

Agosto de 2012

S



منظمة الأغذية
والزراعة للأمم
المتحدة

联合国
粮食及
农业组织

Food and
Agriculture
Organization
of the
United Nations

Organisation des
Nations Unies
pour
l'alimentation
et l'agriculture

Продовольственная и
сельскохозяйственная
организация
Объединенных
Наций

Organización
de las
Naciones Unidas
para la
Alimentación y la
Agricultura

COMISIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS PARA LA ALIMENTACIÓN Y LA AGRICULTURA

Tema 6 del programa provisional

GRUPO DE TRABAJO TÉCNICO INTERGUBERNAMENTAL SOBRE LOS RECURSOS ZOOGENÉTICOS PARA LA ALIMENTACIÓN Y LA AGRICULTURA

Séptima reunión

Roma, 24-26 de octubre de 2012

SITUACIÓN Y TENDENCIAS RESPECTO DE LOS MICROORGANISMOS RELACIONADOS CON LA DIGESTIÓN DE LOS RUMIANTES

Índice

	Párrafos
I. INTRODUCCIÓN	1 – 4
II. LOS MICROORGANISMOS Y LA DIGESTIÓN DE LOS RUMIANTES: ESTADO DE LOS CONOCIMIENTOS Y LAS TENDENCIAS	5 – 11
III. POSIBLES INVESTIGACIONES E INNOVACIONES EN EL FUTURO	12 – 15
IV. ORIENTACIÓN QUE SE SOLICITA	16

Para minimizar los efectos de los métodos de trabajo de la FAO en el medio ambiente y contribuir a la neutralidad respecto del clima, se ha publicado un número limitado de ejemplares de este documento. Se ruega a los delegados y observadores que lleven a las reuniones los ejemplares que han recibido y se abstengan de pedir copias adicionales. La mayoría de los documentos de reunión de la FAO está disponible en Internet, en la siguiente dirección: www.fao.org

SITUACIÓN Y TENDENCIAS RESPECTO DE LOS MICROORGANISMOS RELACIONADOS CON LA DIGESTIÓN DE LOS RUMIANTES

I. INTRODUCCIÓN

1. En su 12.^a reunión ordinaria, la Comisión de Recursos Genéticos para la Alimentación y la Agricultura (en adelante la Comisión) insistió en la necesidad de evaluar la situación y las tendencias de los microorganismos relacionados con la alimentación y la agricultura. A este respecto, pidió a la Secretaría de la Comisión que preparara, para su examen en su 14.^a reunión ordinaria, nuevos análisis y estudios sobre la situación y las tendencias de los microorganismos, en particular los relacionados con la digestión de los rumiantes, los procesos agroindustriales y la elaboración de alimentos¹.
2. En su 13.^a reunión ordinaria, la Comisión reiteró la necesidad de seguir avanzando en esta labor con las organizaciones internacionales e instituciones científicas pertinentes y pidió asimismo a sus grupos de trabajo técnico intergubernamentales que examinaran las evaluaciones pertinentes dentro de su ámbito de competencia².
3. En el presente documento se presenta el estudio *Micro-organisms and ruminant digestion: state of knowledge, trends and future prospects* (Los microorganismos y la digestión de los rumiantes: estado de los conocimientos, tendencias y perspectivas futuras), con un breve resumen del mismo. La versión completa de este estudio está disponible como Estudio informativo³.
4. El estudio contiene una reseña histórica de los progresos realizados en la investigación de la microbiología del rumen y presenta un panorama general de los conocimientos actuales acerca del ecosistema microbiano del rumen. También se aborda la oportunidad que brindan las nuevas tecnologías de secuenciación del ADN para mejorar la productividad del ganado y las repercusiones de los sistemas de producción pecuaria en el medio ambiente.

II. LOS MICROORGANISMOS Y LA DIGESTIÓN DE LOS RUMIANTES: ESTADO DE LOS CONOCIMIENTOS Y LAS TENDENCIAS

5. En el último decenio, el aumento de la población humana, la disminución de la tierra cultivable debido a la degradación del suelo, la urbanización, la industrialización y el consiguiente incremento de la demanda de productos pecuarios ha provocado cambios drásticos a nivel mundial en el sector de los rumiantes (bovinos, ovinos, caprinos, búfalos, camellos y yaks). Entre ellos cabe mencionar las variaciones del tamaño de las poblaciones ganaderas regionales y de los tipos de gestión y técnicas de alimentación con que se mantiene a los rumiantes. Se producirá un aumento de la demanda de una mayor variedad de atributos de calidad en la ganadería, no solo de los productos como tales, sino también de los métodos utilizados para producirlos. Por lo tanto, el sector ganadero tendrá que responder a los nuevos desafíos de aumentar la productividad pecuaria al tiempo que protege el medio ambiente y la salud humana y de garantizar la conservación y la utilización sostenible de los recursos naturales, incluidos todos los componentes de la biodiversidad para la alimentación y la agricultura.
6. En respuesta a las recientes tendencias de la producción ganadera mundial, cada vez se presta más atención a la importancia de la ecología microbiana del rumen y la diversidad de los microorganismos en el estómago anterior de los rumiantes. Los microorganismos en el aparato

¹ CGRFA-12/09/Informe, párr. 60.

² CGRFA-13/11/Informe, párr. 91.

³ Estudio informativo de la CGRFA n° 61: *Micro-organisms and ruminant digestion: state of knowledge, trends and future prospects* (Los microorganismos y la digestión de los rumiantes: estado de los conocimientos, tendencias y perspectivas futuras).

digestivo de los rumiantes influyen profundamente en la conversión de los piensos en productos finales que pueden repercutir en el animal y en el medio ambiente. A medida que aumenten el número y la productividad del sector ganadero, en particular en los países en desarrollo, será cada vez mayor la necesidad de comprender estos procesos para una mejor gestión y utilización tanto de la base de piensos como de otros recursos naturales que sustentan el perfeccionamiento de sistemas de alimentación sostenibles.

7. Hasta hace poco, los conocimientos sobre la microbiología intestinal de los rumiantes se obtenían sobre todo mediante técnicas de cultivo clásicas que mostraban probablemente solo del 10 al 20 % de la población microbiana del rumen. Se calcula que la microbiota intestinal y sus genomas colectivos (llamados microbioma) contienen 100 veces más genes que el animal que los hospeda y proporcionan al rumiante la capacidad genética y metabólica que no ha tenido para evolucionar por sí solo, incluida su capacidad para hidrolizar y fermentar nutrientes y toxinas inaccesibles. Tales procesos requieren la participación de distintos microorganismos del rumen que se han redefinido en tres dominios, a saber: bacterias (eubacterias), arqueobacterias (metanógenos) y eucariotas (protozoos ciliados y hongos anaeróbicos del rumen).

8. Los progresos realizados en la ecología microbiana molecular basados en la filogenia del gen ARN 16r (rrn) han permitido la identificación y cuantificación de la microbiota normal del rumen. Este sistema de clasificación microbiana, unido a una secuenciación a fondo del ADN del rumen, ha revelado la presencia de comunidades complejas que han evolucionado conjuntamente con el rumiante que las hospeda en respuesta a las condiciones ambientales (base de piensos, etc.) y la fisiología intestinal del animal. Si bien hay diferencias entre las comunidades microbianas intestinales de distintas especies y razas de animales⁴, también hay nuevas pruebas de que el microbioma bacteriano y el potencial metabólico del rumen son diferentes entre animales de la misma raza con la misma alimentación y considerados en relación con la utilización de nutrientes.

9. De acuerdo con el análisis de los conjuntos de datos mundial de las bases de datos públicas, la mayoría de las arqueobacterias del rumen (> 90 %) pertenecen a los géneros *Methanobrevibacter* (>60 %), *Methanomicrobium* (~ 15 %) y un grupo de arqueobacterias del rumen no cultivadas que suelen conocerse como el grupo C del rumen (CCR, ~ 16 %) o el linaje de las *Thermoplasmatales*, que tienen una función desconocida. Recientemente, los sistemas metagenómicos han permitido reconstruir el genoma de los metanógenos del CCR provenientes de un cultivo mixto sin que fuera necesario aislar el microorganismo. Esto puso de manifiesto una actividad metabólica novedosa por la cual los metanógenos del CCR producen mayores cantidades de metano que la bacteria autótrofa *Methanobrevibacter*.

10. Es importante destacar que los metanógenos del CCR eran la población predominante en varias especies de rumiantes, por ejemplo yaks, bovinos y ovinos, criados en una única región agroeconómica de China central. La población de metanógenos de estos animales era más similar entre ellos que con la estructura prevista en los rumiantes con una alimentación de producción tradicional de los países industrializados. Esto demuestra ulteriormente la interacción que existe entre las condiciones ambientales y la fisiología del animal que rige la adquisición, colonización y estructura final del microbioma del animal adulto. La composición de la población de metanógenos en el rumen en fase de crecimiento es significativa en relación con la cantidad de metano (gas de efecto invernadero) que emite el animal, ya que algunos metanógenos producen más metano en función de la ruta metabólica codificada por su genoma. Por consiguiente, las condiciones ambientales pueden imponer las poblaciones de metanógenos adquiridas al nacer que marcan la estructura de la comunidad de metanógenos del animal adulto, y por ende el potencial de producción de metano.

11. Además, también es evidente que existe diversidad genética dentro de las especies de bacterias del rumen de importancia práctica y económica. Por ejemplo, hay estudios que demuestran que la bacteria del rumen *Synergistes jonesii*, que desintoxica el forraje del árbol leguminoso *Leucaena*, importante desde el punto de vista económico, presenta diversidad genética en función de la región

⁴ Hay datos recientes provenientes de razas asiáticas de ganado bovino que muestran una comunidad bacteriana distintiva del rumen en comparación con el ganado bovino de la raza Holstein, lo cual respalda la idea de que el genotipo del animal es un factor importante que configura la composición.

geográfica. Esta bacteria procedente de rumiantes extranjeros se introdujo en los bovinos australianos debido a que carecían de ella y eran susceptibles a la intoxicación por la mimosina, presente en *Leucaena*. La diversidad genética que reside en esta especie brinda una mayor posibilidad de introducir variedades desintoxicantes más potentes en los rumiantes de las regiones que dependen de los sistemas de producción de *Leucaena* para una producción sostenible.

III. POSIBLES INVESTIGACIONES E INNOVACIONES EN EL FUTURO

12. En el último decenio se han registrado en este ámbito innovaciones importantes, como la metagenómica, con la aparición de tecnologías asequibles basadas en los ácidos nucleicos y la rápida evolución de las plataformas de secuenciación del ADN que no necesitan cultivos para estudiar la diversidad de ecosistemas microbianos complejos. Estas tecnologías abren la posibilidad de capturar y estudiar el microbioma completo (los genomas predominantes) de la compleja comunidad microbiana del rumen y determinar la función (“¿qué papel desempeñan?”), además de la estructura de la comunidad (“¿quiénes forman parte de ella?”).

13. Los rápidos avances logrados en el perfeccionamiento de instrumentos de anotación y plataformas informáticas a disposición del público para asignar una función a los genes también ha hecho que la secuenciación del genoma de los distintos microorganismos y su interpretación sean asequibles y estén disponibles para una comunidad de investigación más amplia. Gracias a esto ha aumentado el número de microorganismos del rumen (>20) con la secuencia del genoma conocido a disposición del público, pero es escasa la información sobre la identidad genómica de los hongos anaerobios y los protozoos ciliados del rumen y no se ha hecho público el genoma de ninguno de estos organismos.

14. Con objeto de abordar estas cuestiones, se ha establecido una Red de genómica microbiana del rumen, que comprende un consorcio de laboratorios avanzados de microbiología del rumen, instituciones importantes de secuenciación del ADN con financiación pública y encargados de colecciones públicas internacionales de cultivo. El consorcio facilitará la secuenciación y la elaboración de sistemas de genómica microbiana del rumen con miras a permitir el acceso a los métodos, las secuencias de los genomas e información sobre el metagenoma de interés para la comunidad microbiana del rumen. Con la información sobre genomas de referencia de más de 1 000 muestras de microorganismos del rumen se establecerá un catálogo (base de datos) de genes microbianos del rumen públicamente accesible y se asignará una función a estos genes como marco para la caracterización del microbioma del rumen de distintos genotipos de rumiantes y en condiciones de alimentación y ambientales diversas. Esta información se utilizará para respaldar las iniciativas internacionales que abrirán el camino a una investigación que incluirá los genomas con objeto de comprender la función del rumen y encontrar un equilibrio entre la producción de alimentos y las emisiones de gases de efecto invernadero. Es posible que esta colección de referencia se incline más hacia los microorganismos de los rumiantes provenientes de sistemas de producción industrializados, a menos que se lleve a cabo un esfuerzo coordinado para que participen laboratorios de países y regiones en los que los animales han evolucionado y se han adaptado al medio ambiente natural, en particular las regiones tropicales.

15. Existe la posibilidad de que los laboratorios de países emergentes y en desarrollo que estudian los rumiantes proporcionen ADN de muestras de rumen y de cultivos aislados de razas locales adaptadas como contribución a este catálogo, que de esta manera representará un censo geográfico más amplio de microorganismos de interés para muchas zonas agroeconómicas y condiciones ambientales. Además, los laboratorios de nutrición de los países en desarrollo interesados en la microbiología del rumen se beneficiarían de las interacciones futuras con los laboratorios avanzados, en los que se asesora y capacita a científicos locales en las últimas técnicas de ecología microbiana molecular.

IV. ORIENTACIÓN QUE SE SOLICITA

16. El Grupo de trabajo tal vez desee recomendar a la Comisión que:
- acoja positivamente el estudio *Micro-organisms and ruminant digestion: state of knowledge, trends and future prospects* (Los microorganismos y la digestión de los rumiantes: estado de los conocimientos, tendencias y perspectivas futuras) y que insista en la importancia de la diversidad de los microorganismos del rumen a la luz de la diversidad de las razas y la alimentación y de la producción pecuaria mundial y los desafíos ambientales y relacionados con la salud;
 - pida a la FAO que informe sobre las novedades pertinentes en este sector en la 15.ª reunión ordinaria de la Comisión, en la que se examinará la labor de los grupos de trabajo técnicos intergubernamentales sobre la aplicación e integración de las biotecnologías para la conservación y la utilización sostenible de los recursos genéticos para la alimentación y la agricultura; y
 - pida a la FAO que siga supervisando las novedades en este ámbito e informando al respecto, posiblemente abordando este tema en el Segundo informe sobre la situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura o en el Estado de la biodiversidad para la alimentación y la agricultura en el mundo.