglas en inglés, SPSS) versión estándar 13.0 para Windows (SPSS Inc., Chicago, IL).

Tabla 6. Ingredientes y composición química del alimento utilizado en la evaluación de toretes de raza Charolais.

Ingredientes (g/kg)	Concentración
Sorgo de gano	48.0
Pasta de soya	5.5
Granos secos de destilería	12.0
Melaza	6.0
Heno de zacate	26.0
Mezcla base*	2.50
Composición química (base seca)	
Materia seca (%)	87.4
ENm (Mcal/kg)	1.75
ENg (Mcal/kg)	1.10
Proteína cruda (%)	15.5
PC indegradable (%)	6.5
Fibra detergente ácido (%)	20.67
Fibra detergente neutro (%)	29.6

* Mezcla base: contiene Ca, Na, P, S, Mg, Fe, Zn, Cu, Co, Se, I, vitaminas A y E, urea, aceite mineral, monensina sódica (1,2000 ppm).

4.7 Resultados

La información registrada durante los 81 días de la prueba permitió calcular el RFI de cada animal. La diferencia entre valores negativos y positivos del RFI fue significativo ($p < 0.001$). De los 57 animales evaluados, 31 animales tuvieron RFI negativo ($\text{RFI} = -0.421$) y 26 animales tuvieron un RFI positivo ($\text{RFI} = + 0.439$).

Se realizó una evaluación del efecto del RFI de los animales sobre las variables de desempeño productivo y las características de la canal. Para ello se compararon los dos grupos de RFI, uno negativo (tratamiento 1; $n = 31$ animales) y otro positivo (tratamiento 2; $n = 26$ animales) en las variables de desempeño productivo (PI, PF, GDP, CMS y CA). Los resultados del análisis de varianza (ANOVA); estas comparaciones de tratamientos se presentan en la Tabla 7.

El peso de los animales al inicio de la prueba fue similar ($p = 0.919$) para los grupos con valores de RFI negativos (341.1 ± 10.6 kg) y positivos (342.7 ± 11.6 kg). Al finalizar la prueba, el peso promedio fue similar ($p = 0.879$) para RFI negativo (485.5 ± 12.2 kg) y RFI positivo (483.0 ± 11.2 kg).

Los becerros con valores de RFI negativos tuvieron una GDP (1.75 ± 0.04 kg/día) similar ($p = 0.682$) al de los becerros con RFI positivo (1.79 ± 0.05 kg/día). El consumo de MS de los becerros con RFI negativo (8.81 ± 0.18 kg/día) fue menor ($p = 0.001$) al de los becerros con RFI positivo (9.75 ± 0.19 kg/día). La conversión alimenticia fue mejor ($p = 0.004$) para los becerros de RFI negativo (5.07 ± 0.10) que para los becerros con RFI positivo (5.54 ± 0.11). La EA fue mejor ($p = 0.003$) para becerros con valores de RFI negativo (0.200 ± 0.004) que para becerros con RFI positivo (0.183 ± 0.004).

En la Tabla 8 se presentan los resultados del análisis de varianza (ANOVA) del efecto de los valores negativos y positivos del RFI sobre las características de la canal. En el presente trabajo, el área del ojo del lomo (AOL) de los animales con valores de RFI negativos (11.98 ± 0.28 in²) fue similar ($p = 0.243$) a la de animales con valores positivos de RFI (12.47 ± 0.31 in²).

El porcentaje de grasa intramuscular es el porcentaje de grasa entreverada en las fibras del músculo *Longissimus dorsi*. El porcentaje de grasa intramuscular de los animales con RFI negativo ($2.12 \pm 0.09\%$) fue similar ($p = 0.712$) al de los animales con RFI positivo ($2.18 \pm 0.10\%$). El marmoleo de los animales valores de RFI negativos ($3.89 \pm 0.06\%$), fue similar ($p = 0.736$) al de los animales con valores de RFI positivos ($3.92 \pm 0.06\%$). La cobertura de grasa dorsal (medida en pulgadas; in) es un indicador del porcentaje de rendimiento en una canal. Los animales con valores de RFI negativo tuvieron cobertura de grasa dorsal (0.096 ± 0.005 in) similar ($p = 0.219$) a la de los animales con valores de RFI positivo (0.106 ± 0.006). La grasa de la cadera está constituida de tejido adiposo que se desarrolla en los bovinos desde edad temprana hasta la edad madura. La cobertura de grasa de la cadera, medida en pulgadas, fue similar ($p = 0.180$) para los bovinos del grupo de RFI negativo (0.096 ± 0.009 in), y los del grupo de RFI positivo (0.115 ± 0.010 in).

El índice de rendimiento de la canal fue estadísticamente similar ($p = 0.349$) entre ambos grupos de animales con valores contrastantes de RFI. Los animales del grupo con valores de RFI negativo tuvieron un índice de rendimiento de la canal (128.4 ± 20.7), y los del grupo de valores de RFI positivos tuvieron un índice de rendimiento de la canal de (99.5 ± 22.6). De acuerdo con el análisis de regresión lineal de la relación entre el peso final como función del peso inicial, se observó una relación lineal entre ambas variables en la cual el peso inicial explica cerca del 90% del peso final en el rango de los pesos considerados (Figura 4).

Tabla 7. Valores promedio (\pm error estándar de la media) del peso inicial (PI), peso final (PF), ganancia diaria por periodo (GDP), consumo diario de materia seca (CMS), conversión y eficiencia alimenticia de prospectos a sementales Charolais con RFI negativo (RFI = -0.421) y RFI positivo (RFI = +0.439) en prueba experimental de 81 días. El resumen del análisis de la varianza (ANOVA) en términos del cuadrado medio del error (CME), valor F y valor p son denotados. Valores $p < 0.05$ son presentados en negritas.

Variable	RFI negativo	RFI positivo	CME	Valor F	Valor p
N	31	26	---	---	---
RFI (kg)	-0.421 \pm 0.051	+0.439 \pm 0.056	0.081	129.89	<0.001
Peso inicial (PI, kg)	341.1 \pm 10.6	342.7 \pm 11.5	3478.6	0.010	0.919
Peso final (PF, kg)	483.0 \pm 11.2	485.6 \pm 12.2	3892.1	0.023	0.879
Ganancia diaria de peso (GDP, kg/día)	1.75 \pm 0.04	1.79 \pm 0.05	0.055	0.169	0.682
Consumo de materia seca (CMS, kg/día)	8.81 \pm 0.18	9.75 \pm 0.19	0.987	12.54	0.001
Conversión alimenticia	5.07 \pm 0.10	5.54 \pm 0.11	0.334	9.08	0.004
Eficiencia alimenticia	0.200 \pm 0.004	0.183 \pm 0.004	<0.001	9.64	0.003

Tabla 8. Valores promedio (\pm error estándar de la media) de algunas características de la canal de prospectos a sementales Charolais con RFI negativo (RFI = -0.421) y RFI positivo (RFI = +0.439) en prueba experimental de 81 días. El resumen del análisis de la varianza (ANOVA) en términos del cuadrado medio del error (CME), valor F y valor p son denotados. Los datos RFI, PI y PF se incluyen a manera de referencia.

Característica de la canal	RFI negativo	RFI positivo	CME	Valor F	Valor p
N	31	26	---	---	---
RFI (kg)	-0.421 \pm 0.051	+0.439 \pm 0.056	0.081	129.89	<0.001
Peso inicial (PI, kg)	341.1 \pm 10.6	342.7 \pm 11.5	3478.6	0.010	0.919
Peso final (PF, kg)	483.0 \pm 11.2	485.6 \pm 12.2	3892.1	0.023	0.879
Área del ojo del lomo (AOL; in ²)	11.98 \pm 0.28	12.47 \pm 0.31	2.49	1.39	0.243
Grasa intramuscular (%)	2.12 \pm 0.09	2.18 \pm 0.10	0.281	0.138	0.712
Marmoleo	3.89 \pm 0.06	3.92 \pm 0.06	0.098	0.114	0.736
Grasa dorsal (in)	0.096 \pm 0.005	0.106 \pm 0.006	0.001	1.544	0.219
Grasa de la cadera (in)	0.096 \pm 0.009	0.115 \pm 0.010	0.003	1.846	0.180
Índice de rendimiento de la canal	128.4 \pm 20.7	99.5 \pm 22.6	13313.8	0.891	0.349

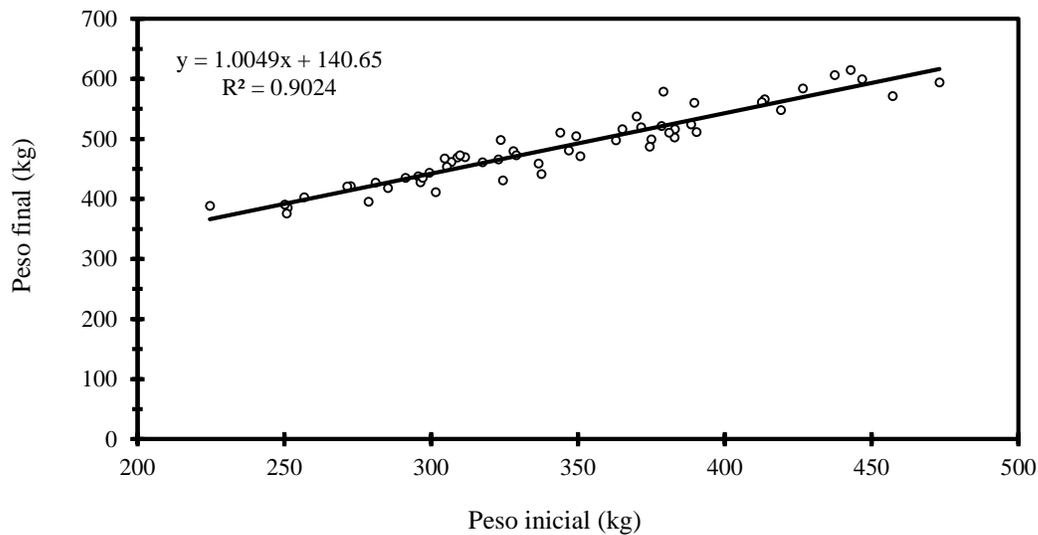


Figura 4. Relación entre el peso final como función del peso inicial en 57 toretes Charolais. Se incluye la ecuación de regresión y el coeficiente de determinación (R^2).

4.8 Discusión

Con base a los resultados obtenidos acerca del RFI, se encontró que 31 animales tuvieron RFI negativo (promedio fue $\text{RFI} = -0.421$) y 26 animales con RFI positivo (promedio fue $\text{RFI} = +0.439$; $p < 0.05$), mostrando los mismos resultados las variables: consumo de materia seca (kg/día), conversión alimenticia y eficiencia alimenticia. En este sentido, Onan et al. (2016), realizaron un estudio acerca del consumo de alimento residual en 40 toros de raza Angus, mostrando valores significativos en dicha variable.

El porcentaje de grasa intramuscular de los animales con RFI negativo ($2.12 \pm 0.095\%$) fue similar ($p = 0.712$) al de los animales con RFI positivo ($2.18 \pm 0.104\%$). Los animales con valores de RFI negativo tuvieron cobertura de grasa dorsal (0.096 ± 0.052 in) similar ($p = 0.219$) a la de los animales con valores de RFI positivo (0.106 ± 0.006). Por otro lado, Fitzsimons et al. (2013), analizaron 22 hembras de la raza Simmental, donde realizaron una comparación del valor bajo y alto de RFI con relación al porcentaje de grasa intramuscular, en la cual no presenta diferencias ($p > 0.05$) entre novillas.

El CMS de los animales con RFI negativo (8.81 ± 0.178 kg/día) fue menor ($p = <0.001$) al de los animales con RFI positivo (9.75 ± 0.195 kg/día). De esta manera, Fitzsimons et al.

(2013), mostraron valores de consumo de materia seca entre alto, medio y bajo en hembras de la raza Simmental en rangos que van desde -0.66 a 1.32 kg/día ($p < 0.05$).

El peso de los animales al inicio de la evaluación fue similar ($p > 0.05$) para los grupos con valores de RFI negativos y positivos. Al finalizar la evaluación, los animales del grupo con RFI negativo tuvieron un peso similar ($p > 0.05$) al de los animales con RFI positivo. En este sentido, Fitzsimons et al. (2013), encontraron que los valores de alto, medio y bajo de RFI, no mostraron diferencias significativas en peso inicial y peso final ($p > 0.05$) de las hembras de la raza Simmental.

4.9 Conclusión

La evaluación de eficiencia alimenticia para la selección sementales de reemplazo, mediante la determinación del RFI, ha demostrado ser una herramienta útil para seleccionar ejemplares cuyas características de producción son superiores a las de sus contemporáneos. Son de suma importancia las características económicas de mediana a alta heredabilidad; por lo que, al seleccionar estas, se tendrá un mejoramiento genético en su ganadería.

El consumo de alimento residual es considerado una medida de la eficiencia alimenticia, debido a que es independiente de la tasa de ganancia y el tamaño corporal maduro. Por lo que la utilización de tecnologías de alimentación, permiten una medición más fácil de RFI y un progreso eficiente y rentable en la alimentación del ganado.

De acuerdo con los resultados obtenidos en la presente investigación, se demostró que los animales con valores de RFI positivos y negativos, no intervienen en las características mencionadas de la calidad de la canal.

5 Capítulo 3. Efecto del nivel de proteína en el desempeño productivo y consumo residual de alimento de toretes Simmental consumiendo dietas isoenergéticas.

5.1 Resumen

En este estudio se evaluaron 18 toretes de registro de las razas Simmental y Simbrah, para determinar si el nivel de proteína en la ración (13 o 16%) tiene influencia en el RFI del ganado. Otras variables que se midieron fueron consumo de materia seca, ganancia diaria de peso, conversión alimenticia, rendimiento y características de la canal, área ojo del lomo, grasa intramuscular (marmoleo), grasa dorsal y grasa de la cadera.

5.2 Abstract

In this study, 18 registered Simmental and Simbrah bulls were evaluated to determine if crude protein in the ration (13% or 16%) has an influence on the cattle's RFI. Other variables measured were dry matter intake, daily weight gain, feed conversion, carcass yield, carcass characteristics, ribeye area, intramuscular fat (marbling), and yield of backfat and hip fat.

5.3 Justificación

Para lograr mejorar genéticamente al ganado, es importante medir en forma objetiva aquellas características que tienen valor económico y que responden rápidamente a un mejoramiento genético. Estas características de importancia económica son aquellas relacionadas con la eficiencia productiva y la calidad de la carne producida, tales como ganancias de peso al destete y post destete, eficiencia en la conversión del alimento, capacidad reproductiva y calidad de la canal.

La rentabilidad en la industria de la carne depende de la capacidad del productor para maximizar los beneficios reduciendo los costos en insumos y optimizando la producción. La selección de ganado alimentado de manera eficiente es una forma en que los productores pueden aumentar su rentabilidad. El consumo de alimento residual es una medida

moderadamente hereditaria de eficiencia alimentaria que se puede utilizar como una herramienta de selección a fin de aumentar la eficiencia en el ganado bovino.

El propósito de este estudio fue el determinar si la concentración de proteína cruda en la ración (menor o mayor al requerimiento), pudiera afectar el RFI del ganado.

5.4 Hipótesis

El comportamiento e interacción de las variables de desempeño productivo y características de la canal en toretes y hembras de las razas Simmental y Simbrah sometidos a diferentes dietas de proteína cruda difieren entre sí.

5.5 Objetivos

5.5.1 Objetivo general

Evaluar el efecto del nivel de proteína en el desempeño productivo y consumo residual de alimento de toretes y hembras de las razas Simmental y Simbrah consumiendo dietas isoenergéticas.

5.5.2 Objetivos específicos

Evaluar el efecto de dos niveles de proteína cruda (13% vs 16%) en la dieta y su correlación en el consumo de materia seca, ganancia diaria de peso, consumo de alimento residual y calidad de la canal machos.

5.6 Materiales y métodos

El presente estudio se llevó a cabo en las instalaciones del Centro de Investigación en Producción Agropecuaria (CIPA) de la UANL, el cual se encuentra localizado en el km 145 de la carretera nacional entre las ciudades de Monterrey a Ciudad Victoria, en el municipio Linares, Nuevo León México, cuyas coordenadas geográficas son 24° 47' Latitud Norte y 99° 32 longitud oeste, durante los meses de junio a septiembre del 2016.

5.6.1 Animales y manejo

En este estudio se involucró la evaluación de 18 toretes de las razas Simmental (11) y Simbrah (7) que fueron asignados aleatoriamente en dos corrales; corral 1, (16% PC) 9 toretes y corral 2, (13% PC) 9 toretes. Las fechas de recepción de los animales en el CIPA fueron los días 6 y 7 de junio del 2016.

Con el propósito de reducir al mínimo las posibilidades de contagio de alguna enfermedad, se solicita se envíen solamente animales clínicamente sanos. A su llegada se realizó un examen visual, individual y en grupo. Con el propósito de iniciar el registro de información, se tomó el peso físico individual de llegada de cada ejemplar y se midió la altura a la cadera, así como la circunferencia escrotal (CE) y docilidad recogiendo los puntajes de temperamento de acuerdo con BIF 2010.

Con relación al aspecto sanitario, se desparasitaron IM contra ectoparásitos con doramectina (Dectomax 1%, Pfizer®), dosis que se aplicó considerando el peso vivo de cada animal. Las vacunas que se aplicaron incluyen protección contra IBR, DVD, PI3, BRSV (Cattle master 4, Pfizer®) y bacterias clostridiales (Ultrabac7 Pfizer®). Así mismo, se aplicarán intramuscularmente las vitaminas A, D y E. Los animales se distribuyeron en lotes uniformes por peso vivo y sexo quedando dos corrales para machos y uno para hembras.

El periodo del estudio consistió en 20 días para adaptación a la dieta fue considerado con el propósito de adaptar al ganado al consumo de grano y reducir la variabilidad que imparte el efecto compensatorio que pudiera tener el ganado y 80 días de periodo de evaluación.

5.6.2 Período de adaptación

Este período de adaptación comprende 20 días, dio inicio día 8 junio del 2016 y finalizó el 28 de junio 2016, el periodo de adaptación se lleva a cabo con el propósito de uniformizar el lote de toretes o hembras, en cuanto a dieta alimenticia, disminuir el efecto de crecimiento compensatorio y la uniformidad de los animales.

5.6.3 Período de evaluación de eficiencia alimenticia

La fecha de inicio de la evaluación fue 29 junio 2016 y finalizó el 14 de septiembre del 2016, tomando los pesos individuales de cada ejemplar, previa dieta por 12 horas sin agua y comida. De acuerdo con los resultados de la medición de pesos, se ajustó la cantidad de alimento a proporcionar cada día por corraleta, ajustando la cantidad al 3% del peso vivo presente.

5.6.4 Alimentación y manejo

Las raciones alimenticias a proporcionadas fueron sobre la base de una dieta balanceada que en términos generales contenga el 60 a 70% de NDT (1.77 ENm Mcal / Kg) y de 16% y 13% de proteína cruda. Los ingredientes que se usaron para preparar la ración fueron: maíz, pasta de soya, sorgo de grano, granos secos de destilería, melaza, heno de zacate, pre-mezcla de vitaminas y minerales (Tabla 9) La alimentación y disponibilidad de agua será a libre consumo con vigilancia constante para asegurar consumo total, no faltantes ni desperdicios.

El alimento y el agua se ofrecen a libre acceso. El consumo de alimento es ad libitum, evitando fluctuaciones desmesuradas en el consumo.

En este estudio se evaluaron 18 toretes de registro de la raza de la Simmental y Simbrah, fueron asignados aleatoriamente en dos corrales de (13% y 16% PC). Para determinar mediante el uso de análisis de varianza si existe o no alguna relación entre los dos niveles de proteína cruda. Además de la relación con las características de la canal con los niveles de proteína antes mencionado.

Tabla 9. Ingredientes y composición química de la dieta de alimento utilizado en el estudio de toretes de raza Simmental y Simbrah, con 13 y 16% de proteína cruda.

Ingredientes (g/kg)	Concentración	
	13%	16%
Sorgo de gano	35.5	27.5
Maíz quebrado	20.0	20.0
Pasta de soya	0	6.0
Granos secos de destilería	12.0	14.0
Melaza	6.0	6.0
Heno de zacate	24.0	24.0
Mezcla base*	2.5	2.5
Composición química (base seca)		
Materia seca (%)	86.3	86.5
ENm (Mcal/kg)	1.77	1.77
ENg (Mcal/kg)	1.20	1.20
ENI (Mcal/kg)	1.74	1.74
Proteína cruda (%)	13.0	16.0
PC indegradable (%)	5.73	6.90
Fibra detergente ácido (%)	22.17	21.92
Fibra detergente neutro (%)	33.10	32.30

* Mezcla base: contiene Ca, Na, P, S, Mg, Fe, Zn, Cu, Co, Se, I, vitaminas A y E, urea, aceite mineral, monensina sódica (1,2000 ppm).

5.6.5 Variables a evaluar

La ganancia diaria de peso (GDP) promedio, el consumo de materia seca (CMS) y la eficiencia alimenticia (ganancia de peso por kg de MS consumido) se determinan durante el periodo experimental. El consumo de MS inicial se obtiene de la regresión lineal del CMS ($BW^{.75}$) a la mitad de la prueba y la GDP. El consumo residual de alimento (MS) se determina usando el procedimiento establecido por Grow Safe. El RFI se calcula como la diferencia entre el consumo de MS actual y el estimado. Una vez que la prueba ha terminado, el consumo diario de MS se calcula a partir de las cantidades de alimento ofrecido y

rechazado, la ganancia diaria de peso y el peso corporal promedio obtenido para el mismo período. Otras variables que se midieron fueron:

- **Talla corporal:** es un valor basado en la medición actual de la altura de la cadera. Esta se determina por ecuaciones matemáticas en las que se usan la altura a la cadera del animal y la edad de este como variables. Es un buen predictor del tamaño adulto de los animales. La heredabilidad de esta característica es de $h^2 = 0.40$.
- **Calidad de la canal:** medición con ultrasonido para calidad de la canal para obtener a través de la medición *in vivo* de las siguientes características: área del ojo del lomo (AOL), contenido de grasa intramuscular (GI), marmoleo (MM), espesor de grasa dorsal (GD), rendimiento, grasa de la cadera (GC). Para lo cual se utilizó un ecógrafo (Aloka®) con transductor de 3.5-MHz para calidad de carne, y almohadilla de acople.
- **Circunferencia escrotal:** es un buen indicador del potencial reproductivo que tendrá el futuro semental. Además, el seleccionar un prospecto a semental por su tamaño testicular tendrá un efecto positivo en el comportamiento reproductivo de las futuras hijas, teniendo una pubertad más temprana. Esta medida se obtiene a un año de edad, y se mide con una cinta métrica la parte más ancha de la bolsa escrotal.

5.6.6 Análisis estadístico

Los datos de las variables de desempeño productivo y de las características de la calidad de la canal fueron analizados mediante un diseño experimental completamente al azar, con arreglo factorial 2 x 2, dos razas (Simmental y Simbrah) y dos niveles de proteína cruda (13% y 16%). El peso inicial se usó como covariable. Para la comparación de medias se utilizó la prueba Tukey, considerando un valor de $p < 0.05$ como significativo, y un valor 0.05 y 0.10, como una tendencia. Con el propósito de encontrar asociación entre las distintas variables evaluadas, se realizó un análisis de correlación de Pearson, considerando un nivel de significancia $p < 0.05$. Los procedimientos estadísticos se realizaron mediante el uso del paquete estadístico SPSS versión estándar 13.0 para Windows (SPSS, Inc., Chicago, IL).

5.7 Resultados

Al iniciar el experimento, se midió la altura inicial (a la cadera) y la circunferencia escrotal inicial, variables que fueron similares ($p > 0.05$) entre tratamientos (Tabla 10). El peso inicial de los becerros Simmental fue de 358.1 kg para el tratamiento con 13% PC y 351.3 kg para el tratamiento con 16% PC. El peso de los becerros Simbrah fue de 348.5 kg para en el tratamiento con 13% PC y 356.3 kg para el tratamiento con 16% PC. En la Tabla 10, se presentan las variables de desempeño productivo y consumo de materia seca residual de los becerros Simmental y Simbrah consumiendo dietas con 13% y 16% de proteína cruda. El peso final y la GDP se incrementaron ($p = 0.006$) con un aumento en el nivel de proteína de 13 a 16% en becerros Simmental, no observándose una respuesta en becerros Simbrah. En ambas razas de ganado, el CMS tendió ($p = 0.061$) a incrementarse con un aumento de la proteína en la ración de 13% a 16%.

En la Tabla 11, se presentan algunas características de la canal de los becerros Simmental y Simbrah. De todas las variables evaluadas, solamente se obtuvo una tendencia ($p = 0.061$) para AOL. Esta tendencia fue notoria para becerros Simmental consumiendo la dieta de 16% PC, en comparación con aquellos consumiendo la ración con 13% PC.

En la Tabla 12, se presentan las correlaciones entre las variables de desempeño y calidad de la canal. El peso inicial se correlacionó positiva y significativamente con el peso final ($r = 0.981$; $p < 0.001$), con el AOL ($r = 0.564$; $p = 0.015$), con la altura inicial ($r = 0.803$; $p < 0.001$), y con la CEI ($r = 0.862$; $p < 0.001$). Similarmente, el peso final se correlacionó positiva con el CMS ($r = 0.569$; $p = 0.014$), con el AOL ($r = 0.618$; $p = 0.006$), con la altura inicial ($r = 0.787$; $p < 0.001$) y con el CEI ($r = 0.833$; $p < 0.001$). La ganancia diaria de peso se correlacionó positiva con el consumo diario de materia seca ($r = 0.643$; $p = 0.004$). De igual forma, el consumo diario de materia seca se correlacionó positiva y significativamente con el RFI ($r = 0.656$; $p = 0.003$). El IMF se correlacionó positivamente con el marmoleo ($r = 0.915$; $p < 0.001$) y negativamente con el AOL ($r = -0.681$; $p = 0.002$). El marmoleo se correlacionó negativamente con el AOL ($r = -0.569$; $p = 0.014$). Una asociación y positiva fue observada entre AOL y RTO ($r = 0.637$; $p = 0.004$) así como también, con la altura inicial ($r = 0.637$; $p = 0.004$) y el CEI ($r = 0.488$; $p = 0.040$). De igual forma, se observó una

correlación positiva entre la grasa dorsal y la grasa de la cadera ($r = 0.720$; $p = 0.001$). Finalmente, se detectó correlación positiva entre la altura inicial y la CEI ($r = 0.776$; $p < 0.001$).

Tabla 10. Análisis estadísticos de las variables de desempeño productivo y características de la canal.

Variables	Simmental		EE	Simbrah		EE	Valor P		
	13%	16%		13%	16%		Raza	Proteína	R*P
Peso final (kg)	469.9 ^b	489.9 ^a	3.27	498.0 ^a	497.4 ^a	4.17	0.006	0.079	0.065
GDP (kg/día)	1.51 ^b	1.77 ^a	0.042	1.88 ^a	1.87 ^a	0.054	0.006	0.079	0.065
CMS (kg/día)	8.64	9.71	0.357	9.74	10.97	0.456	0.071	0.061	0.889
RFI (kg)	-0.012	0.230	0.290	-0.205	0.423	0.370	0.629	0.188	0.196
AI (m)	1.28	1.28	0.007	1.27	1.27	0.009	0.427	0.660	0.855
CEI (in)	30.5	30.0	0.82	30.2	29.1	1.04	0.718	0.529	0.828

GDP: ganancia diaria de peso; CMS: consumo materia seca; RFI: consumo residual de alimento; AI: altura inicial; CEI: circunferencia escrotal inicial.

Tabla 11. Análisis estadístico para las características de la canal.

Variables	Simmental		EE	Simbrah		EE	Valor P		
	13%	16%		13%	16%		Raza	Proteína	R*P
Grasa intramuscular	2.71	2.02	0.143	2.23	2.55	0.183	0.914	0.414	0.044
Marmoleo	4.12	3.81	0.093	4.06	4.18	0.119	0.335	0.509	0.164
Área del ojo del lomo (in)	11.86	13.85	0.311	12.26	12.25	0.398	0.274	0.061	0.060
Grado de rendimiento	2.32	2.36	0.032	2.27	2.30	0.041	0.321	0.485	0.919
Grasa dorsal (in)	0.29	0.13	0.059	0.11	0.14	0.076	0.404	0.528	0.301
Grasa de la cadera (in)	0.26	0.26	0.053	0.09	0.14	0.068	0.141	0.739	0.741

Tabla 12. Coeficientes de correlación de Pearson (n = 18) entre distintas variables de desempeño productivo y características de la canal de toretes de las razas Simbrah y Simmental estudiados bajo dos dietas de proteína cruda (13% y 16%). Valores por encima y por debajo de la diagonal representan los coeficientes de correlación y nivel de significancia (valor p), respectivamente. Valores en negritas denotan correlación significativa ($p < 0.05$).

Variable	PI	PF	GDP	CMS	RFI	IMF	MM	AOL	RTO	GD	GC	AI	CEI
PI		0.981	0.070	0.459	-0.109	-0.290	-0.220	0.564	0.387	0.233	-0.160	0.803	0.862
PF	<0.001		0.263	0.569	-0.084	-0.361	-0.255	0.618	0.355	0.172	-0.187	0.787	0.833
GDP	0.781	0.291		0.643	0.108	-0.413	-0.220	0.370	-0.099	-0.275	-0.164	0.054	-0.006
CMS	0.055	0.014	0.004		0.656	-0.173	-0.063	0.444	0.092	-0.079	-0.233	0.218	0.197
RFI	0.667	0.740	0.668	0.003		0.293	0.250	-0.050	-0.069	-0.074	-0.103	-0.321	-0.344
IMF	0.243	0.141	0.088	0.493	0.238		0.915	-0.681	-0.087	0.148	0.068	-0.312	-0.302
M	0.381	0.307	0.381	0.802	0.316	<0.001		-0.569	0.028	-0.168	-0.200	-0.314	-0.303
AOL	0.015	0.006	0.130	0.065	0.843	0.002	0.014		0.637	-0.143	0.026	0.637	0.488
RTO	0.112	0.148	0.697	0.717	0.785	0.731	0.913	0.004		-0.106	0.154	0.429	0.328
GD	0.352	0.495	0.270	0.754	0.769	0.557	0.505	0.571	0.676		0.720	0.296	0.434
GC	0.526	0.458	0.515	0.351	0.684	0.790	0.426	0.917	0.543	0.001		0.116	0.071
AI	<0.001	<0.001	0.831	0.385	0.194	0.207	0.205	0.004	0.075	0.233	0.648		0.776
CEI	<0.001	<0.001	0.982	0.434	0.162	0.223	0.221	0.040	0.184	0.072	0.780	<0.001	

PI (peso inicial), PF (peso final), GDP (ganancia diaria de prueba), CMS (consumo de materia seca), RFI (consumo de alimento residual), GI (grasa intramuscular), M (marmoleo), AOL (área del ojo del lomo), RTO (rendimiento), GD (grasa dorsal), GC (grasa de la cadera), AI (altura Inicial) y CEI (circunferencia escrotal inicial).

5.8 Discusión

En lo que respecta a los resultados obtenidos de la correlación entre los niveles de proteína cruda de 18 toretes, mediante un análisis de varianza y covarianza, se obtuvo que para la variable peso inicial, no se detectaron diferencias significativas ($p > 0.05$) para los efectos principales (raza y dieta) ni la interacción raza*dieta. En lo que respecta al peso final se detectaron diferencias significativas ($p < 0.05$) y para la covariable del peso inicial. El estudio realizado por Meyer et al. (2008), en dos grupos de vaquillas de la raza Hereford, encontraron que no existieron diferencias significativas en la ingesta de alimento entre vacas con RFI bajas y RFI altas.

La ganancia diaria de peso promedio de acuerdo con el modelo completo, se detectaron únicamente diferencias significativas ($p < 0.05$) para las razas, no así para las dietas, la interacción raza*dieta y las covariables altura inicial y circunferencia escrotal inicial. La ganancia de peso promedio por día para la raza Simmental y Simbrah fue de 1.64 y 1.87 kg/día respectivamente. Por otro lado, Fitzsimons et al. (2013), analizaron hembras de la raza Simmental, los valores encontrados entre el consumo de alimento residual y la ganancia de peso diario no presentaron diferencias significativas ($p > 0.05$).

Por otro lado, el consumo de materia seca kg/día, no presentaron diferencias significativas ($p > 0.05$) para efectos principales (razas y dietas), la interacción raza*dieta y las covariables altura inicial y circunferencia escrotal inicial. No obstante, la covariable del peso inicial fue significativa ($p < 0.01$). De acuerdo con Meyer et al. (2008), demostraron que las vacas con bajo RFI tenían el consumo de materia seca más bajo en un 21% que vacas con altos valores de RFI, los resultados mencionados no presentaron diferencias significativas ($p > 0.05$).

En este sentido, para el consumo de alimento residual (RFI), no se observaron diferencias significativas ($p < 0.05$) para los efectos principales (raza y dieta), la interacción raza*dieta y para las covariables altura inicial, circunferencia escrotal inicial y peso inicial. Los valores de RFI (kg) promedio para las razas Simmental y Simbrah fue de 0.065 y 0.099 kg. La investigación realizada por Basarab et al. (2003), con novillos utilizando cinco cepas

de Beefmaster para determinar las relaciones entre el consumo de alimento residual y la tasa de crecimiento, mostraron diferencias significativas ($p > 0.05$).

5.9 Conclusión

Para seleccionar animales más sobresalientes con bajo RFI, la tendencia observada que animales alimentados con un 16% PC mejoraron GDP en un 83% de los casos. En los animales con dieta de 13% PC se observó un menor CMS, dando una tendencia de animales con RFI negativo, siendo más eficientes estos con relación a los alimentados con 16% PC. Se observa una tendencia de 70% de casos con bajo nivel de PC (13%) genera animales con más marmoleo. El RFI presento tendencia para servir como una herramienta eficaz para obtener un alto potencial en el mejoramiento de la eficiencia productiva, sin alterar el rendimiento.

La falta de interacción RFI con las dietas 13 y 16% de PC y las razas Simmental y Simbrah indica que los niveles de proteína en las dietas y las razas no pueden desempeñar un papel importante en la mejora las características de importancia económica en ganado bovino eficiente (RFI negativo). Sin embargo, es importante que tengan encuenta que este resultado no puede ser considerado un indicador significativo en bovinos de carne, antes de un estudio más detallado, debido al número limitado de toretes y la diversidad de pesos al inicio de la evaluación.

6 Capítulo 4. Perfil del microbioma y producción de ácidos grasos volátiles en el rumen de ganado Beefmaster con bajo y alto consumo residual de alimento.

6.1 Resumen

Se ha estudiado el rol de la microbiota intestinal en la salud y la producción del ganado de carne, pero no está claro el impacto de las diferentes estrategias de análisis de los datos. Se obtuvieron 16 muestras de líquido ruminal de toretes Beefmaster ($n = 10$) en ambos extremos de los valores del consumo residual de alimento (RFI) ($n = 5$ con los RFI más bajos, $n = 5$ con los RFI más altos) de dos días consecutivos. Las muestras se procesaron utilizando dos métodos diferentes de extracción de ADN. Las regiones V3 y V4 del gen 16S rRNA se amplificaron mediante PCR y se secuenciaron con un instrumento MiSeq (Illumina). Analizamos 1.6 millones de secuencias 16S de las 40 muestras (10 toretes, 2 puntos de tiempo, 2 métodos de extracción). La abundancia de la mayoría de los taxones fue significativamente diferente entre los métodos de extracción de ADN, pero no entre los animales de alta eficiencia (BRFI) y los de baja eficiencia (ARFI). Las excepciones incluyen el género *Succiniclasticum* (inferior en BRFI, $p = 0.0011$) y otros. Las medidas de diversidad y las predicciones funcionales también se vieron afectadas principalmente por los métodos de extracción de ADN, pero algunas vías mostraron diferencias significativas entre los niveles de RFI (p. ej., degradación de metilglioxal, mayor en BRFI, $p = 0.006$). Los resultados sugieren que la abundancia de algunos microbios ruminales está asociada con la eficiencia alimenticia y sirven como advertencia para la interpretación de los resultados obtenidos con un solo método de extracción de ADN.

6.2 Abstract

The involvement of the gut microbiota in health and productivity of beef cattle has been studied, but the impact of different analysis strategies is unclear. Ruminal samples were obtained from Beefmaster steers (n = 10) at both extremes of RFI (residual feed intake) values (n = 5 with the lowest RFI, n = 5 with the highest RFI) from two consecutive days. Samples were processed using two different DNA extraction methods. The V3 and V4 regions of the 16S rRNA gene was amplified using PCR and sequenced with a MiSeq instrument (Illumina). We analyzed 1.6 million 16S sequences from all 40 samples (10 steers, 2 time points, 2 extraction methods). The abundance of most taxa was significantly different between DNA extraction methods but not between high efficiency (LRFI) and low efficiency (HRFI) animals. Exceptions include the genus *Succiniclacticum* (lower in LRFI, p = 0.0011), and others. Diversity measures and functional predictions were also mostly affected by DNA extraction methods, but some pathways showed significant differences between RFI levels (e.g. methylglyoxal degradation, higher in LRFI, p = 0.006). The results suggest that the abundance of some ruminal microbes is associated with feed efficiency and serve as a warning for the interpretation of results obtained with a single DNA extraction method.

6.3 Justificación

La microbiota intestinal y la producción de ácidos grasos volátiles se ven afectados por varios factores, pero los datos que se obtienen de las poblaciones microbianas retículo-rumen de los rumiantes y otros animales también dependen de factores metodológicos, como la fuente del material para la extracción del ADN, los métodos de preservación de las muestras, los métodos de extracción de ADN, las estrategias de análisis empleadas de los datos y las consideraciones estadísticas de los datos resultantes. La importancia de las poblaciones microbianas en el contenido ruminal en los bovinos de carne puede estar relacionado al consumo residual de alimentos y a los métodos utilizados de extracción de ADN.

6.4 Hipótesis

La abundancia de algunos microbios ruminales y la producción de ácidos grasos volátiles puede estar asociada con la eficiencia alimenticia y con el consumo residual de alimento.

6.5 Objetivos

6.5.1 Objetivo general

Investigar las poblaciones microbianas en el líquido ruminal de bovinos de carne con bajo y alto consumo residual de alimento utilizando dos métodos diferentes de extracción de ADN y la producción de ácidos grasos volátiles.

6.5.2 Objetivos específicos

1. Obtener líquido ruminal de bovinos de carne con bajo y alto consumo residual de alimento.
2. Extraer el ADN de la microbiota obtenida del líquido ruminal de los bovinos mediante dos métodos diferentes.
3. Determinar la relación entre la población microbiana, el consumo residual de alimento y la producción de ácidos grasos volátiles.

6.6 Materiales y métodos

6.6.1 Animales de experimentación

Este estudio se realizó de conformidad con la legislación mexicana vigente (NOM-062-ZOO-1999) y revisado por el Comité de Investigación y Experimentación Animal (CARE) de MNA de México (protocolo # 04132021). Un total de 33 machos y 18 hembras de la raza Beefmaster fueron incluidos en una prueba de eficiencia alimenticia en el Centro de Investigación en Producción Agropecuaria (CIPA, UANL). El período de adaptación tuvo una duración de 14 días y el período de evaluación de 78 días. Los animales fueron alimentados individualmente con una dieta que consistía (MS) en 50% maíz molido, 16% heno de pasto Klein, 10% granos húmedos de destilería, 8% melaza de caña y 2.5% mezcla

de vitaminas y minerales. El día 5 después del final del período de evaluación, obtuvimos los valores de RFI con el sistema GrowSafe (Wang et al., 2006) y se obtuvieron muestras de líquido ruminal de 10 toretes en ambos extremos de los valores de RFI (n = 5 con los valores de RFI más bajos, n = 5 con el RFI más alto) de dos días consecutivos (día 1 y día 2) usando el equipo SELEKT (Nimrod Veterinary Products Ltd). Las muestras ruminales (~30 mL) se colocaron en un tubo de 50 mL que contenía 10 mL de etanol al 95% (Song et al., 2016) y se congelaron a -20 °C hasta la extracción del ADN y el análisis de los ácidos grasos volátiles.

6.6.2 Extracción de ADN

La extracción de ADN se realizó en el Laboratorio Central Regional del Norte utilizando perlas acopladas con dos kits comerciales: PureLink Genomic DNA kit (Invitrogen, Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA, kit A) y Wizard Genomic DNA Purification kit (PROMEGA, Madison, WI, USA, kit B). Brevemente, las muestras se descongelaron a temperatura ambiente y se obtuvieron cuatro alícuotas de 1.5 ml (2 para cada kit) de cada muestra (n = 20, 10 toretes con dos puntos de tiempo). Las muestras se centrifugaron a 13,000 rpm durante 5 minutos y se descartó el sobrenadante. Los sedimentos de cada juego de 2 tubos se mezclaron en un tubo que era el material de origen para cada extracción de ADN. Se agregaron aproximadamente 100 µL de perlas de sílice a los tubos, se mezclaron en un equipo FastPrep®-24 (Santa Ana, CA, USA) y se realizaron los siguientes pasos siguiendo las instrucciones incluidas en los manuales de usuario. El ADN se cuantificó con un NanoDrop y se visualizó en un gel de agarosa para una evaluación cualitativa de la calidad del ADN. Las muestras de ADN fueron enviadas al Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (LANGEBIO, CINVESTAV, Irapuato, México) para realizar el PCR y secuenciación del gen 16S rRNA.

6.6.3 PCR y secuenciación

La PCR se realizó con los cebadores 341F (5'CCTACGGGNGGCWGCAG-3') y 785R (5'-GGACTACHVGGGTATCTAATCC-3'), cubriendo las regiones semiconservadas V3 y V4 del gen 16S rRNA (aproximadamente 463 nucleótidos, del nucleótido 341 al nucleótido 804). Los productos de PCR se secuenciaron utilizando un instrumento MiSeq (Illumina, San 103 Diego, CA, USA) en LANGEBIO.

6.6.4 Bioinformática

Los resultados se analizaron utilizando QIIME2 v.2021.11 (Bolyen et al., 2019). El filtrado de calidad se realizó con DADA2 (Callahan et al., 2016) utilizando 120 nucleótidos para eliminar las regiones de baja calidad de las secuencias. El método para eliminar quimeras en el complemento DADA2 fue el consenso (las quimeras se detectan en muestras individualmente y las secuencias encontradas quiméricas en una fracción suficiente de muestras se eliminan). La tabla de características de salida se filtró para eliminar las características que aparecían en menos de 4 muestras y con una frecuencia inferior a 20 (Estaki et al., 2020). La tabla filtrada se usó para las asignaciones taxonómicas y no eliminamos ningún taxón (p. ej., cianobacterias y cloroflexi) a menos que haya problemas con baja prevalencia. La tabla filtrada también se usó para análisis de diversidad alfa y beta.

6.6.5 Abundancia de taxones microbianos

Históricamente, las proporciones relativas de lecturas de 16S han sido los datos elegidos para realizar comparaciones de taxones microbianos en estudios de microbiota intestinal en rumiantes (Wang et al., 2019; Abbas et al., 2020; Yu et al., 2020) y otros animales (García-Mazcorro et al., 2020). Sin embargo, es bien sabido que la abundancia relativa puede dar lugar a correlaciones espurias, señaladas originalmente por Pearson hace más de un siglo (Pearson, 1896). Realizamos una serie de experimentos para probar el rendimiento de la transformación de relación logarítmica centrada (clr) (Moossavi et al., 2019) y aplicamos esta transformación al número sin procesar de secuencias obtenidas de la tabla filtrada. Las transformaciones se realizaron en cada nivel filogenético por separado.

6.6.6 Predicción de perfiles funcionales

Utilizamos PICRUSt2 (Douglas et al., 2020) para la predicción de las funciones del metagenoma en función de los perfiles de secuenciación del gen marcador 16S. La tabla de características filtradas se utilizó para este análisis. Los recuentos de rutas resultantes se transformaron con clr antes de la comparación estadística entre BRFI y ARFI (n = 20 cada uno).

6.6.7 Análisis de ácidos grasos volátiles

Los ácidos grasos volátiles (acético, propiónico y butírico) se midieron utilizando un cromatógrafo de gases Varian 3400 (Palo Alto, CA, USA). Brevemente, se centrifugaron muestras filtradas de líquido ruminal y se mezclaron 5 mL del sobrenadante con 1 mL de solución de ácido metafosfórico-2EB. La mezcla se mantuvo en frío, se centrifugó y el sobrenadante se usó para la inyección de GLC.

6.6.8 Análisis estadístico

Los parámetros productivos se compararon mediante la prueba t de Student para muestras independientes. La abundancia de taxones basada en datos transformados por clr se analizó con el procedimiento MIXED (PROC MIXED) en SAS University Edition utilizando los datos transformados por clr de cada taxón como variable dependiente, y el día de muestreo, el método de extracción de ADN y el RFI como variables independientes, sin efectos aleatorios. En el caso de tener residuos con distribuciones no normales, se utilizó el procedimiento no paramétrico de una vía (PROC NPAR1WAY) con el inconveniente de analizar las variables independientes por separado. Las métricas de diversidad alfa se analizaron mediante una prueba de Kruskal-Wallis. Los ácidos volátiles entre BRFI y ARFI se compararon mediante una prueba t de Student para muestras independientes.

6.7 Resultados

6.7.1 Muestras

En los toretes, los valores de RFI variaron de -1.56 (el más bajo) a 4.76 (el más alto). No se pudo muestrear un animal del grupo BRFI (la punta del colector de acero no entró en el esófago después de varios intentos) y tuvimos que elegir el animal con el siguiente valor de RFI más cercano. El animal con el valor RFI más alto (4.76) del grupo ARFI no fue seleccionado porque el valor estaba más allá de 3 desviaciones estándar de la media. Otros parámetros productivos se muestran en la Tabla 13.

6.7.2 Resultados de secuenciación

El procedimiento de secuenciación se realizó con éxito en las 40 muestras de ADN (10 toretes, 2 puntos de tiempo, 2 métodos de extracción de ADN). Un resumen de los resultados de secuenciación se muestra en la Tabla 14.

6.7.3 Análisis de variación

Calculamos la variación entre los puntos de tiempo, los métodos de extracción de ADN y los grupos RFI, utilizando tanto la abundancia relativa de taxones como los datos transformados por clr a nivel de filo. Se descubrieron un total de 20 taxones a nivel de filo, pero para este y otros análisis eliminamos dos taxones debido a su baja prevalencia (filo OD1 y 1 filo de un reino no asignado). La eliminación de estos dos taxones nos permitió el análisis de variación utilizando datos de 18 taxones a nivel de filo. Con excepción de Tenericutes, este análisis mostró que la variación en la abundancia microbiana siempre fue mayor entre los métodos de extracción de ADN en comparación con la variación entre los días de muestreo y entre animales de alta (BRFI) y baja (ARFI) eficiencia.

6.7.4 Diferencias en la abundancia microbiana entre BRFI y ARFI

A nivel del filo, no hubo diferencia entre los días de muestreo, pero la mayoría de los taxones fueron significativamente diferentes entre los métodos de extracción de ADN ($p < 0.05$). Tres taxones mostraron diferencia estadística ($p < 0.05$) entre los niveles de RFI (Chloroflexi, Elusimicrobia y SR1). Es interesante que el método de extracción de ADN no afectó la abundancia de todos los taxones (Bacteroidetes, Verrucomicrobia, TM7 y Tenericutes no mostraron diferencias entre los métodos de extracción de ADN, Tabla 15).

A nivel de clase, no hubo diferencia entre los días de muestreo, pero nuevamente, la mayoría de los taxones fueron significativamente diferentes entre los métodos de extracción de ADN. Anaerolineae (filo Chloroflexi), un taxón común en digestores anaeróbicos (Xia et al. 2016), Bacilli (Firmicutes) y una clase no asignada de filo SR1 resultaron ser significativamente diferentes entre los niveles de RFI. Es interesante notar que, de manera similar al análisis de phyla, el método de extracción de ADN no afectó la abundancia de todos los taxones a nivel de clase. La abundancia de la mayoría de los taxones a nivel de orden también mostró diferencias significativas entre los métodos de extracción de ADN. Se

encontró que Anaerolineales, Lactobacillales (clase Bacilli), SR1 y RF32 (Proteobacteria) eran significativamente diferentes entre los niveles de RFI. Fue interesante notar que no hubo diferencia en Lactobacillales y otros taxones entre los dos métodos de extracción. El orden CW040 (filo TM7, mostrado anteriormente en los contenidos ruminales de vaquillas lecheras; Golder et al. 2014) volvió a mostrar una tendencia significativa entre los grupos RFI ($p = 0.07$).

Tabla 13. Estadísticos descriptivos de parámetros productivos para BRFI y ARFI¹.

Parámetro	Eficiente (BRFI)	Ineficiente (ARFI)	Valor p
RFI	-1.17 (-0.74, -1.56)	0.89 (0.65, 1.29)	<0.0001
GDP	1.57 (1.35, 1.60)	1.62 (1.21, 2.01)	0.79
CMS	8.77 (7.54, 10.02)	10.12 (7.87, 12.83)	0.19
A:G ²	5.64 (5.31, 6.51)	6.33 (5.62, 8.24)	0.26

¹ Se proporciona el promedio (mínimo, máximo).

² Sin ajustar la proporción de alimento a ganancia (A: G).

Tabla 14. Resultados de secuenciación para cada kit de extracción de ADN.

Kit	Secuencia de entrada sin procesar	Secuencia después de filtrar	No-quimeras
A	1,501,305	1,491,595	796,559
B	1,578,049	1,547,278	802,904

¹ Se procesaron un total de 20 muestras con cada kit de extracción de ADN, 10 toretes de dos puntos temporales.

Tabla 15. Resumen de resultados estadísticos (valores p) a nivel de phylum¹.

Phylum	Puntos de tiempo	Método extracción ADN	Grupos RFI
Actinobacteria	0.1520	<0.0001	0.1449
Bacteroidetes ²	0.7356	0.1503	0.8797
	NP (p = NS)	NP (p = NS)	NP (p = NS)
Chloroflexi	0.4963	0.0020	0.0059
Cyanobacteria	0.6211	0.0002	0.3826
Elusimicrobia	0.5500	<0.0001	0.0157
Euryarchaeota	0.2068	<0.0001	0.2544
Fibrobacteres	0.3888	<0.0001	0.9421
Firmicutes	0.5853	0.0007	0.3500
Lentisphaerae	0.4119	0.0579	0.8404
Planctomycetes	0.2967	<0.0001	0.6573
Proteobacteria	0.1577	0.0008	0.3968
Spirochaetes	0.4740	<0.0001	0.1146
SR1	0.6005	<0.0001	0.0338
Synergistetes	0.8530	0.0369	0.2161
Tenericutes	0.1650	0.7420	0.3420
TM7	0.7447	0.1730	0.0731
Unassigned filo ²	0.8166	0.0012	0.4094
	NP (p = NS)	NP (p = NS)	NP (p = NS)
Verrucomicrobia	0.4860	0.5238	0.6398

¹ Con PROC MIXED de SAS University Edition, se utilizaron los datos transformados por clr de cada taxón 190 como variable dependiente, y el día de muestreo, el método de extracción de ADN y el RFI, como variables 191 independientes, sin efectos aleatorios.

² Residuos que no se distribuyen normalmente. Cuatro taxones (Bacteroidetes, 192 Verrucomicrobia, TM7 y Tenericutes) no mostraron diferencias entre los métodos de extracción de ADN 193 (resaltados en gris). NP: análisis no paramétrico, NS: no significativo (p > 0.05).

A nivel de género, no hubo diferencia entre los días de muestreo y la abundancia de la mayoría de los taxones, pero si fue diferente entre los métodos de extracción de ADN. La mayoría de los taxones no mostraron diferencias entre BRFI y ARFI. Las excepciones interesantes incluyen el productor de propionato *Succiniclasticum* (familia Veillonellaceae dentro de Firmicutes; tenga en cuenta que la base de datos de taxonomía NCBI cataloga este taxón dentro del orden Negativicutes) que se detectó en las 40 muestras con un promedio de 3.5% de todos los 16S ssecuencias, y valores menores en animales BRFI con $p = 0.0011$ y sin efecto del método de extracción. Otros taxones que mostraron diferencias entre BRFI y ARFI incluyen el fermentador de hemicelulosa (Solden et al., 2017) BS11 (Bacteroidetes, detectado en 36 de 40 muestras con un promedio de 1%, mayor en animales BRFI con $p = 0.0021$ y con efecto significativo de método de extracción), SHD-231 (familia Anaerolinaceae, Chloroflexi, detectado en 32 de 40 muestras con un promedio de 0.07%, menor en animales BRFI con $p = 0.0059$ y con efecto significativo del método de extracción), RF32 (alfaproteobacteria, detectada en 33 de 40 muestras con un promedio de 0.1 %, mayor en animales BRFI con $p = 0.0069$ y con efecto significativo del método de extracción) y otros (Figura 5-8). Es interesante notar que las diferencias entre los grupos RFI también se aplicaron para las abundancias relativas de *Succiniclasticum* ($p = 0.0022$, también sin efecto del método de extracción) y RF32 ($p = 0.0399$), pero no para SHD-231 ($p = 0.0911$) y BS11 ($p = 0.1062$), aunque los residuos 230 no se distribuyeron normalmente para los tres últimos, debido a la presencia de valores atípicos.

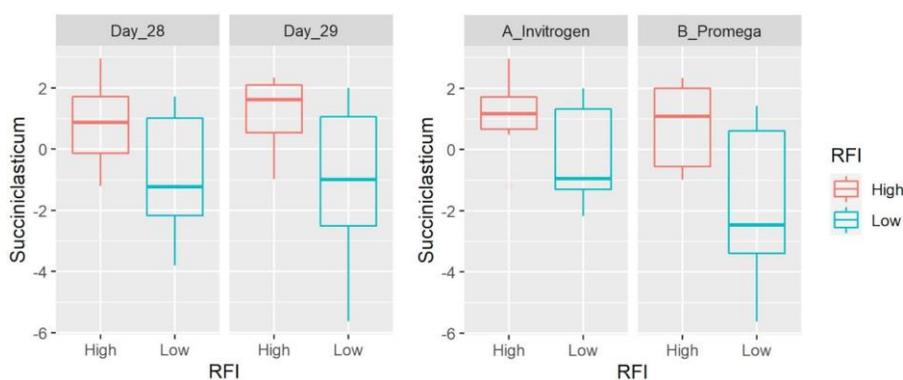


Figura 5. Diagramas de caja que muestran la abundancia de *Succiniclasticum* (Firmicutes) según datos transformados por clr. Los datos se muestran tanto para el día del muestreo como para el método de extracción de ADN. Hubo una diferencia significativa entre BRFI y ARFI ($p = 0.0011$), sin efecto del tiempo o de la extracción de ADN.

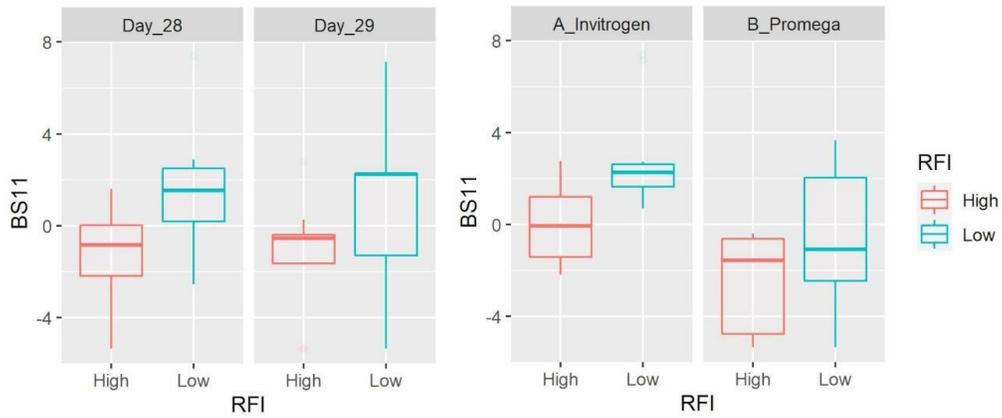


Figura 6. Gráficos de cajas que muestran la abundancia de BS11 (Bacteroidetes) según datos transformados por clr. Los datos se muestran tanto para el día del muestreo como para el método de extracción de ADN. Hubo una diferencia significativa entre BRFI y ARFI ($p = 0.0021$) y los métodos de extracción de ADN ($p = 0.0003$), sin efecto del tiempo.

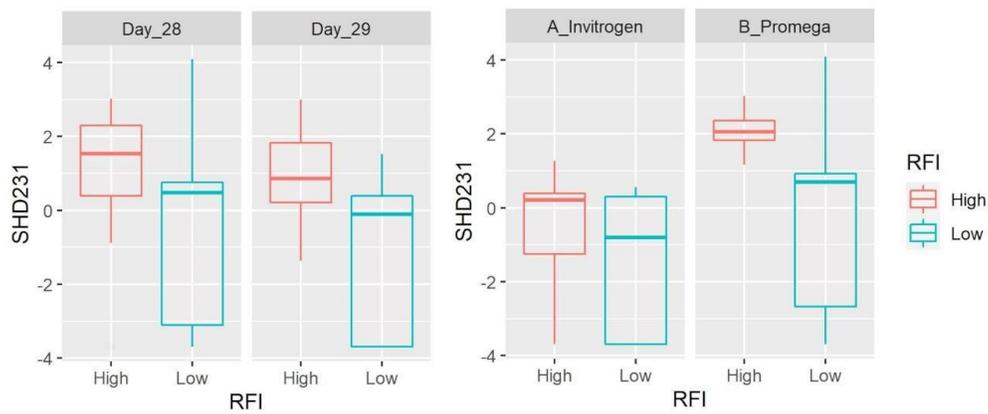


Figura 7. Diagramas de caja que muestran la abundancia de SHD-231 (familia Anaerolinaceae, Chloroflexi) basados en datos transformados por clr. Los datos se muestran tanto para el día del muestreo como para el método de extracción de ADN. Hubo una diferencia significativa entre BRFI y ARFI ($p = 0.0059$) y los métodos de extracción de ADN ($p = 0.0020$), sin efecto del tiempo.

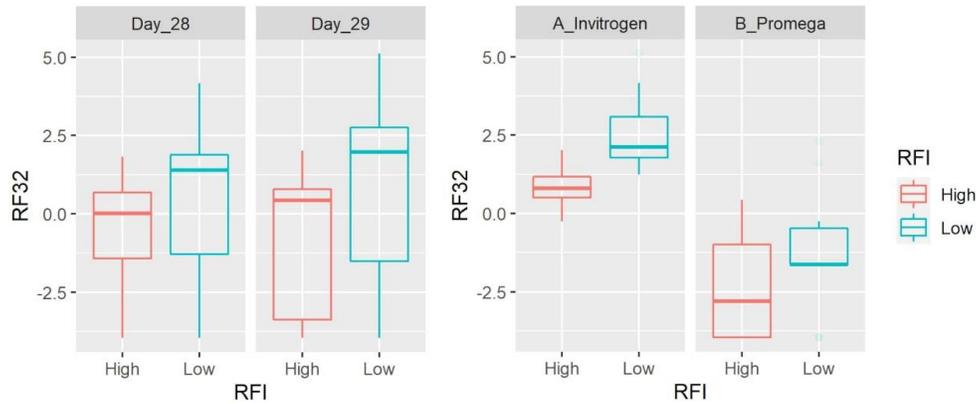


Figura 8. Diagramas de caja que muestran la abundancia de RF-32 (alfaproteobacteria) según los datos transformados por clr. Los datos se muestran tanto para el día del muestreo como para el método de extracción de ADN. Hubo una diferencia significativa entre BRFI y ARFI ($p = 0.0069$) y los métodos de extracción de ADN ($p < 0.0001$), sin efecto del tiempo.

6.7.5 Diversidad alfa

La diversidad alfa, se refiere a la diversidad dentro de la muestra y se calculó utilizando cuatro métricas. Las muestras del kit A mostraron un mayor número de características ($p = 0.0002$, Figura 9), uniformidad ($p = 0.0005$), fe ($p = 0.06$) y Shannon ($p < 0.0001$) en comparación con los resultados del kit B. Hubo ninguna diferencia significativa entre BRFI y ARFI en ninguna de las métricas (Tablas 16-17). Tampoco hubo una diferencia significativa entre los días de muestreo en ninguna de las métricas (datos no mostrados).

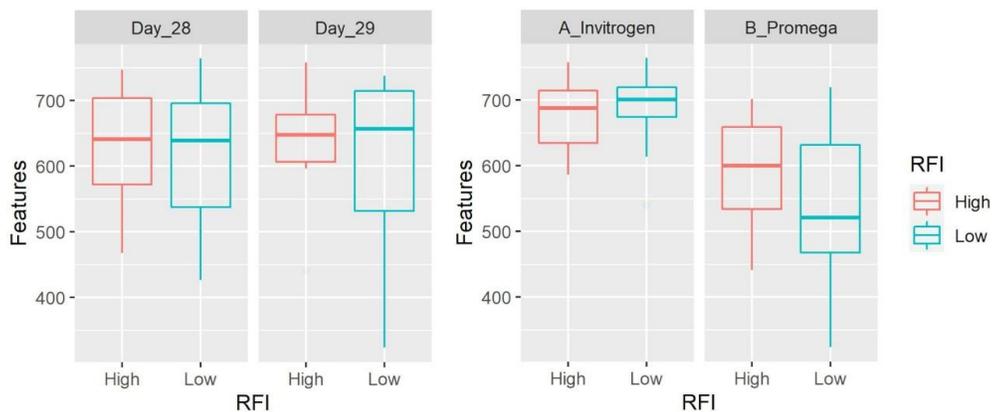


Figura 9. Diagramas de caja que muestran el número de características. Los datos se muestran tanto para el día del muestreo como para el método de extracción de ADN. Todas las demás métricas de diversidad alfa fueron significativamente más altas usando muestras del kit A sin diferencias significativas entre BRFI y ARFI.

Tabla 16. Parámetros de diversidad alfa media del kit A utilizando la tabla filtrada¹.

Parámetro	BRFI	ARFI	Valor-p ¹
Características observadas	685	680	0.65
Igualdad	0.79	0.81	0.41
Faith PD	30.3	28.7	0.23
Shannon	7.5	7.6	0.65

¹Los valores de p provienen de la prueba de Kruskal-Wallis. Se eligió un mínimo de 10.000 secuencias para incluir todas las muestras. La tabla filtrada se refiere a una tabla en la que se eliminaron las características que aparecían en menos de 4 muestras y con una frecuencia inferior a 20.

Tabla 17. Parámetros de diversidad alfa media del kit B utilizando la tabla filtrada.

Parámetro	BRFI	ARFI	Valor-p ¹
Características observadas	539	587	0.36
Igualdad	0.77	0.78	0.41
Faith PD	26.9	27.6	0.65
Shannon	6.9	7.2	0.49

¹Los valores de p provienen de la prueba de Kruskal-Wallis. Se eligió un mínimo de 10.000 secuencias para incluir todas las muestras. La tabla filtrada se refiere a una tabla en la que se eliminaron las características que aparecían en menos de 4 muestras y con una frecuencia inferior a 20.

6.7.6 Diversidad beta

La diversidad beta se refiere a la diversidad entre muestras y se calculó utilizando cuatro metrics. Usando los datos filtrados, las distancias UniFrac no ponderadas fueron significativamente diferentes entre los métodos de extracción de ADN ($p = 0.001$) y casi alcanzó significación para la comparación de BRFI y ARFI ($p = 0.066$). Las comparaciones adicionales entre BRFI y ARFI dentro de cada método no mostraron diferencias ($p > 0.1$). Las distancias UniFrac ponderadas también fueron significativamente diferentes entre los métodos ($p = 0.001$) y no fueron diferentes entre BRFI y ARFI ($p = 0.107$). Las comparaciones adicionales revelaron una diferencia significativa entre BRFI y ARFI usando muestras del kit A ($p = 0.002$) pero no del kit B ($p = 0.312$). Las distancias de Jaccard mostraron diferencias significativas entre los métodos de extracción de ADN ($p = 0.001$) y los niveles de RFI ($p = 0.002$). Una comparación adicional mostró que estas diferencias entre los niveles de RFI se aplicaban tanto al kit A ($p = 0.026$) como al kit B ($p = 0.039$). Las distancias de Bray-Curtis mostraron diferencias significativas entre los métodos de extracción de ADN ($p = 0.001$) y los niveles de RFI ($p = 0.002$). Una comparación adicional mostró que estas diferencias entre los niveles de RFI se aplicaban tanto al kit A ($p = 0.023$) como al kit B ($p = 0.044$).

6.7.7 Predicciones funcionales usando PICRUST2

Los genes relacionados con la supervía de degradación del metilgloxal ($p = 0.006$) y la biosíntesis de poliaminas ($p = 0.006$) y la biosíntesis de dTDP-N-acetiltomosamina ($p = 0.009$) fueron más altos en BRFI. Se encontraron otras diferencias significativas para los genes relacionados con la fermentación de L-lisina a acetato y butanoato ($p < 0.001$), fermentación de piruvato a acetona ($p = 0.001$), vía de recuperación de NAD ($p = 0.002$), interconversión de arginina, ornitina y prolina ($p = 0.002$), degradación oxidativa de glucosa ($p = 0.004$), fermentación de succinato a butanoato ($p = 0.008$), biosíntesis de 1,4-dihidroxi-2-naftoato ($p = 0.009$) y biosíntesis de filoquinol ($p = 0.009$) (todas más bajas en BRFI).

6.7.8 Ácidos grasos volátiles

La concentración de ácidos grasos volátiles en las muestras de líquido ruminal se expresó como mM por L, se convirtió a porcentaje y se analizó mediante la prueba t de Student. No hubo diferencias significativas en ninguno de los ácidos grasos volátiles entre BRFI y ARFI ($p > 0.3$). Estos resultados no fueron inesperados debido a las conocidas altas tasas de utilización y absorción.

6.8 Discusión

La eficiencia alimenticia es un rasgo complejo afectado por la dieta y otros factores ambientales, y está bajo el control de varios procesos biológicos fisiológicos relacionados con el huésped y el microbiota intestinal. La eficiencia alimenticia en el ganado de carne ha sido bien estudiada, pero su relación con el microbiota intestinal está lejos de entenderse por completo, tanto desde el punto de vista biológico como metodológico. En este estudio, el método de extracción de ADN demostró ser clave para delinear las diferencias en los microbios ruminales. El efecto de la extracción de ADN es un fenómeno bien conocido en la ecología microbiana intestinal, pero es una preocupación importante en los estudios del microbioma ruminal porque incluso grandes estudios de cientos de animales han empleado un solo método (Li et al., 2019b). Teniendo en cuenta nuestros resultados y otros resultados sobre el efecto de la extracción de ADN (Henderson et al., 2013), sugerimos, emplear al menos dos métodos de extracción de ADN y combinar el material de ADN resultante para secuenciar solo una muestra (menos costoso), o secuenciar el material de ADN de ambos métodos. Otros autores han utilizado solo un método de extracción de ADN, pero han sugerido enfoques aún más complicados, como realizar pequeños ensayos de varias regiones 16S para medir el poder discriminatorio de cada región (D'Amore et al., 2016). Estas y otras sugerencias pueden no solo ser inviables para algunos laboratorios, sino que también pueden resultar inexactas. Por ejemplo, invitamos a nuestros colegas a meditar sobre los criterios para decidir objetivamente qué método de extracción de ADN (o región 16S) es mejor que otros para reflejar verdaderamente las poblaciones microbianas en su entorno natural.

Los taxones que muestran diferencias significativas entre animales con BRFI y ARFI son importantes para nuestra comprensión de la eficiencia alimenticia, pero se debe tener

cuidado en la fuente del material para el análisis porque la fracción líquida y sólida difieren mucho en sus poblaciones microbianas (Jewell et al., 2015; Li et al., 2020) y ambas son diferentes de las bacterias adheridas a la pared del rumen (bacterias epimurales). Na y Guan (2022) revisaron el papel de las interacciones microbio-huésped epitelial del rumen en la eficiencia de la alimentación del ganado. Allí, los autores sugieren al menos 3 funciones de las bacterias epimurales: reciclaje de tejidos, hidrólisis de urea y captación de oxígeno. Las especies de *Ruminococcus*, *Streptococcus*, *Prevotella* y otras bacterias en el líquido ruminal han mostrado actividad ureolítica *in vitro* (Jin et al., 2016), pero es un desafío probar este fenómeno en bacterias epimurales. Además, incluso pequeñas diferencias en las dietas pueden promover diferencias o patrones de abundancia en taxones microbianos que podrían interferir en nuestra comprensión de las contribuciones microbianas a la eficiencia alimenticia. Por ejemplo, *Streptococcus* en el líquido ruminal se correlacionó con RFI en 85 toretes Brahama con una dieta baja en proteínas (8.8 % de proteína cruda) pero no en una dieta alta en proteínas (13.5 % de proteína cruda) (Parra et al., 2022), pero esto no ha sido investigado en bacterias epimurales.

Succiniclasticum es un taxón interesante que mostró una abundancia significativamente menor en animales BRFI de alta eficiencia, sin efecto de extracción de ADN. Se describió por primera vez en 1995 como una pequeña bacteria ruminal en forma de bastoncillo capaz de convertir el succinato en propionato como único mecanismo de producción de energía. El microbio aislado no fermentaba los carbohidratos, no producía ureasa, ni reducía el nitrato, y dependía del líquido ruminal y del extracto de levadura para un buen crecimiento (van Gylswyk, 1995). El mismo autor con otros colegas más tarde demostraron que *Schwartzia succinivorans* era otra bacteria ruminal que utilizaba succinato como única fuente de energía y que también dependía del líquido ruminal y del extracto de levadura (van Gylswyk et al. 1997), pero en este estudio no detectamos diferencias en este taxón. Curiosamente, Myer et al. (2015) también mostraron que *Succiniclasticum* se detectó con mayor abundancia en toretes de razas mixtas de baja eficiencia, más específicamente en animales en el subgrupo ADGLow-ADFIHigh. *Succiniclasticum* se encontró en mayor proporción en la fracción líquida de toretes de carne con forraje de baja calidad (McCann 2013) y en su mayoría no se detectó en dietas de forraje, pero fue mayor en la dieta alta en granos (McCann et al., 2014). Otro estudio mostró que *Succiniclasticum* era el taxón más

abundante (9.4 %, en comparación con 3.5 % en este estudio) en el líquido ruminal de toros de engorda sacrificados (Yao et al., 2017), y Petri et al. (2013) demostraron que este y otros taxones eran particularmente prevalentes durante la acidosis ruminal en la microbiota epimural del rumen. Un estudio mostró que la restricción alimenticia se asoció con una gran reducción de una especie de *Succinivibrionaceae* no caracterizada (OTU-S3004), con diferencias importantes entre la fracción líquida y sólida (McCabe et al. 2015), y Luo et al. (2017) demostraron que una dieta rica en concentrados (proporción de forraje a concentrado = 20:80) más niacina aumentó la abundancia de *Succiniclasicum* y otros taxones en el líquido ruminal del ganado Jinjiang fistulado. Dado que las diferentes fracciones del contenido ruminal difieren mucho en sus poblaciones microbianas (Jewell et al., 2015; Li et al., 2020), los estudios futuros deberían considerar observar tanto las fracciones sólidas como las líquidas, así como la pared del rumen, para comprender mejor la relación entre la eficiencia alimenticia y este taxón.

La pregunta de por qué *Succiniclasicum* es menor en animales altamente eficientes merece atención. Este taxón estuvo presente en las 40 muestras y en gran abundancia (3.5 %) y, por lo tanto, sugiere que es un miembro del microbioma ruminal central (otro estudio sugirió que esto puede ser cierto no solo en el ganado, Henderson et al., 2015). Myer et al. (2015) sugirieron un fenómeno de competencia por recursos porque varios miembros de otro productor de propionato (miembro desconocido de la familia Veillonellaceae) se redujeron en el mismo subgrupo ADGLow-ADFIHigh. Si bien esta hipótesis es factible, la justificación detrás de la creencia de una relación entre la abundancia de productores de propionato y la eficiencia alimenticia es discutible. Por ejemplo, también es posible pensar en un ecosistema ruminal con microbios más eficientes que requieran menos número para producir el mismo o más propionato (en este sentido, ahora se están aplicando nuevos conceptos interesantes como la modularidad en la ecología microbiana ruminal, Liu et al., 2022). También es posible que el oxaloacetato se use en otras rutas anabólicas, en lugar de servir para la formación de succinato (Ungerfeld, 2020). Por otro lado, el ganado alimentado con pasto tiene concentraciones de propionato más bajas en comparación con el ganado alimentado con granos (Liu et al., 2022), pero este fenómeno puede relacionarse con la digestibilidad del alimento, la tasa de paso ruminal y el tiempo de muestreo después de la última comida. Además, se cree que los sólidos del contenido del rumen son el sustrato "principal" para la

producción de succinato (Blackburn y Hungate 1962). La producción de propionato a partir de succinato también está relacionada con las concentraciones de H_2 que regulan la termodinámica de la fermentación ruminal (Janssen, 2010; Ungerfeld, 2020) que, a su vez, sirven para regular la abundancia microbiana. Finalmente, vale la pena considerar la observación original de la dependencia del extracto de levadura (van Gylswyk 1995). El fermentador de hemicelulosa BS11 (Solden et al., 2017) de Bacteroidetes se detectó en la mayoría de las muestras con un promedio del 1% y mostró una mayor abundancia en animales BRFI. Es interesante que este taxón se encontró en mayor abundancia en condiciones en las que se necesitaba una mayor eficiencia (enriquecido en dietas de invierno en alces de Alaska, Solden et al., 2017). Chloroflexi es otro taxón interesante que se encuentra comúnmente en plantas de tratamiento donde se alimentan de células bacterianas lisadas y degradan compuestos orgánicos complejos (Speirs et al., 2019). También se han encontrado representantes de este taxón en la microbiota intestinal humana y animal (Ley et al., 2008; Campbell et al., 2014), incluido el líquido ruminal de vaquillas lecheras (De Nardi et al., 2016). En este estudio, el género SHD-231 (familia Anaerolinaceae, Chloroflexi) se vio afectado tanto por el método de extracción de ADN como por el nivel de RFI (más bajo en animales BRFI). Se desconoce la relevancia de este taxón en la ecología microbiana ruminal y la eficiencia alimenticia.

Sin medidas de expresión génica, las predicciones sugeridas por PICRUSt generalmente no son muy informativas, pero algunas características pueden merecer atención. Los genes relacionados con la supervía de degradación del metilglioxal fueron más altos en BRFI. El metilglioxal es producido por bacterias ruminales en respuesta a bajos niveles de nitrógeno en el rumen (Lodge-Ivey et al., 2004). El metilglioxal es un producto final alternativo altamente tóxico de la fermentación de la glucosa que producen las bacterias cuando hay exceso de carbohidratos y limitación de nitrógeno y puede destruir células e inhibir la síntesis de proteínas (Russell 1993; Wells y Russell 1996). Se ha sugerido que un gen involucrado en la degradación del metilglioxal, la lactoilglutación liasa (glo1), es un biomarcador del microbioma del rumen en animales menos eficientes debido a su mayor abundancia relativa en un estudio de secuenciación metagenómica (Lima et al., 2019). Curiosamente, Petri et al. (2017) mostró que el metabolismo de los carbohidratos basado en

la vía del glioxilato aumenta en correlación con *Succiniclasticum*, añadiendo otra valiosa información sobre este microbio.

Las limitaciones de este estudio incluyen el bajo número de animales en cada extremo de los valores RFI, los estudios más grandes a menudo dan como resultado resultados más precisos y útiles para la comunidad científica y la industria del ganado de carne. La inclusión de más razas también puede ser algo a considerar en estudios futuros porque la raza está fuertemente asociada con la eficiencia alimenticia (Li et al., 2019a). Además, la dieta utilizada en este estudio no es la dieta utilizada en los corrales de engorda comerciales, y sigue siendo controversial si los resultados de la eficiencia alimenticia pueden extrapolarse. Además, este y otros estudios han analizado la microbiota del rumen de los machos únicamente, y si la microbiota se puede heredar (Li et al., 2019b), entonces la relevancia de la herencia microbiana es cuestionable porque las crías destinadas a la producción de engorda de ganado de carne no tienen contacto con la microbiota del padre, o incluso con sus madres reales en hembras que han sido inseminadas. Finalmente, la recolección de muestras de otros sitios anatómicos (por ejemplo, el intestino inferior) puede proporcionar una comprensión más completa de la compleja relación entre la microbiota intestinal y la eficiencia alimenticia (Freetly et al., 2020), y otras técnicas moleculares como la PCR cuantitativa en tiempo real podrían ayudar a confirmar la abundancia relativa y la variación en los taxones microbianos.

6.9 Conclusión

En conclusión, este trabajo muestra un fuerte efecto del método de extracción de ADN en la descripción de las comunidades microbianas ruminales y la existencia de varios microbios que podrían estar relacionados con la eficiencia alimenticia según los cálculos de RFI, como *Succiniclasticum* y miembros de Bacteroidetes y Chloroflexi. Vale la pena estudiar las implicaciones de estos hallazgos en el desempeño del ganado de carne.

7 Literatura Citada

- Abbas, W., Howard, J. T., Paz, H. A., Hales, K. E., Wells, J. E., Kuehn, L. A., Erickson, G. E., Spangler, M. L., Fernando, S. C. 2020. Influence of host genetics in shaping the rumen bacterial community in beef cattle. *Sci. Rep.* 10, 1510.
- Aberle D. E., Forrest J. C., Gerrard D. E., Mills E. W. 2001. Principles of Meat Science Fourth Edition. W.H. Freeman and Company. San Francisco, United States of America.
- Álvarez, A. 2004. Fisiología del crecimiento. Universidad Agraria de La Habana. La Habana. P. 115.
- Archer, J. A., Richardson, E. C., Herd, R. M., Arthur. P. F. 1999. Potential for selection to improve feed efficiency of beef cattle: A review. *Aust. J. Agric. Res.* 50:147-161.
- Archer, J. A., Bergh, L. 2000. Duration of performance tests for growth rate, feed intake and feed efficiency in four biological types of beef cattle. *Livest. Prod. Sci.* 65:47-55.
- Arthur, P. F., Archer, J. A., Herd, R. M. 2004. Feed intake and efficiency in beef cattle: overview of recent Australian research and challenges for the future. *Australian Journal of Experimental Agriculture.* 44(5): 361-369.
- Arthur, P. F., Herd, R., Wilkins, J., Archer, J. 2005. Maternal productivity of Angus cows divergently selected for post weaning residual feed intake. *Australian Journal of Experimental Agriculture.* 45:985-993.
- Arthur, P. F., Herd, R.M. 2008. Residual feed intake in beef cattle. *R. Bras. Zootec.* 37, 269-279.
- Arias, R. A., Mader, T. L., Escobar, P. C. 2008. Factores climáticos que afectan el desempeño productivo del ganado bovino de carne y leche. *Arch. med. Vet.* 40: 7-22.
<http://dx.doi.org/10.4067/S0301-732X2008000100002>

- Basarab, J. A., Price, M. A., Aalhus, J. L., Okine, E. K., Snelling, W. M., Lyle, K. L. 2003. Residual feed intake and body composition in young growing cattle. *Can. J. Anim. Sci.* 83: 189-204.
- Basarab, J.A., McCartney, D., Okine, E., Baron, V. 2007. Relationships between progeny residual feed intake and dam productivity traits. *Can. J. Anim. Sci.* 83: 189-204.
- Bavera, G., Bocco, O., Beguet, H., Petryna, A. 2005. Crecimiento, desarrollo y precocidad. Cursos de Producción Bovina de Carne, FAV UNRC. 1-11.
- Blackburn, T.H., Hungate, R.E. 1962. Succinic acid turnover and propionate production in the bovine rumen. *Appl. Microbiol.* 11(2), 132-135.
- BIF. 2010. Guidelines for uniform beef improvement programs. 9th ed. Revised September, 2016. Beef improvement federation, Athens, GA. Pag 16-56.
- Bolyen, E., Rideout, J. R., Dillon, M. R., Bokulich, N. A., Abnet, C. C., Al-Ghalith, G. A., Alexander, H., Alm, E.J., Arumugan, M., Asnicar, F., Bai, Y., Bizans, J. E., Bittinger, K., Brejnrod, A., Brislawn, C. J., Titus-Brown, C., Callahan, B. J., Caraballo-Rodríguez, A. M., Chase, J., Cope, E. K., Da Silva, R., Diener, C., Dorrestien, P. C., Douglas, G. M., Caporaso, J. G. 2019. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature Biotechnology.* 37: 852-857.
- Bonilha, S. F. M., Branco, R. H., Mercadante, M. E. Z., Cyrillo, N. S. G., Monteiro, F. M., Ribeiro E. G. 2017. Digestión y metabolismo de toros Nellore de bajo y alto consumo de alimento residual. *Trop Anim Health Prod.* 49: 529-535.
- Bueno, J. 2013. Fenotipo animal y desempeño productivo. Venezuela. https://buenovet.blogspot.mx/2013/05/fenotipo-animal-y-desempenoproductivo_28.html.
- Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A., Holmes, S. P. 2016. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nat. Methods.* 13: 581-583.

- Campbell, A. G., Schwientek, P., Vishnivetskaya, T., Woyke, T., Levy, S., Beall, C. J., Griffen, A., Leys, E., Podar, M. 2014. Diversity and genomic insights into the uncultured Chloroflexi from the human microbiota. *Environ. Microbiol.* 16(9): 2635-2643.
- Chowdhury, N. P., Kahnt, J., Buckel, W. 2015. Reduction of ferredoxin or oxygen by flavin-based electron bifurcation in *Megasphaera elsdenii*. *FEBS J.* 282: 3149-3160.
- Crews, D. H. Jr., Shannon, N. H., Genswein, B. M. A., Crews, R. E., Johnson, C. M., Kendrick, B. A. 2003. Genetic parameters for net feed efficiency of beef cattle measured during postweaning growing versus finishing periods. *Proc. West. Sec. Am. Soc. Anim. Sci.* 54: 125-128.
- Crews Jr., D. H., Carstens, G. E., Lancaster, P. A. 2006. A multiple trait selection index including feed efficiency. *The Professional Animal Scientist.* 22(1): 65-70.
- Corbera, J. A., Macías, Y., Gutiérrez, C.G., Cabrera-Pedrero, E. 2004. Análisis del líquido ruminal ¿tiene utilidad clínica? Unidad de Medicina Interna Veterinaria Departamento de Patología Animal, Producción Animal, Bromatología y Tecnología de los Alimentos. Facultad de Veterinaria Universidad de Las Palmas de Gran Canaria. Pp. 2.
- D'Amore, R., Zeeshan Ijaz, U., Schirmer, M., Kenny, J.G., Gregory, R., Darby, A.C., Shakya, M., Podar, M., Quince, C., Hall, N. 2016. A comprehensive benchmarking study of protocols and sequencing platforms for 16S rRNA community profiling. *BMC Genomics.* 17, 55.
- Dekkers, J., Hospital, F. 2002. The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. *Nat Rev Genet.* 3, 22-32.
- De Nardi, R., Marchesini, G., Li, S., Khafipour, E., Plaizier, K. J. C., Gianesella, M., Ricci, R., Andrighetto, I., Segato, S. 2016. Metagenomic analysis of rumen microbial population in dairy heifers fed a high grain diet supplemented with dicarboxylic acids or polyphenols. *BMC Vet. Res.* 12, 29.

- Desarrollo regional y agropecuario. 2022. *Estadísticas sectoriales Nuevo León*. 3-20.
http://campo.nl.gob.mx/pdf/documentos/Estadisticas_Sectoriales.pdf.
- Di Marco, O. 2007. Conceptos de crecimiento de vacunos aplicados a la producción de carne. Unidad Integradora Balcarce INTA-FCA. 1-3.
- Donoghue, K. A., Arthur, P., Wilkins, J., Herd, R. 2011. Onset of puberty and early life reproduction in Angus females divergently selected for post-weaning residual feed intake. *Anim. Prod. Sci.* 51: 183-190.
- Douglas, G. M., Maffei, V. J., Zaneveld, J. R., Yurgel, S. N., Brown, J. R., Taylor, C. M., Langille, M. G. I. 2020. PICRUSt2 for prediction of metagenome functions. *Nat. Biotechnol.* 38: 685-688.
- Estaki, M., Jiang, L., Bokulich, N. A., McDonald, D., González, A., Kosciolk, T., Martino, C., Zhu, Q., Birmingham, A., Vázquez-Baeza, Y., Dillon, M. R., Bolyen, E., Caporaso, J. G., Knight, R. 2020. QIIME2 enables comprehensive end-to-end analysis of diverse microbiome data and comparative studies with publicly available data. *Curr. Protoc. Bioinformatics.* 70 (1): 1-46.
- Fitzsimons, C., Kenny, D. A., Deighton, M. H., Fahey, A. G., McGee, M. 2013. Methane emissions, body composition, and rumen fermentation traits of beef heifers differing in residual feed intake. *J. Anim. Sci.* 91: 5789-5800.
- Foroutan, A., Fitzsimmons, C., Mandal, R., Berjanskii, M. V., Wishart, D. S. 2020 Serum metabolite biomarkers for predicting Residual Feed Intake (RFI) of young Angus bulls. *Metabolites.* 10(12): 491.
- Freetly, H. C., Dickey, A., Lindholm-Perry, A. K., Thallman, R. M., Keele, J. W., Foote, A. P., Wells, J. E. 2020. Digestive tract microbiota of beef cattle that differed in feed efficiency. *J Anim Sci.* 1-8.
- Freetly, H. C., Kuehn, L. A., Thallman, R. M. 2020. Heritability and genetic correlations of feed intake, body weight gain, residual gain, and residual feed intake of beef cattle as heifers and cows. *J. Anim. Sci.* 98: 1-6.

- García, I. 2014. Búsqueda de alternativas para la producción de bovino con eficiencia. México, http://siproduce.sifupro.org.mx/seguimiento/archivero/8/2013/anuales/anu_1162-6-2014-05-1.pdf.
- Garcia-Mazcorro, J. F., Kawas, J. R., Licon-Cassani, C., Mertens-Talcott, S., Noratto, G. 2020. Different analysis strategies of 16S rRNA gene data from rodent studies generate contrasting views of gut bacterial communities associated with diet, health and obesity. *PeerJ*. 8: e10372. Doi: 10.7717/peerj.10372. eCollection 2020.
- Golder, H. M., Denman, S. E.; McSweeney, C., Celi, P., Lean, I.J. 2014. Ruminant bacterial community shifts in grain-, sugar-, and histidine-challenged dairy heifers. *J. Dairy Sci.* 97 (8): 5131-5150.
- Guarnido, L. P., Ortigues, M. I., Salis, L., Chantelauze. C., Bes, A., Nozière, P., Cantalapiedra, H. G. 2022. Protein metabolism, body composition and oxygen consumption in young bulls divergent in residual feed intake offered two contrasting forage-based diets. *Animal*. 16 (7): 100558.
- Hegarty, R. S., Goopy, J. P., Herd R. M., McCorkell, B. 2007. Cattle selected for lower residual feed intake have reduced daily methane production. *J. Anim. Sci.* 85: 1479-1486.
- Henderson, G., Cox, F., Kittelmann, S., Miri, V. H., Zethof, M., Noel, S. J., Waghorn, G. C., Janssen, P. H. 2013. Effect of DNA extraction methods and sampling techniques on the apparent structure of cow and sheep rumen microbial communities. *PLoS ONE*, 8, e74787.
- Henderson, G., Cox, F., Ganesh, S., Jonker, A., Young, W. 2015. Rumen microbial community composition varies with diet and host, but a core microbiome is found across a wide geographical range. Global Rumen Census Collaborators; Janssen, P.H. *Sci. Rep.* 5, 14567.

- Herd, R. M., Bishop, S. C. 2000. Genetic variation in residual feed intake and its association with other production traits in British Hereford cattle. *Livest. Prod. Sci.* 63: 111-119.
- Herd, R. M., Arthur, P. F. 2009. Physiological basis for residual feed intake. *J. Anim. Sci.* 87: 64-71.
- Herd, R. M., Oddy, V. H., Richardson, E. C. 2004. Biological basis for variation in residual feed intake in beef cattle. 1 Review of potential mechanism. *Aust. J. Exp. Agric.* 44 (5): 423-430.
- Higgins, M. G., Kenny, D. A., Fitzsimons, C., Blackshields, G., Coyle, S., McKenna, C., McGee, M., Morris, D. W., Waters, S. 2019. The effect of breed and diet type on the global transcriptome of hepatic tissue in beef cattle divergent for feed efficiency. *BMC Genomics*, 20: 525. Doi: <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5906-8>
- Hungate R. E. 1966. The rumen and its microbes. New York: Academic Press.
- Janssen, P. H. 2010. Influence of hydrogen on rumen methane formation and fermentation balances through microbial growth kinetics and fermentation thermodynamics. *Animal Feed Science and Technology*. 160: 1-22.
- Jewell, K. A., McCormick, C. A., Odt, C. L., Weimer, P. J., Suen, G. 2015. Ruminant bacterial community composition in dairy cows is dynamic over the course of two lactations and correlates with feed efficiency. *Appl. Environ. Microbiol.* 81: 4697-4710.
- Jin, D., Zhao, S., Wang, P., Zheng, N., Bu, D., Beckers, Y., Wang J. 2016. Insights into abundant rumen ureolytic bacterial community using rumen simulation system. *Front. Microbiol.* 7, 1006.
- Kelly, A. M., McGee, M., Crews, D. H., Fahey, A. G., Wylie, A. R., Kenny, D. A., 2010. Effect of divergence in residual feed intake on feeding behavior, blood metabolic variables, and body composition traits in growing beef heifers. *J. Anim. Sci.* 88: 109-123.

- Kern, R. J., Lindholm-Perry, A. K., Freetly, H. C., Snelling, W. M., Kern, J. W., Keele, J. W., Miles, J. R., Foote, A. P., Oliver, W. T., Kuehn, L. A., Ludden, P. A. 2016. Transcriptome differences in the rumen of beef steers with variation in feed intake and gain. *Gene*. 586: 12-26.
- Kern, R. J., Zarek, C. M., Lindholm-Perry, A. K., Kuehn, L. A., Snelling, W. M., Freetly, H. C., Cunningham, H. C., Meyer, A. M. 2017. Ruminal expression of the NQO1, RGS5, and ACAT1 genes may be indicators of feed efficiency in beef steers. *Anim Genet*. 48 (1): 90–92.
- Khafipour, E., Li, S., Plaizier, J. C., Krause, D. O. 2009. Rumen microbiome composition determined using two nutritional models of subacute Ruminal acidosis. *Appl Environ Microbiol*. 75: 7115–7124.
- Koch, R. M., L. A. Swiger, D. Chambers, Gregory, K. E. 1963. Efficiency of feed use in beef cattle. *J. Anim. Sci*. 486-494.
- Kong, R. S., Liang, G., Chen, Y., Stothard, P., Guan, le L. 2016. Transcriptome profiling of the rumen epithelium of beef cattle differing in residual feed intake. *BMC Genomics*.17: 592.
- Kozakai, K., Nakamura, T., Kobayashi, Y., Tanigawa, T., Osaka, I., Kawamoto, S., Hara, S. 2007. Effect of mechanical processing of corn silage on in vitro ruminal fermentation, and in situ bacterial colonization and dry matter degradation. *Can J Anim Sci*. 87: 259–267.
- Lahart, B., Prendiville, R., Buckley, F., Kennedy, E., Conroy, S. B., Boland, T. M., McGee, M. 2020. The repeatability of feed intake and feed efficiency in beef cattle offered high-concentrate, grass silage and pasture-based diets. *Animal*, 14 (11): 2288-2297.
- Ley, R. E., Hamady, M., Lozupone, C., Turnbaugh, P., Ramey, R. R., Bircher, J. S., Schlegel, M. L., Tucker, T. A., Schrenzel, M. D., Knight, R., Gordon, J. I. 2008. Evolution of mammals and their gut microbes. *Science*. 320 (5883): 1647-1651.

- Li, F., Hitch, T. C. A., Chen, Y., Creevey, C. J. Guan, L. L. 2019a. Comparative metagenomic and metatranscriptomic analyses reveal the breed effect on the rumen microbiome and its associations with feed efficiency in beef cattle. *Microbiome*. 7 (6): 1-21.
- Li, F., Li, C., Chen, Y., Liu, J., Zhang, C., Irving, B., Fitzsimmons, C., Plastow, G., Guan, L. L. 2019b. Host genetics influence the rumen microbiota and heritable rumen microbial features associate with feed efficiency in cattle. *Microbiome*. 7 (92): 1-17.
- Li, Z., Mu, C., Xu, Y., Shen, J., Zhu, W. 2020. Changes in the solid-, liquid-, and epithelium-associated bacterial communities in the rumen of Hu lambs in response to dietary urea supplementation. *Front. Microbiol.* 11, 244.
- Liang, Y. S., Li, G. Z., Li, X. Y., Lü, J. Y., Li, F. D., Tang, D. F., Li, F., Deng, Y., Zhang, H., Wang, Z. L., Weng, X. X. 2017. Desempeño del crecimiento, fermentación ruminal, composición de bacterias y expresiones génicas involucradas en regulación del pH intracelular del epitelio del rumen en corderos Hu en finalización que difieren en el fenotipo de consumo de alimento residual. *Journal of Animal Science*. Volumen 95, Número 4. 1727–1738.
- Lima, J.; Auffret, M.D.; Stewart, R.D.; Dewhurst, R.J.; Duthie, C.-A.; Snelling, T.J.; Walker, A.W.; Freeman, T.C.; Watson, M.; Roehe, R., 2019. Identification of rumen microbial genes involved in pathways linked to appetite, growth, and feed conversion efficiency in cattle. *Front. Genet.* 10, 701.
- Liu, J.; Bai, Y.; Liu, F.; Kohn, R.A.; Tadesse, D.A.; Sarria, S.; Li, R.W.; Song, J., 2020. Rumen microbial predictors for short-chain fatty acid levels and the grass-fed regimen in Angus cattle. *Animals*. 12(21), 2995.
- Liu, K., Zhang, Y., Yu, Z., Xu, Q., Zheng, N., Zhao, S., Huang, G., Wang, J. (2020). Ruminal microbiota–host interaction and its effect on nutrient metabolism. *Animal Nutrition Journal*.

- Lodge-Ivey, S.L.; May, T.; Petersen, M.K.; Strickland, J.R., 2004. Determination of methylglyoxal in ruminal fluid by high-performance liquid chromatography using fluorometric detection. *J. Agric. Food Chem.* 52(23), 6875-6878.
- Lopes, D.R.G., Duarte, M., La Reau, A.J., Mendes, T.A., Detmann, D., Bento, C. B., Mercadante, M.E., Boniha, S.F., Suen, G. and Mantovani, H.C. 2021. Assessing the relationship between the rumen microbiota and feed efficiency in Nellore steers. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 12: 79.
- Luo D, Gao Y, Lu Y, Qu M, Xiong X, Xu L, Zhao X, Pan K, Ouyang K., 2017. Niacin alters the ruminal microbial composition of cattle under high-concentrate condition. *Anim. Nutr.* 3(2), 180-185.
- Mac Loughlin. 2009. Composición corporal y de la carcasa en bovinos para carne. 1o Parte: Evaluación de ecuaciones para estimar la composición química del animal en pie. <http://www.produccion-animal.com.ar/>.
- Maritime Beef Test Station. 2017. <https://maritimebeefteststation.ca/>
- Matsui H, Ogata K, Tajima K, Nakamura M, Nagamine T, Aminov RI, Beno Y. 2000. Phenotypic characterization of polysaccharidases produced by four Prevotella type strains. *Curr Microbiol.* 41:45–9.
- Matthews, C., Crispie F., Lewis E., Reid M., 2018. The rumen microbiome: a crucial consideration when optimising milk and meat production and nitrogen utilisation efficiency. *PubMed*, vol. 10,2: 115-132.
- McCabe MS, Cormican P, Keogh K, O'Connor A, O'Hara E, Palladino RA, et al., 2015. Illumina MiSeq phylogenetic amplicon sequencing shows a large reduction of an uncharacterised Succinivibrionaceae and an increase of the Methanobrevibacter gottschalkii clade in feed restricted cattle. *PLoS ONE* 10(7), e0133234.
- McCann JC., 2013. Effect of post-extraction algal residue supplementation on the rumen microbiome of steers consuming low-quality forage [M.S. thesis]. College Station, TX: Texas A&M University.

- McCann JC, Wickersham TA, Loor JJ., 2014. High-throughput methods redefine the rumen microbiome and its relationship with nutrition and metabolism. *Bioinformatics and Biology Insights* 8, 109-125.
- McCann JC, Luan S, Cardoso FC, Derakhshani H, Khafipour E, Loor JJ. 2016. Induction of subacute Ruminant acidosis affects the Ruminant microbiome and epithelium. *Front Microbiol.* 7:701
- McDonnell, R.P., Hart, K.J., Boland, T.M., Kelly, A.K., McGee, M., Kenny, D.A., 2016. Effects of divergence in phenotypic residual feed intake on methane emission, ruminal fermentation, and apparent whole-tract digestibility of beef heifers across three contrasting diets. *J. Anim. Sci.* 94, 1179-1193.
- Mendoza-Martínez, G. D., Plata-Pérez, F. X., Espinosa-Cervantes, R., Lara-Bueno, A. 2008. Manejo nutricional para mejorar la eficiencia de utilización de la energía en bovinos. *Universidad y Ciencia, Trópico Húmedo.* 24(1): 75-87.
- Meyer, A.M., Kerley, M.S., Kallenbach, R.L., 2008. The effect of residual feed intake classification on forage intake by grazing beef cows. *J. Anim. Sci.* 86, 2670-2679.
- Minuti A, Palladino A, Khan MJ, Alqarni S, Agrawal A, Piccioli-Capelli F, Hidalgo F, Cardoso FC, Trevisi E, Loor JJ. 2015. Abundance of ruminal bacteria, epithelial gene expression, and systemic biomarkers of metabolism and inflammation are altered during the peripartum period in dairy cows. *J Dairy Sci.* 98(12):8940–8951.
- Moon CD, Pacheco DM, Kelly WJ, Leahy SC, Li D, Kopecny J, Attwood GT. 2008. Reclassification of *Clostridium proteoclasticum* as *Butyrivibrio proteoclasticus* comb. nov., a butyrate-producing ruminal bacterium. *Int J Syst Evol Microbiol.* 58:2041–2045.
- Moore, S.S., Mujibi, F.D., Sherman, E.L., 2009. Molecular basis for residual feed intake in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 87, 41-47.
- Moossavi S, Sepehri S, Robertson B, Bode L, Goruk S, Campo C. J., Lix L. M., De Souza R. J., Becker A. B., Mandhane P. J., Turvey S. E., Subbarao P, Moraes T. J., Lefebvre D. J., Sears M. R., Khafipour E. Azad M. B. 2019. Composition and

variation of the human milk microbiota are influenced by maternal and early-life factors. *Cell Host & Microbe*. 25(2), 324-335.

Myer, P. R., T. P. Smith, J. E. Wells, L. A. Kuehn, Freetly, H. C., 2015. Rumen microbiome from steers differing in feed efficiency. *Plos One*. 10:e0129174.

Na, S.W.; Guan, L.L., 2022. Understanding the role of rumen epithelial host-microbe interactions in cattle feed efficiency. *Animal Nutr*. 10, 41-53.

Nkrumah, J.D., Basarab, J.A., Wang, Z., Li, C., Price, M.A., Okine, E.K., Crews, D.H., Moore, S.S., 2007. Genetic and phenotypic relationships of feed intake and measurements of efficiency with growth and carcass merit of beef cattle. *J. Anim. Sci*. 85(10), 2711-2720.

Onan, G., Hutu, I., Radunz, A., 2016. Residual feed intake as a measure of feed efficiency. *Lucr. științ. med. vet*. 49, 154-162.

O'Shea E, Waters SM, Keogh K, Kelly AK, Kenny DA. 2016. Examination of the molecular control of ruminal epithelial function in response to dietary restriction and subsequent compensatory growth in cattle. *J Anim Sci Biotechnol*. 7:53.

Ott, L., 1993. An introduction to statistical methods and data analysis. Duxbury Press. Boston, MA, USA. 775 p.

Parra MC, Costa DF, Meale SJ, Silva LFP. Rumen bacteria and feed efficiency of beef cattle fed diets with different protein content. *Animal Production Science* 2022, doi:10.1071/AN21508.

Pearson, K., 1896. Mathematical contributions to the theory of evolution — on a form of spurious correlation which may arise when indices are used in the measurement of organs. *Proc. R. Soc. Lond*. 60, 489-498.

Petri, R.M.; Schwaiger, T.; Penner, G.B.; Beauchemin, K.A.; Forster, R.J.; McKinnon, J.J.; McAllister, T.A., 2013. Changes in the rumen epimural bacterial diversity of beef

cattle as affected by diet and induced ruminal acidosis. *Appl. Environ. Microbiol.* 79(12), 3744-3755.

Petri, R.M.; Pourazad, P.; Khiaosa-ard, R.; Klevenhusen, F.; Metzler-Zebeli, B.; Zebeli, Q., 2017. Temporal dynamics of in-situ fiber-adherent bacterial community under ruminal acidotic conditions determined by 16S rRNA gene profiling. *PLoS ONE.* 13(9), e0204600.

P. F. Arthur and R. M. Herd., 2005. Efficiency of feed utilization by livestock — Implications and benefits of genetic improvement. *Canadian Journal of Animal Science.* 85(3): 281-290.

Pravia, M. I., Lema, M., Navajas, E. A., Aguilar, I. 2014. Mejoramiento genético en eficiencia de conversión de alimento y características de canal: oportunidades a través del uso de la genómica. *V Congreso de la Asociación Uruguaya de Producción Animal.*

Prieto ME, Montes VD, Patiño PR, Cuello PH, Regino GC. 2013. Desempeño productivo y comportamiento ingestivo de terneros recibiendo diferente manejo alimenticio en un sistema doble propósito, Departamento de Sucre, Colombia. *Rev. Colombiana cienc. Anim.* 5(2):380-395.

Reid, J.T., Wellinton, G.H., Dunn, H.O., 1955. Some relationships among the major chemical components of the bovine body their application to nutritional investigations. *Journal of dairy science.* Vol 38-12, p 1344 1359.

Relling A. y Mattioli G. 2003. Fisiología digestiva y metabólica de los rumiantes. Fac. Ciencias veterinarias. Argentina: *Universidad Nacional de La Plata.*

Renand, G., Geay, Y., Méniessier, F., Barboiron, C., & Gillard, P., 1996. Performances de croissance et composition corporelle de taureaux Charolais en stations de contrôle individuel. *In Annales de zootechnie.* No. 1, pp. 3-16.

- Rodríguez M, and Rodríguez S., 2011. Effect on weight gain, rumen bioactivity and rumen pH in weaned sheep using fresh rumen fluid from cattle. *Rev.MVZ Córdoba*, 1-9. Vol.16, n.3, pp 2692-2700.
- Russell, J.B., 1993. Glucose toxicity in *Prevotella ruminicola*: methylglyoxal accumulation and its effect on membrane physiology. *Appl. Environ. Microbiol.* 59, 2844-2850.
- Rubio, LM., Braña V. D., Mendez, M.D.Torrescano, U. G., Sanchez, E. A.,Perez, L.C., Figueroa, S.F y Delgado, S.E. 2013. Guía práctica para la estandarización y evaluación de canales bovinas mexicanas. INIFAP. Folleto técnico No 23.
- Seabury, C. M., Oldeschulte D. L. Saatchi, M., Beever, J. E., Decker, J. E., Halley, Y. A., Bhattarai E. K., Molaei, M., Freetly, H. C., Hansen, S. L, Yampara-Iquise, H., Johnson, K. A., Kerley, M. S., Kim, J. W., Loy, D. D., Marques, E., Neiberghs, H. L., Schnabel, R. D., Shike, D. W., Spangler, M. L., Weaber, R. L., Garrick, D. J. and Taylor J. F. 2017. Genome-wide association study for feed efficiency and growth traits in U.S. beef cattle. *BMC Genomics*. 18 (386). DOI 10.1186/s12864-017-3754-y
- Sifuentes, Ana M., Parra, Manuel. 2011. ¿Cuál es el valor de las pruebas de AND para la ganadería de carne en México? Órgano Oficial Simmental-Simbrah. Pp. 16-18.
- Solden LM, Hoyt DW, Collins WB et al. New roles in hemicellulosic sugar fermentation for the uncultivated family BS11. *ISME J* 2017, 11, 691-703.
- Speirs, L.B.M.; Rice, D.T.F.; Petrovski, S.; Seviour, R.J., 2019. The phylogeny, biodiversity, and ecology of the Chloroflexi in activated sludge. *Front. Microbiol.* 10, 2015.
- Steel, R. G. D. and Torrie, J. H., 1980. Principles and procedures of statistics. A biometrical approach. McGraw-Hill Book Company. New York, NY, USA. 633 p.
- Stumpff F.2018. A look at the smelly side of physiology: transport of short chain fatty acids. *Pflugers Arch.* 470(4):571–598.

- Trujillo, A. I., Casal, A., Penagaricano, F., Carriquiry, M. A. R. I. A. N. A., & Chilbroste, P. A. B. L. O. (2013). Association of SNP of neuropeptide Y, leptin, and IGF-1 genes with residual feed intake in confinement and under grazing condition in Angus cattle. *Journal of Animal Science*, 91(9), 4235-4244.
- Ungerfeld, E.M., 2020. Metabolic hydrogen flows in rumen fermentation: principles and possibilities of interventions. *Front. Microbiol.* 11, 589.
- Van Eenennaam, Alison. 2010. DNA-Based Biotechnologies. *Beef Sire Selection Manual, 2th Edition*. Pp. 68-73.
- Van Gylswyk, N.O., 1995. *Succiniclasticum ruminis* gen. nov., sp. nov., a ruminal bacterium converting succinate to propionate as the sole energy-yielding mechanism. *Int J Syst Bacteriol.* 45(2), 297-300.
- Van Gylswyk NO, Hippe H, Rainey FA., 1997, *Schwartzia succinivorans* gen. nov., sp. nov., another ruminal bacterium utilizing succinate as the sole energy source. *Int J Syst Bacteriol.* 47(1), 155-159.
- Wang L, Zhang K, Zhang C, Feng Y, Zhang X., 2019. Dynamics and stabilization of the rumen microbiome in yearling Tibetan sheep. *Sci. Rep.* 9, 19620.
- Welch, C. M., Ahola, J. K., Hall, J. B., Murdoch, G. K., Crews Jr, D. H., Davis, L. C., Doumit, M. E., Price, W. J., Keenan, L. D., Hill, R. A. 2012. Relationships among performance, residual feed intake, and product quality of progeny from Red Angus sires divergent for maintenance energy EPD, *J. Anim. Sci.*, 5107–5117.
- Wells, J.E.; Russell, J.B., 1996. Why do many ruminal Bacteria die and lyse so quickly? *J. Dairy Sci.* 79, 1487-1495.
- Wood, B. J., J. A. Archer, and J. H. J. van der Werf. 2004. Response to selection in beef cattle using IGF-I as a selection criterion for residual feed intake under different Australian breeding objectives. *Livest. Prod. Sci.* 91:69-81.

- Xia Y, Wang Y, Wang Y et al., 2016. Cellular adhesiveness and cellulolytic capacity in Anaerolineae revealed by omics-based genome interpretation. *Biotechnology for Biofuels* 9:111.
- Xiang R, Oddy VH, Archibald AL, Vercoe PE, Dalrymple BP. 2016. Epithelial, metabolic and innate immunity transcriptomic signatures differentiating the rumen from other sheep and mammalian gastrointestinal tract tissues. *PeerJ*. 1-31.
- Yao, Q.; Li, Y.; Meng, Q.; Zhou, Z., 2017. The effect of calcium propionate on the ruminal bacterial community composition in finishing bulls. *Asian-Australas J. Anim. Sci.* 30(4), 495-504.
- Yu, S.; Zhang, G.; Liu, Z.; Wu, P.; Yu, Z.; Wang, J., 2020. Repeated inoculation with fresh rumen fluid before or during weaning modulates the microbiota composition and cooccurrence of the rumen and colon of lambs. *BMC Microbiol.* 20, 29.
- Zhang, Y., Li, F., Chen, Y., Guan, L.-L. 2022. The effects of breed and residual feed intake divergence on the abundance and active population of rumen microbiota in beef cattle. *Animals*, 12, 1966.
- Zhu W, Wei Z, Xu N, Yang A, Yoon I, Chung Y, Liu J, Wang J. 2017. Effects of *Saccharomyces cerevisiae* fermentation products on performance and rumen fermentation and microbiota in dairy cows fed a diet containing low quality forage. *J Anim Sci Biotechnol.* 8:36.