



IMPORTANCIA DEL RUMEN EN LA ALIMENTACIÓN ANIMAL

M.V. Juan E. Restrepo Botero.
Especialista en Producción Animal
Departamento de Asistencia Técnica, COLANTA
jrestrepo66@yahoo.com

Resumen

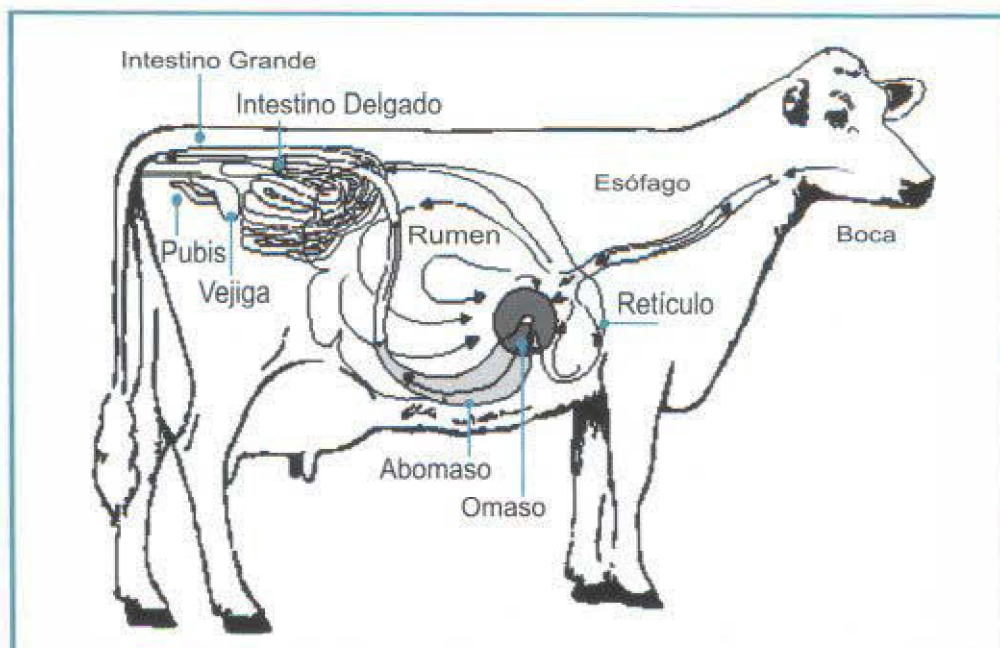
La búsqueda de estrategias que permitan la utilización más racional de recursos agrícolas involucra el conocimiento del rumen, este ecosistema donde microorganismos endosimbiontes (protozoos, hongos y bacterias), transforman los diferentes alimentos ingeridos por el rumiante, en ácidos grasos volátiles y proteína microbiana utilizable para la nutrición y producción del hospedador. Un adecuado suministro de alimentos permite mantener las condiciones ruminales óptimas para el crecimiento de las diferentes poblaciones, mejorando la fermentación de la ingesta (21).

El amonio constituye la principal fuente para la síntesis de proteína bacteriana entre un 50% y 70% del total. Siendo mayor el crecimiento bacteriano cuando se incorporan péptidos y aminoácidos (aa) en la dieta (2). La disponibilidad de ATP por parte de los microorganismos ruminales incrementa la multiplicación celular, proporcionando al hospedador (rumiante) un incremento en la degradación de los sustratos ingeridos. El YATP es la medida del ATP producido por los microorganismos, de acuerdo con los modelos matemáticos, se necesita de 3.62 moles de YATP para producir 100g de materia seca microbiana.

Otro de los factores que debe considerarse cuando se busca la eficiencia de poblaciones celulolíticas es la interacción de estos microorganismos con otras poblaciones bacterianas, hongos y protozoos. Los microorganismos ruminales crecen según el alimento suministrado a sus hospedadores, presentándose interacciones de comensalismo, mutualismo, parasitismo entre otras, en un ecosistema abierto de flujo continuo (23). Estas interacciones se ven afectadas en nuestras ganaderías del trópico alto, por la forma de suministro de alimento concentrado a las vacas de leche y en el trópico bajo por la falta de suplemento alimenticio (1).

FIGURA 1 Sistema digestivo de la vaca

Tomado de: <http://babcock.cals.wisc.edu/downloads/de/01.es.pdf>



MICROORGANISMOS DEL ECOSISTEMA RUMINAL

El rumen es un ecosistema abierto y continuo que proporciona un ambiente ideal para mantener las diferentes poblaciones de microorganismos (bacterias, hongos, protozoos). Estas poblaciones están en interacción permanente a través de diversas estrategias como el mutualismo (benéficas para ambos microorganismos), el comensalismo (benéfica para uno sin influir en el otro), el parasitismo (benéfica para uno con desventaja para el otro) y la competición (compiten varios microorganismos por sustrato o por espacio),

permitiendo a través de procesos fermentativos microbianos que el rumiante obtenga los nutrientes indispensables para su nutrición(2,4,9). Lo ideal es mantener condiciones ruminales estables que permitan un crecimiento de las diferentes poblaciones de microorganismos, para así tener una mejor fermentación(21). Hungate (1966), citado por Yokoyama (1993) considera que el mejor ejemplo de un sistema cooperativo es la relación animalmicrobios en el rumen, donde éstos últimos se han constituido como endosimbiontes en el transcurso de la evolución(23).

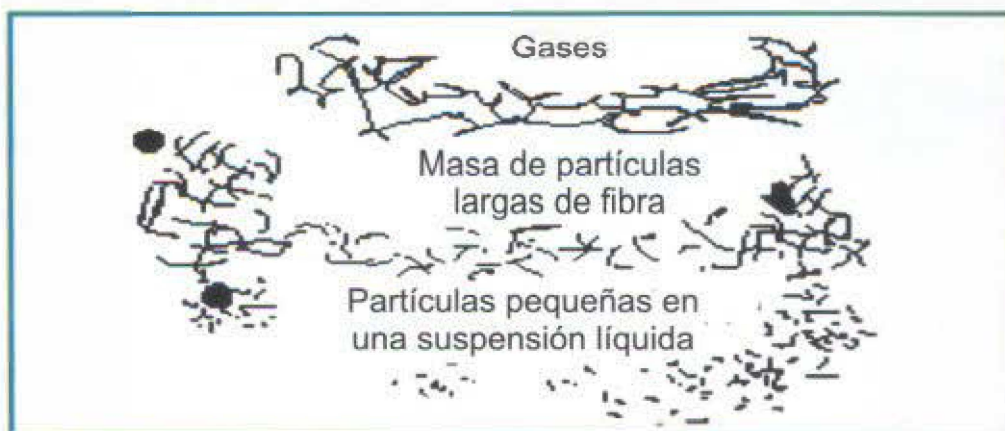
FIGURA 2 Colonización y degradación de cebadas desnudas y cubiertas por hongos ruminales.



Tomado de: <http://www.turipana.org.co/rumen.htm>

La región dorsal del rumen posee más materia seca, 14-18%, que la región ventral que tiene entre 6-9%. La temperatura se mantiene entre 38-42 °C, el pH ruminal 6.2-6.8 (8,21) y la cantidad de gases son aproximadamente: CO₂: 65%, CH₄: 27%, N₂: 7%, O₂: 0.6%, H₂: 0.2%, H₂S: 0.01% (23).

FIGURA 3: Distribución del alimento dentro del rumen.
Tomado de: <http://babcock.cals.wisc.edu/downloads/de/01.es.pdf>



La habilidad para degradar sustratos vegetales se debe a la actividad metabólica de un gran número de especies de bacterias, protozoos y hongos. Las poblaciones bacterianas del rumen se han aislado y cultivado en medios anaerobios estrictos desde 1940. En la década de 1980 se identificaron las poblaciones de hongos, que antes se tenían como protozoos ciliados. El número de bacterias ruminales anaerobias, oscila entre 10¹⁰-10¹¹ células por gramo de contenido ruminal y en una menor cuantía anaerobias facultativas 10⁷-10⁸ células por gramo (23). Baldwin et al. (1983) plantea que dos tercios de las bacterias están ubicadas en la pared ruminal (2). Bryant, citado por Yokoyama (1993) ha descrito por lo menos 36 géneros y 63 especies de bacterias ruminales, de las cuales, 16 géneros y 28 especies se consideran importantes en términos del metabolismo animal(23).

Varios autores han clasificado las poblaciones de bacterias del rumen agrupándolas según su morfología, el sustrato que fermentan, el producto final generado en la fermentación o las interacciones con las partículas de alimento. En los años recientes se ha podido evaluar y caracterizar las poblaciones del rumen por medio de la tecnología del ADN (10,11).

Czerkawski y Cheng, citado por Fondevila (1998) clasifican las bacterias en tres subpoblaciones, con base a la interacción con las partículas de alimento: 1) Las vehiculizadas con el fluido ruminal; 2) Las débilmente asociadas con las partículas; y 3) Las firmemente adheridas a dichas partículas. Los dos últimos grupos son el 70-80% de la población (10).

La clasificación con base al ADN permite una mayor exactitud en la identificación de cada género y especie. La secuencia natural de contenidos de guanina citosina a nivel de las poblaciones bacterianas está en un rango de 25%-70% (16). En los últimos años la comparación de la fracción 16S del rRNA ha permitido caracterizar las cepas con mayor exactitud (2).

Yokoyama (1993) clasifica las bacterias del rumen según su morfología, el sustrato que fermentan o los productos que generen esta fermentación. Por su morfología, se sigue el criterio clásico de los tres grupos: cocos, bacilos y espirilos, además de otras características citoplasmáticas específicas, como la adherencia superficial.

Así mismo, reconoce por lo menos diez grupos de bacterias con base en la utilización de celulosa, hemicelulosa, almidones, azúcares, ácidos grasos intermedios, proteínas, lípidos, producción de metano, utilización de péptidos y producción de amonio. En este tipo de clasificación se presenta una superposición entre varias especies de bacterias porque la mayoría son capaces de fermentar varios sustratos(23).

Cuadro 1

Número y volumen de microorganismos en el rumen, por Andrea Montalbetti. Microbiología del Rumen
Tomado de: <http://www.ilustrados.com/publicaciones/EpZyuyAlApvcKniVWu.php>

Grupo	Nº/ml.	Vol. Celular	Biomasa Mg./100ml	Tg	% de biomasa total
Bacterias pequeñas	1×10^{10}	1	1.600	20min.	60-90
Selenomonas	1×10^8	30	300		
Oscillospira flagellates	1×10^6	250	25		
Protozoos ciliados					10-40
Entodinia	3×10^5	1×10^4	300	8h.	
Dashytricha + Diplodini a	3×10^4	1×10^5	300		
Isotricha + Epidinia	1×10^4	1×10^6	1100	36h.	
Hongos	1×10^4	1×10^5		24h.	510

El aumento del número de bacterias en el rumen, está determinado por la disponibilidad de ATP para llenar los requerimientos energéticos para la multiplicación bacteriana y proporciona al hospedador (rumiante) un incremento en la degradación de los sustratos ingeridos; generando gran cantidad de proteína microbiana para la nutrición del rumiante. El ATP es la unidad de medida de energía de los microorganismos ruminales. El ATP en los microorganismos se divide en: el de mantenimiento (MATP) y de producción (YATP).

El MATP es el ATP que se requiere para el crecimiento, la osmoregulación, la molaridad, los recambios de los componentes de la dieta, la producción de proteína extracelular (enzimas) y el transporte activo. El YATP se define como el peso en gramos de células secas que se produce por mol de ATP (12,19,20). El 40-60% de la materia seca de las bacterias son proteína y para el crecimiento bacteriano se requiere mucho YATP (6).

El YATP disponible se evalúa, normalmente sobre la vía fermentativa (7,19). En condiciones aeróbicas, una mol de carbohidratos fermentable produce 36 moles de ATP. En medio anaeróbico se generan cuatro moles de ATP, al convertir la glucosa en AGV por medio de la fermentación de los microorganismos ruminales (19). De acuerdo con los modelos matemáticos, se necesita 3.62 moles de YATP para producir 100g de materia seca microbiana; 28g pueden ser generados por una mol de YATP (6). Por cada 10-12g de pared celular seca se genera un mol de YATP (6), Baldwin et al. (1983) en una revisión bibliográfica realizada, indicaron que se necesita de 25-34g de materia seca para la producción de una mol de YATP. En la fermentación ruminal, una mol de carbohidratos puede producir dos moles de ácido acético o dos moles de piruvato o una mol de butirato. Dos moles de YATP producen una mol de acetato o tres de butirato o tres de propionato y una mol de YATP produce una mol del metano (19). Con bajo pH, el etanol es precursor del ácido láctico generando dos YATP para el crecimiento bacteriano. La generación de este YATP va a depender de la fuente de energía del sustrato (21).

Hungate, citado por Laredo y col. (1996) calculó que la fermentación ruminal puede producir 10g de proteína microbial por cada 100 g. de carbohidratos fermentados (13). La eficiencia de producción de proteína cruda está entre 12-16 g por cada 100g de TDN (Nutrientes Total Digeribles). Carulla y col. (1999) cita a Satter y Slyter quienes concluyen que los niveles óptimos para el crecimiento microbiano in vitro son de 50 mg NH₃/l (5). Leng (1989) plantea que para dietas altas en fibra y bajas en proteína los niveles de amoníaco ruminal deben de ser 200mg/l (19) para alcanzar un máximo crecimiento microbiano. Cuando se dan dietas con sincronía entre las proteínas y las fuentes de carbohidratos comparándola con dietas asincrónicas, la producción de proteína



cruda microbiana se incrementa en un 11-20% (16). Cuando los niveles de amoníaco son bajos, se necesita más YATP para la incorporación de los aa a las proteínas, pero si el amoníaco suministrado en la dieta es alto éste se incorpora sin necesidad de YATP. La tasa de máxima incorporación de amoníaco va de 5 - 8 mg NH₃/100 ml (8).

Chaudry (1998) reporta que a niveles de 15-20 mg NH₃ /100ml se dan las mayores tasas de incorporación de amoníaco (6). Baldwin et al.(1983) afirmaron que la incorporación de aa por parte de las bacterias ruminales, es más del 20% del total de la proteína bacteriana (2). El flujo de proteína cruda microbiana varía de 1.64 a 1.34 Kg/día, con un intermedio de 1.46-1.48 Kg/día dependiendo de la fuente de alimento ingerido por el animal (16).

En el reciclaje de nitrógeno las bacterias y los protozoos juegan un papel importante, asegurando así la continuidad en el crecimiento bacteriano

cuando las dietas son bajas en éste. Wells et al (1996) reportan un estudio utilizando nitrógeno marcado (^{15}N), recuperando éste en el intestino delgado en más del 50%, el resto concluye que es reciclado en el rumen. El *F. succinogenes* se lisa en su fase de crecimiento y esta lisis es independiente de la tasa de crecimiento (22).



Bochi et al. (1999), determinaron que la digestibilidad *in vivo* de los forrajes y la actividad celulolítica bacteriana con diferentes dietas, disminuía cuando las dietas eran altas en concentrado. Ramanzin, citado por Barcena et al. (1994), reporta que al aumentar el consumo de material fibroso se incrementa la digestibilidad de la materia orgánica (3). De igual forma la adhesión bacteriana al sustrato permite una mayor eficiencia de la hidrólisis enzimática y mayor disponibilidad de los productos en la digestión de la pared celular, además de proteger a las bacterias adheridas de la predación de otros microorganismos ruminales, eleva el tiempo de retención bacteriano en el rumen (15, 18, 21). Considerar el tamaño de partícula de forraje suministrada, la naturaleza del alimento fibroso, lleva a manipular la tasa de retención ruminal, incrementando la degradación de la fibra.



Conclusión

Para optimizar este crecimiento de poblaciones microbianas, los investigadores se han basado en fórmulas y modelos matemáticos para saber cuáles son los requerimientos de nitrógeno, péptidos, aminoácidos, fibra y energía que deben de ir en la ración. El reto para los nutricionistas es suministrar forraje verde o seco, combinado con alimentos concentrados en el momento óptimo, en las cantidades necesarias y combinando las diferentes materias primas: almidones de rápida y lenta degradación, proteínas y aditivos para que puedan ser utilizados de manera eficiente por los microorganismos ruminales.



Glosario

ADN: Ácido Desoxiribonucleico. Es el que contiene los diferentes genes.

AGV: Ácidos Grasos Volátiles. Se obtienen después de una fermentación microbiana en el rumen.

ATP: Adenosin Trifosfato. Unidad de medida energética orgánica.

Endosimbiontes: Interacción de los diferentes microorganismos dentro de un organismo mayor.

Fermentación: Proceso por el cual se degradan los diferentes alimentos en el rumen.

Lisis: Rompimiento de la pared celular

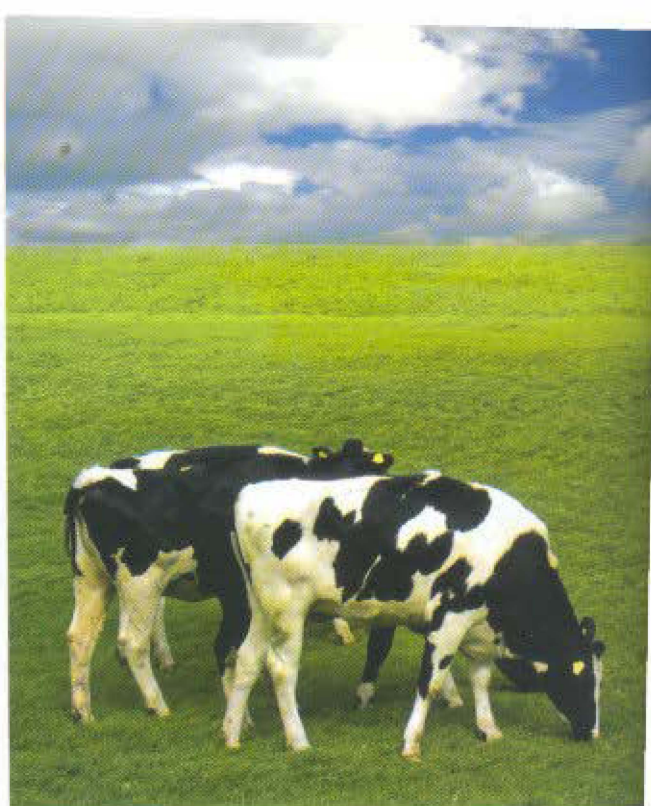
MATP: Cantidad de energía utilizada para el mantenimiento celular.

Mol: Medida llevada a partir del peso molecular.

Osmoregulación: Regulación de dos medios en concentraciones diferentes.

Rumen: Prestómago de los rumiantes donde ocurren los procesos fermentativos. Panza.

YATP: Cantidad de energía utilizada para la producción de biomasa celular.



Bibliografía

1. **ARISTIZABAL J.** Proteína parte I. En : Revista Despertar Lechero. No.16 (1998) ; p. 7-22.

2. **BALDWIN RL; ALLISON, M.J.** Rumen metabolism. In : Journal of animal science. Vol.57, no. 2 (1983); p. 461-477.

3. **BÁRCENA G; Cose, R. ; ROA, M. GONZALEZ, S.** La degradación ruminal del heno de alfalfa y sorgo. En : Agricultura del las Américas. No.226 (1994); p. 12-16.

4. **BAYER A, MORAG, E.; LAMED, R.** The cellulosome- a treasure- trove for biotechnology. In : TIBTECH . Vol. 12, no.9 (1994).

5. **CARULLA J. ; HESS, D. ; PARDO, O. ; GONZALEZ, S.** El uso de la urea sanguínea y/o urea en leche como herramienta para determinar el balance energía proteína a nivel ruminal. Trabajo de investigación. Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia- Universidad Nacional de Colombia. Santa Fe de Bogota. Corpoica.1998 . 12p.

6. **CHAUDHRY, A. S.** Chemical and biological produres to upgrade cereal straws for ruminants. In: Nutrition Abstracts and Reviews (Serie B) . Vol. 68, no.5 (1998) ; p. 319-331.

7. **CHENG KJ, Forsberg CW, Minato H, Costerton JW.** Microbial ecology and physiology feed degradation within the rumen. Physiological aspects of digestion and metabolism in rumiants. In: Proceeding of the seventh international symposium on rumiant physiology. Copyright by Academia Press, 1991. p. 595-625 p.



8. FEBEL H. ; FETEKE, S. Factors influencing microbial growth and the efficiency of microbial protein synthesis: a review. In: Acta veterinaria Hungaria . Vol. 44, no. 1 (1996) ; p. 36-56.

9. FLINT, H. The rumen microbial ecosystem-recent developments. In: Trends in microbiology . Vol.5, no.12 (1997) . P. 483-488.

10. FONDEVILA , M. Procesos implicados en la digestión microbiana de los forrajes de baja calidad. En: Revista Facultad Agronomía LUZ . No.15 (1988) ; p. 87-106.

11. GALINDO, J. ; Elias, A. ; MENCHACA, M; PIEDRA, R. Identificación de bacilos celulolíticos gran- aislados del rumen de vacas que consumen ensilaje. En : Revista Cubana Ciencias Agropecuarias. No.25 (1991) . p. 165-173.

12. KORETSUGU, O. [Et. al.]. Genomic diversity among ruminal isolates of Fibrobacter succinogenes and Prevotella ruminicola. In: Rumen Microbiology Research Team, STAFF-Institute, Tsukuba Japan, 2001.

13. LAREDO M, Anzola H, Cuesta A, Abril A, Rincón M. Manipulación de microorganismos ruminales con diferentes sustratos. En : Revista ACOVEZ. Vol. 21, no.2 (1996) ; p. 4-10.

14. MATHERON C, Delort A, Gaudet G, Liptaj T, Forano E. 13C and 1H of glycogen futile cycling in strains of the genus Fibrobacter. In: Applied and Environmental Microbiology. Vol. 64, no.1 (1998) ; p. 74-81.

15. MOURIÑO, F. R. ; AKKARAWONGSA; WEIMER, P. J. Initial pH as a determinant of cellulose digestion rate by mixed ruminal microorganisms in vitro. In: Journal of dairy science. Vol.84 (2001) ; p. 848-859.

16. NRC. Nutrient requirements of dairy cattle. 7 ed. Washington: National academy press. 2001. 381 p.

17. N.R.C. Nutrient requirements of dairy cattle. 6 ed. Washington: National academy press. 1989.

18. PEGDEN R. S. ; LARSON, R. ; GRANT, J. ; MORRISON, M. Adherence of the Gram-Positive Bacterium Ruminococcus albus to Cellulose and Identification of a Novel Form of Cellulose-Binding Protein Which Belongs to the Pil Family of Proteins. In: Journal of Bacteriology. Vol. 180, no.22 (1998) ; p. 5921-5927 .

19. PRESTON, T. LENG, R. Ajustado a los sistemas de producción pecuario a los recursos disponibles. Consultoría para el desarrollo integrado en el trópico. Cali: Condit, 1989. 250p.

20. SCOOT, M. ; NISBET, D. Effect of direct-fed microbials on rumen microbial fermentation. Symposium: Direct-fed microbial and rumen fermentation. In: Journal of dairy science. Vol. 75 (1992) ; p. 1736-1744.

21. VAN SOEST PJ. Nutrition ecology of the ruminant. Cornell University. Second edition. New York 1994;476p.

22. WELLS JE, Russell JB. Why do many ruminal bacteria die and lyse so quickly?. Simposium: ruminal microbiology. Journal of dairy science 1996; 79:1487-1496 p.

23. YOKOYAMA M, KA Jhonson. Microbiología del rumen y del intestino. En: Fisiología digestiva y nutrición . Ed Church, D.C. Zaragoza: Acribia, 1993;138-156 p.