

**EL MICROBIOMA RUMINAL EN BOVINOS: EFECTOS POR CAMBIOS EN LA DIETA Y SU RELACIÓN CON LA PRODUCTIVIDAD**

***THE RUMINAL MICROBIOME IN BOVINE: EFFECTS OF CHANGES IN DIET AND ITS RELATIONSHIP WITH PRODUCTIVITY***

Juan Steban Rico<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad de Cundinamarca, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Cundinamarca, Sede Fusagasugá, Programa de Zootecnia, Fusagasugá, Cundinamarca, Colombia

\* Autor de correspondencia

Juan Steban Rico Arias, Universidad de Cundinamarca, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Cundinamarca, Sede Fusagasugá, Programa de Zootecnia

## Resumen

Los bovinos producen proteína de origen animal que juega un papel fundamental en la seguridad alimentaria mundial. Este proceso es mediado por el rumen, una cámara de fermentación anaeróbica habitada por un microbioma ruminal complejo, compuesto por bacterias, arqueas, hongos, y protozoos, que se encargan de transformar los carbohidratos estructurales y no estructurales presentes en la dieta en ácidos grasos volátiles (AGV), que son la principal fuente de energía que el bovino utiliza para cubrir sus necesidades. Sin embargo, los cambios bruscos en la dieta pueden alterar la comunidad microbiana ruminal, la digestibilidad y los parámetros productivos, generando serios problemas económicos en los sistemas de producción bovina. Por este motivo, la presente revisión describe la diversidad y la ecología del microbioma ruminal en el bovino; su funcionalidad cuando se produce un cambio en la dieta y cómo se pueden ver alterados varios de los parámetros productivos, como la producción de leche, la ganancia de peso y la eficiencia alimenticia. La comprensión de estos procesos debe ser importante desde el punto de vista del manejo del microbioma ruminal para mejorar la producción de carne o leche. Además, este tipo de revisión puede aportar información relevante para encontrar estrategias alimenticias más eficientes y sostenibles para reducir problemas metabólicos que puedan causar alteraciones en la salud y en la productividad del animal.

Palabras clave: Microbioma, Rumen, Bovino, Dietas y Producción

## **Abstract**

Cattle produce animal protein that plays a fundamental role in global food security. This process is mediated by the rumen, an anaerobic fermentation chamber inhabited by a complex ruminal microbiome, composed of bacteria, archaea, fungi, and protozoa, which are responsible for transforming the structural and non-structural carbohydrates present in the diet into volatile fatty acids (VFA), which are the main source of energy that cattle use to cover their needs. However, abrupt changes in diet can alter the ruminal microbial community, digestibility and productive parameters and cause serious economic problems in bovine production systems. For this reason, this review describes the diversity and ecology of the ruminal microbiome in cattle; its functionality when a change in diet occurs and how several productive parameters can be altered, such as milk production, weight gain and feed efficiency. Understanding these processes should be important from the point of view of ruminal microbiome management to improve meat or milk production. In addition, this type of review can provide relevant information to find more efficient and sustainable feeding strategies to reduce metabolic problems that can cause alterations in the health and productivity of the animal.

Key words: Microbiome, Rumen, Bovine, Diets and Production

## Introducción

El microbioma ruminal tiene una relación simbiótica con el huésped (Bovino) facilitando la fermentación de la fibra, pero este ambiente ruminal se puede ver afectado por las composiciones de las dietas suministradas debido a que los rumiantes no producen enzimas capaces de degradar los alimentos, es aquí donde los microorganismos del rumen actúan (Palmonari et al., 2024). El rumen comúnmente se conoce como una cámara fermentadora anaeróbica debido a la gran variedad de microorganismos que contiene, entre estas bacterias, protozoos, hongos y arqueas (Liu et al., 2021). La principal función del rumen es poder proporcionarle nutrientes al bovino, gracias a la fermentación que realiza, permitiendo que los alimentos ingeridos por el animal sean degradados a partículas más pequeñas y así, como producto obtener ácidos grasos volátiles (AGV) (Matthews et al., 2019), los cuales proporcionan energía, ayudan al desarrollo ruminal y regulan el pH ruminal (Kitkas et al., 2022). El dióxido de carbono ( $\text{CO}_2$ ) e hidrógeno ( $\text{H}_2$ ) son otros productos, pero de desecho (pérdidas de energía), los cuales son utilizados por las arqueas metanogénicas para producir metano ( $\text{CH}_4$ ) como producto final (López et al., 2022).

La mayoría de los sistemas de productivos ganaderos de leche y carne quieren tener mejores rendimientos productivos, pero se encontró que los bovinos en la etapa de ceba (ganancia de peso) y lactancia (litros de leche) en sistemas de estabulación o feedlot no cuentan con un periodo de acostumbramiento a los nuevos alimentos suministrados (Ricci et al., 2022). Un cambio repentino de forraje a una suplementación alta en concentrado, pueden alterar el microbioma ruminal provocando una mayor acumulación de AGV y puede reducir la población de microorganismos responsables de la degradación y fermentación de los carbohidratos estructurales y no estructurales (Ramos et al., 2021), como resultado los bovinos no aprovechan completamente los nutrientes de los alimentos, lo que conlleva a una menor ganancia de peso,

producción de leche y eficiencia alimenticia ocasionando pérdidas económicas en la producción ganadera (Hendawy et al., 2022).

En los bovinos, se ha comprobado que los animales alimentados con forraje tienen una mayor abundancia de bacterias celulolíticas, como *Fibrobacter succinogenes*, *Ruminococcus albus* y *Ruminococcus flavefaciens*, las cuales influyen en la digestibilidad de la fibra mediante la secreción de la celulasa (Gruninger et al., 2019). Durante la fermentación de la fibra se produce un mayor nivel de ácido acético, en comparación con el ácido propiónico, y también estas dietas aportan una mayor actividad de arqueas metanogénicas como *Methanobrevibacter spp* productoras de CH<sub>4</sub> (Macêdo et al., 2022). A nivel de bienestar animal, las dietas ricas en forrajes permiten que el bovino pueda realizar su rumia generando un aumento en la producción de saliva y así se pueda mantener un pH ruminal estable para prevenir posibles trastornos metabólicos, como la acidosis ruminal subaguda (SARA) (Jiang et al., 2019). En cambio, los animales alimentados con concentrado tienen una mayor abundancia de bacterias amilolíticas, como *Bacteroides amylophilus*, *Streptococcus bovis*, *Succinimonas amyolytica* y *Bacteroides ruminicola*, productoras de la enzima amilasa, encargadas de degradar el almidón (Hua et al., 2022). Estas dietas favorecen una fermentación rápida de carbohidratos no estructurales, aumentando la producción de ácido propiónico y disminuyendo la de ácido acético (Macêdo et al., 2022). Sin embargo, si no se manejan los niveles adecuados de concentrado y adaptación de los animales a dietas altas en concentrado, se puede sufrir el riesgo de padecer SARA, un trastorno metabólico que provoca un aumento en la población de *Streptococcus bovis* y *Lactobacillus spp*, bacterias productoras de lactato, que contribuye al descenso del pH ruminal y al desequilibrio microbiano (Chen et al., 2021).

La relación entre la dieta y el microbioma ruminal ha sido objeto de diversos estudios, los cuales evidencian que ciertas prácticas alimenticias pueden impactar negativamente la población de bacterias celulolíticas, fundamentales para la degradación de forrajes. Según Wang (2020), “el

*descenso del pH ruminal en las dietas altas en concentrado impactó negativamente la abundancia relativa del filo Firmicutes, alterando el crecimiento de bacterias celulolíticas como Ruminococcus flavefaciens y Ruminococcus albus*” (p. 14), lo que repercutiría en la salud y productividad del animal. De manera similar, Chen (2021) afirmó que *“los animales alimentados con un nivel de inclusión del 65% de concentrado, presentaron un descenso en el pH ruminal, lo que afectó la abundancia relativa del género Prevotella”* (p. 8), uno de los más predominantes a nivel ruminal y reconocido por su papel en la degradación de proteínas y carbohidratos (Chen et al., 2021). Sin embargo, aún existen vacíos significativos en la comprensión de cómo la dieta afecta la composición y la función ecológica del microbioma ruminal en los sistemas productivos ganaderos. Esto resalta la necesidad de realizar más estudios que aborden la complejidad de estas interacciones microbianas.

En este contexto, la presente revisión tiene como finalidad analizar la importancia del microbioma ruminal de los bovinos y su variación ante la dieta y su impacto en los parámetros productivos de los sistemas de ganadería de carne y de leche. Se realizará un análisis de la diversidad y de la funcionalidad ecológica del microbioma ruminal de bovinos, resaltando el crucial papel de los microorganismos en la digestión de los nutrientes y en la salud del animal. Aprovechando las evidencias investigadas, se evaluarán los efectos de las dietas, de forraje y concentrado, sobre la composición y la funcionalidad del microbioma ruminal y finalmente, se analizarán cómo las variaciones en la identidad y en la función del microbioma ruminal impactan los parámetros productivos como son la producción de leche, la ganancia de peso y la eficiencia en la conversión alimenticia, evidenciando así que un adecuado microbioma ruminal favorece la productividad de los sistemas de ganadería. De esta manera, los hallazgos de la presente revisión ofrecerán materiales prácticos para implementar estrategias alimenticias que sean capaces de modular el microbioma ruminal de manera efectiva, obteniendo una buena salud digestiva y una mejor eficiencia en la conversión de nutrientes. Además, un manejo adecuado de la dieta, ajustado a

las necesidades productivas y respetando el equilibrio microbiano, no solo puede prevenir trastornos metabólicos, sino también garantizar una mejor relación costo-beneficio, contribuyendo a la sostenibilidad de la producción ganadera y minimizando su impacto ambiental.

## **1. Importancia del Microbioma Ruminal en Bovinos**

La razón de por qué se estudia el microbioma ruminal radica en el impacto que tiene en la salud metabólica del bovino y en la necesidad de optimizar la producción de proteína de origen animal, tanto de carne como de leche, productos esenciales para garantizar la soberanía alimentaria. Estas proteínas no solo contribuyen a satisfacer las necesidades nutricionales de la población, sino que también son clave para el desarrollo de sistemas ganaderos más sostenibles y productivos (Myer et al., 2019). Comprender y manejar el microbioma ruminal permite desarrollar estrategias que mejoren la eficiencia en la conversión de los nutrientes dietéticos en productos animales de alta calidad, reduciendo los costos de producción y el impacto ambiental, promoviendo sistemas ganaderos más sostenibles y resilientes (Ahmed y Kumar, 2022). En este contexto, las bacterias, protozoos, hongos y arqueas que habitan en el rumen son los responsables de descomponer y fermentar los nutrientes de los alimentos para que puedan ser absorbidos y utilizados por el animal (Liu et al., 2021). Factores como el tipo de dieta, especialmente los cambios en el contenido de fibra y concentrado, tienen un impacto directo sobre la composición y función del microbioma ruminal, afectando parámetros productivos importantes, como la eficiencia alimentaria, la ganancia de peso y la producción de leche (Kibegwa et al., 2023). Estos cambios en el microbioma pueden afectar la producción de AGV (encargados de suministrar energía y regular el pH ruminal del bovino), con efectos significativos en el rendimiento productivo y el bienestar del animal (Palmonari et al., 2024). También, se puede ver afectada la producción de amoníaco ( $\text{NH}_3$ ), un metabolito esencial para la síntesis de proteína microbiana (Carvalho et al., 2020) y la síntesis de vitaminas del complejo B y vitamina K cruciales

en el metabolismo energético del animal (Liu et al., 2021). Además, el desequilibrio del microbioma ruminal puede provocar a trastornos metabólicos, como el SARA, caracterizado por una disminución del pH ruminal (entre 5,2 a 5,8), lo que afectaría la abundancia relativa de bacterias celulíticas y hemicelulolíticas capaces de degradar la fibra (Sabes, 2020).

El microbioma ruminal desempeña un papel esencial en la digestión de los principales componentes de la dieta de los rumiantes, como el concentrado y la fibra. Las bacterias, arqueas, protozoos y hongos trabajan de manera conjunta para descomponer la fibra presente en los forrajes, mediante la acción de enzimas como la celulasa y hemicelulasa, liberando AGV, esenciales para la producción de energía (Terry et al., 2019). En cambio, las dietas ricas en concentrado son fermentadas principalmente por bacterias amilolíticas, que degradan los carbohidratos solubles en azúcares simples, produciendo ácido propiónico, un precursor clave de la gluconeogénesis (Wang et al., 2023).

La producción de AGV y otros metabolitos esenciales, como  $\text{CO}_2$  e  $\text{H}_2$  se producen a través de la fermentación microbiana realizada por los microorganismos presentes en el rumen, los cuales convierten los carbohidratos estructurales y no estructurales de la dieta en AGV, como acetato, propionato y butirato, que representan la principal fuente de energía para el animal (Zhang, et al., 2020). El acetato es fundamental para la síntesis de grasa de la leche, un indicador clave de la calidad e importancia en la transformación de productos derivados de la leche (Lin et al., 2022). El propionato es el precursor más predominante para la gluconeogénesis hepática que aporta glucosa al bovino y esta ruta se activa cuando el animal tiene bajos niveles de glucosa o tiene una alta demanda energética (lactancia) (Pang et al., 2023). El butirato contribuye al desarrollo y maduración de las células epiteliales ruminales y se metaboliza principalmente en el ciclo de Krebs para la generar energía (Zhan et al., 2022). Los gases de efecto invernadero (GEI), como el  $\text{CH}_4$ , representan un desafío significativo en el calentamiento global, con los bovinos

responsables de aproximadamente el 74,2% de las emisiones de CH<sub>4</sub> dentro de los rumiantes, mientras que cabras y ovejas generan el resto, en total, los rumiantes emiten alrededor de 115 millones de toneladas de CH<sub>4</sub> al año, lo que equivale aproximadamente al 20% de las emisiones globales (Campos et al., 2023). Además, la producción de CH<sub>4</sub> está estrechamente vinculada con la actividad de arqueas metanogénicas, que utilizan CO<sub>2</sub> e H<sub>2</sub>, subproductos de la fermentación microbiana, para generar CH<sub>4</sub> (López et al., 2022).

### **1.1. Cómo se Estudian los Microorganismos Ruminales**

Las funciones del microbioma ruminal no han sido bien descritas y estudiadas debido a que al menos 99% de las bacterias observadas bajo un microscopio no pueden ser cultivadas en condiciones *in vitro* mediante técnicas comunes de laboratorio (Mora, 2019), aun así, hoy en día se pueden estudiar mediante la metagenómica y la metatranscriptómica, ambos se manejan con la bioinformática para poder comprender mejor la fermentación ruminal que realizan los microorganismos (Martínez et al., 2022). La metagenómica es el análisis de los genomas (ADN) presente en una muestra ambiental, permitiendo analizar la composición taxonómica, tanto en las comunidades microbianas cultivables como las no cultivables, y también comunidades microbianas complejas, como la del rumen de los bovinos. Esta técnica avanzada facilita la identificación de las especies microbianas presentes en el rumen y proporciona información clave sobre sus actividades metabólicas (Ghosh et al., 2019). De esta manera, la metagenómica ayuda a entender mejor cómo los microorganismos ruminales contribuyen a los procesos digestivos y a la salud general del animal, aportando conocimiento esencial para mejorar la eficiencia productiva del bovino (Li et al., 2018). Además de la metagenómica, la metatranscriptómica permite estudiar la diversidad de genes activos en una comunidad microbiana, ofreciendo una visión detallada de cómo funciona el microbioma ruminal en su totalidad brindando información sobre los genes que se están transcribiendo, dentro del consorcio microbiano a partir de los

ARNm que se están expresando (Martínez et al., 2022). Este enfoque permite identificar a qué están respondiendo los microorganismos, qué material están degradando y qué metabolitos se podrían estar produciendo a nivel ruminal. Además, esta ciencia compara los transcriptomas para entender cómo responden las comunidades microbianas a diferentes cambios en su entorno, estas observaciones documentan con precisión las transcripciones activas en condiciones específicas, lo que resulta crucial para comprender las funciones metabólicas del microbioma ruminal y optimizar su manejo en sistemas ganaderos sostenibles (Tyagi y Katara, 2024).

Con relación a lo expuesto anteriormente, las estrategias moleculares como la metagenómica y la metatranscriptómica permiten identificar los taxones presentes en el microbioma ruminal, determinar sus abundancias relativas y analizar su actividad dentro de la comunidad microbiana. Con esta información, es posible reconstruir modelos ecológicos que revelan las interacciones entre las especies microbianas, identificando cuáles son más predominantes y cuál es su papel funcional en el ecosistema ruminal. A continuación, se abordarán los taxones microbianos más comunes en bovinos de carne y leche, junto con sus funciones ecológicas dentro del microbioma ruminal.

## **1.2. Taxones más Comunes en los Bovinos de Carne y Leche**

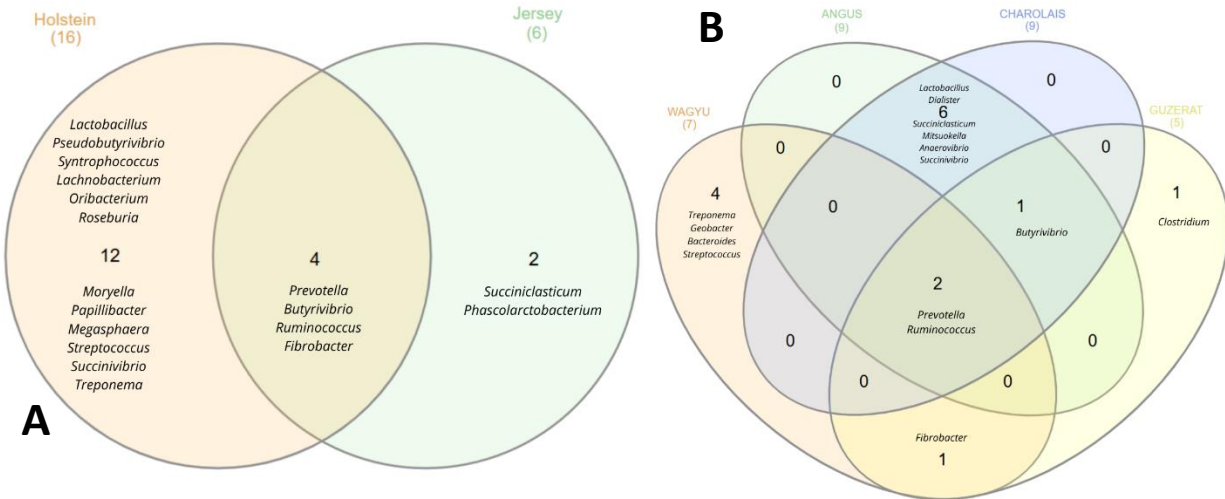
La comunidad microbiana del rumen bovino representa uno de los ecosistemas más diversos y abundantes en el reino animal, aun así, sus funciones ecológicas apenas están siendo esclarecidas, debido a que es un sistema complejo. Este ecosistema está compuesto por una amplia variedad de microorganismos, incluyendo Bacterias ( $10^{10}$  -  $10^{11}$  microorganismos/ml), Arqueas ( $10^8$  -  $10^9$  microorganismos/ml), Hongos ( $10^3$  -  $10^4$  microorganismos/ml) y Protozoos ( $10^5$  -  $10^6$  microorganismos/ml) (Newbold y Ramos, 2020).

A continuación, tras la revisión se logró construir la Tabla 1, la cual detalla los microorganismos más representativos del microbioma ruminal, clasificados por familia, género y, en algunos casos, por especies, de algunas razas bovinas de leche y carne reportados a la fecha. Esta tabla organiza los cuatro grupos principales que componen el microbioma ruminal bovino en diversas razas de carne y leche, con el objetivo de identificar los taxones más reportados y, posteriormente, analizar su función dentro del rumen. Con la construcción de la tabla se logró evidenciar que los microorganismos ruminales son estudiados principalmente a nivel de Género, en los experimentos realizados en las producciones ganaderas de carne y leche. Lo anterior se debe a que la profundidad de la secuenciación de próxima generación (NGS) no permite una aproximación a nivel de especie y además, aún faltan muchos microorganismos nuevos por caracterizar, que pueden identificarse hasta su género taxonómico, puesto que no existe en la actualidad mayor información (Cortés et al., 2020).

Dentro de las bacterias más relevantes, a nivel de Familia se reportaron los grupos *Prevotellaceae*, *Lachnospiraceae*, *Ruminococcaceae* y *Fibrobacteracea* (Li y Guan, 2017; Huang et al., 2020; Pinnell et al., 2022), en cuanto a sus Géneros, en la Figura 1, se destacan *Prevotella*, *Butyrivibrio*, *Ruminococcus* y *Fibrobacter*, mientras que en sus especies más frecuentes se encuentran *Prevotella ruminicola*, *Prevotella bryantii*, *Fibrobacter succinogenes*, *Ruminococcus albus*, *Ruminococcus flavefaciens* y *Butyrivibrio fibrisolvens* (Palmonari et al., 2024).

### **Figura 1**

*Comparación entre los géneros bacterianos reportados en A - razas de leche (Holstein y Jersey) B - razas de carne (Wagyu, Angus, Charolais y Guzerat) (Imagen derivada de la Tabla 1).*

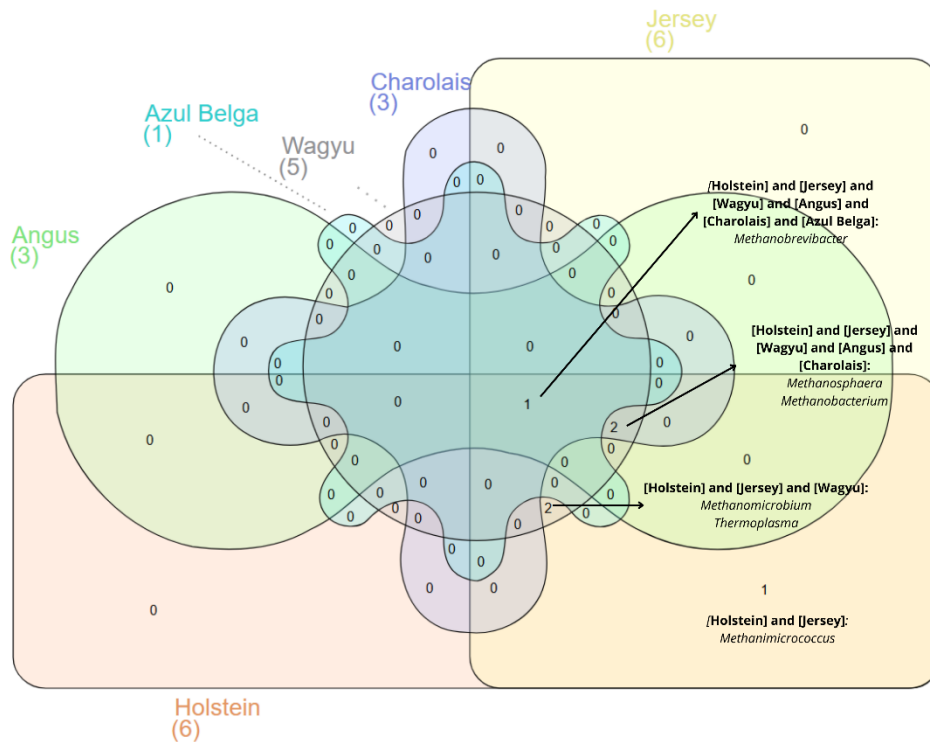


*Nota.* En ambas figuras se observa que los géneros *Prevotella* y *Ruminococcus* son comunes en todos los reportes de consorcios microbianos del rumen. *Prevotella* se especializa en la degradación de proteínas y almidón, mientras que *Ruminococcus* desempeña un rol clave en la descomposición de celulosa y hemicelulosa. La presencia compartida de estas bacterias resalta su papel indispensable en la funcionalidad del microbioma ruminal, cumpliendo funciones esenciales en el ecosistema microbiano, como se discutirá más adelante. La mayor diversidad de géneros reportada en la raza Holstein no necesariamente refleja una mayor complejidad ecológica de su microbioma ruminal, sino que puede atribuirse al hecho de que esta raza ha sido objeto de un mayor número de estudios. Este tema evidencia la necesidad de ampliar las investigaciones hacia otras razas bovinas, ya que es probable que el análisis de sus consorcios microbianos revele una mayor diversidad de especies bacterianas.

En el caso de las arqueas a nivel ruminal, cómo se evidenció en la Figura 2, los Géneros más comunes son *Methanobrevibacter*, *Methanosphaera*, *Methanomicrobium*, *Thermoplasma* y *Methanobacterium*, con especies representativas como *Methanobrevibacter ruminantium*, *Methanobrevibacter gottschalk* y *Methanobrevibacter smithii* (Huws et al., 2018; Silva et al., 2024).

## Figura 2

Comparación entre los géneros de arqueas reportados en razas de leche y de carne. (Imagen derivada de la Tabla 1).

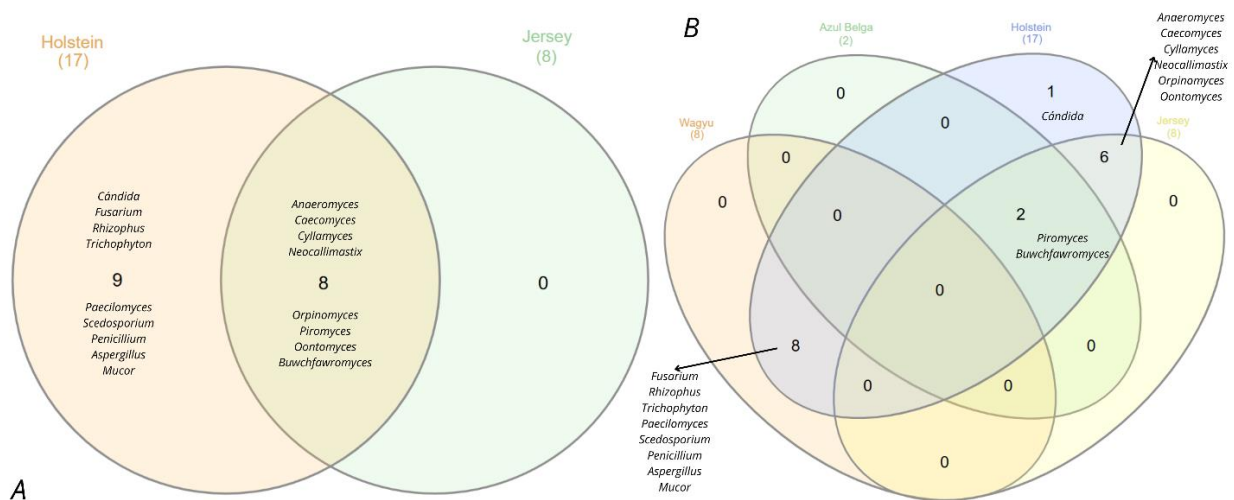


*Nota.* La figura resalta que el género *Methanobrevibacter* es el género de arqueas más frecuente en las diferentes razas bovinas evidenciadas y es el más abundante en el microbioma ruminal. En cambio, los demás géneros se encuentran en una menor abundancia relativa. Este conocimiento resulta especialmente relevante para la investigación, al ser un microorganismo común en todos los consorcios reportados. *Methanobrevibacter* se presenta como un objetivo ideal para modificar la actividad metanogénica por medio de la biología sintética, ya que se podría diseñar un microorganismo capaz de reducir de la producción de CH<sub>4</sub>, generando un menor impacto en las emisiones de gases de efecto invernadero (GEI).

Entre los hongos a nivel ruminal, la Figura 3, destacara los Géneros más predominantes, como *Anaeromyces*, *Caecomyces*, *Cyllamyces*, *Neocallimastix*, *Orpinomyces* y *Piromyces* (Cholewińska et al., 2020).

### Figura 3

Comparación entre los géneros de hongos reportados en **A** - razas de leche (Holstein y Jersey) **B** - razas de carne y leche (Imagen derivada de la Tabla 1).



**Nota.** En la figura A se puede apreciar que los géneros de hongos más predominantes se encuentran en las razas Holstein y Jersey. En la figura B se evidencia que los géneros compartidos entre las razas de Wagyu y Holstein (son 8), así como el caso de los dos géneros compartidas entre Holstein, Azul Belga y Jersey. Aunque los reportes son pocos para establecer algún patrón ecológico entre los consorcios reportados, esta comparación permite identificar que las razas de leche mencionadas (típicas de clima frío), demuestran una mayor diversidad de hongos en el rumen, ya que tienen una mayor disponibilidad de forrajes en su dieta. Por otro lado, las razas de carne mencionadas (típicas de clima cálido), alimentadas con dietas ricas en granos indican una menor diversidad de hongos debido a que las bajas cantidades forraje en la

dieta, repercute el crecimiento de hongos especializados en la degradación de la pared celular del forraje.

Finalmente, los protozoos más frecuentes a nivel ruminal, son los Géneros *Entodinium*, *Dasytricha*, *Diplodinium*, *Endiplodinium*, *Epidinium* y *Isotricha* los cuales se podrán evidenciar en la Figura 4 (Zhao et al., 2024).

#### Figura 4

Comparación entre los géneros de protozoos reportados en **A** - razas de leche (Holstein y Jersey) **B** - razas de carne (Wagyu, Angus, Charolais y Azúl Belga) (Imagen derivada de la Tabla 1).



**Nota.** Las figuras revelan que los géneros *Epidinium* y *Dasytricha* destacan como los protozoos más prevalentes en el microbioma ruminal. Ambos contribuyen significativamente a la digestión y fermentación de la fibra y el almidón, además influyen en la producción de CH<sub>4</sub>. En futuras investigaciones, sería crucial profundizar en las capacidades metabólicas específicas de estos géneros y los demás para evaluar su papel dentro de los consorcios microbianos, asociados con los sistemas de producción de carne y leche.

### 1.3. Ecología Funcional del Microbioma Ruminal

La ecología funcional del microbioma ruminal permite comprender cómo los taxones más abundantes contribuyen al equilibrio del ecosistema ruminal. Aunque una aproximación taxonómica ayuda a identificar especies presentes y sus funciones metabólicas reportadas, esto no es suficiente, ya que es crucial analizar los nichos ecológicos que ocupan y cómo factores como la raza, la dieta, manejo y otros influyen en su composición (Zhao et al., 2024). Este enfoque nos permite identificar funciones clave dentro del sistema ruminal y las especies responsables, aportando información fundamental para mejorar la productividad y salud de los bovinos.

Dando continuidad al análisis de los taxones más comunes y su relevancia en el microbioma ruminal, se toma la iniciativa de empezar a hablar sobre los géneros más predominantes de cada grupo microbiano y de sus funciones ecológicas que desempeñan dentro del ecosistema ruminal bovino de carne y leche. En las bacterias el género *Prevotella* representa hasta un 70% de la población bacteriana ruminal (McCann et al., 2014; Pitta et al., 2014), siendo abundante en bovinos alimentados con dietas ricas en concentrado, e incluye varias especies, como *Prevotella ruminicola*, *Prevotella brevis*, *Prevotella bryantii* y *Prevotella albensis* especializadas en la degradación de proteínas y almidón (Deusch et al., 2017). Sin embargo, otros géneros como *Butyrivibrio*, *Ruminococcus* y *Fibrobacter* son encontrados en bovinos que consumen dietas ricas en forrajes, y las principales bacterias responsables de la degradación de la celulosa y hemicelulosa a nivel ruminal son *Butyrivibrio fibrisolvens*, *Ruminococcus albus*, *Ruminococcus flavefaciens* y *Fibrobacter succinogenes* (Palmonari et al., 2024). En cuanto a las arqueas, representan menos del 4% de la comunidad microbiana ruminal (Matthews et al., 2019). *Methanobrevibacter* es el género de arqueas más abundante en el rumen, representando cerca del 65,4% (Lee et al., 2020), sus especies son las principales productoras de CH<sub>4</sub> a partir de la vía Hidrogenotrófica, utilizando CO<sub>2</sub> y H<sub>2</sub> como sustratos, generados por los demás microorganismos del rumen (Tapio et al., 2017; Huws et al., 2018). Por otro lado, los hongos

representan del 8% al 12% de los microorganismos del rumen (Matthews et al., 2019), su gran diversidad de enzimas (celulolíticas, hemicelulolíticas, glucolíticas y proteolíticas) permiten descomponer las paredes celulares de la fibra, aunque su población se puede ver afectada con la adición de concentrado en la dieta de los bovinos (Palmonari et al., 2024; Cholewińska et al., 2020). Por último, en los protozoos, el género más predominante es el *Entodinium*, representando entre el 52% y el 73% de la comunidad ruminal (Matthews et al., 2019; Park et al., 2020), estos microorganismos no solo influyen en la digestión y fermentación del almidón, reduciendo el riesgo de SARA (Zhao et al., 2024; Palmonari et al., 2024), sino que también contribuyen entre 30% a 40% de la digestión total de la fibra (Silva et al., 2024).

A continuación, se mencionarán las principales especies bacterianas que componen el microbioma ruminal bovino según el tipo de sustrato que fermentan. Es importante destacar que, aunque el microbioma ruminal incluye diversos grupos microbianos, como arqueas, hongos y protozoos, las bacterias son las más estudiadas debido a su abundancia, diversidad y papel predominante en la fermentación ruminal, lo cual ha permitido identificar con mayor detalle sus funciones metabólicas, las cuales son fundamentales para la degradación de los macronutrientes (Haro et al., 2022).

**Especies Bacterianas Degradadoras de la Celulosa y Hemicelulosa:** Ambos predominan en bovinos alimentados con dietas ricas en forrajes, respecto a la celulosa, varios microorganismos anaeróbicos, como *Bacteroides succinogenes*, *Ruminococcus flavefaciens*, *Ruminococcus albus* y *Butyrivibrio fibrisolvens*, son responsables de su hidrólisis. En cambio, la degradación de la hemicelulosa, es realizada por especies, como *Butyrivibrio fibrisolvens*, *Bacteroides ruminicola* y *Ruminococcus spp*, que secretan de la enzima hemicelulasa para descomponer este polisacárido (Weimer, 2022).

**Especies Bacterianas Degradadoras de la Pectina y Almidón:** La pectina es degradada por especies bacterianas productoras de la enzima pectinasa, entre estas especies destacan *Butyrivibrio fibrisolvens*, *Bacteroides ruminicola*, *Lachnospira multiparus*, *Succinivibrio dextrinosolvens*, *Treponema bryantii* y *Streptococcus bovis*, encargadas de degradar la pectina de los forrajes (Deng et al., 2023). En animales que consumen dietas ricas en almidón, destacan especies, como *Bacteroides amylophilus*, *Streptococcus bovis*, *Succinimonas amylolytica* y *Bacteroides ruminicola*, secretoras de la enzima amilasa, encargada de degradar el almidón en azúcar (Hua et al., 2022).

**Especies Bacterianas Degradadoras de Proteínas y Lípidos:** Las especies bacterias, como *Bacteroides amylophilus*, *Bacteroides ruminicola*, *Butyrivibrio fibrisolvens* y *Streptococcus bovis*, producen la enzima proteasa, encargada de romper los enlaces peptídicos de las proteínas (Alvarado y Granja, 2021). En cuanto a los lípidos, especies bacterias como *Anaerovibrio lipolytica* y *Butyrivibrio spp*, producen la enzima lipasa, encargada de hidrolizar los triglicéridos en ácidos grasos y glicerol, contribuyendo a la descomposición de lípidos (Kim et al., 2020).

**Especies Bacterianas Fermentadoras de Azúcar y Productoras de AGV:** En animales alimentados con dietas ricas en cereales o forrajes con alto contenido de azúcares, se destacan especies, como *Treponema bryantii*, *Lactobacillus vitulinus* y *Lactobacillus ruminis*, capaces de fermentar azúcares en el rumen (Wang et al., 2020). En animales alimentados con dietas ricas en almidón, se destacan especies, como *Megasphaera elsdenii* y *Selenomonas ruminantium*, estas realizan la fermentación secundaria de los productos finales de otras bacterias del rumen. Entre estos ácidos se incluyen el lactato, que puede ser fermentado hasta acetato y el succinato, que puede ser convertido en propionato (Cabral y Weimer, 2024).

**Amoniogénesis y Metanogénesis:** En el rumen, el  $\text{NH}_3$  es un producto de la desaminación de aminoácidos y de la hidrólisis de la urea, este proceso es realizado por especies bacterianas, como *Bacteroides ruminicola*, *Megasphaera elsdenii* y *Selenomonas ruminantium*, las cuales desempeñan un papel esencial en la síntesis de proteínas microbianas (Cabral y Weimer, 2024).

Las arqueas metanogénicas, como *Methanobrevibacter ruminantium*, *Methanobacterium formicicum* y *Methanomicrobium mobile*, utilizan CO<sub>2</sub> y H<sub>2</sub>, subproductos de la fermentación microbiana, para producir CH<sub>4</sub> (Pereira et al., 2022).

## **Función Ecológica De Los Hongos y Protozoos**

Siguiendo el contexto de la ecología funcional del microbioma ruminal, los hongos han sido ampliamente desatendidos por los investigadores, ya que solo se centran en las bacterias. Estos microorganismos anaeróbicos cuentan con una gran diversidad de enzimas (celulolíticas y hemicelulolíticas) especializadas en la degradación de la fibra vegetal, desempeñando un papel clave en la digestión de carbohidratos estructurales (Azad et al., 2020). Sin embargo, su riqueza y diversidad en el rumen puede verse afectada por dietas ricas en granos; a pesar de esto, ciertos géneros de hongos, como *Neocallimastix*, *Piromyces* y *Feramyces*, han mostrado capacidad para adaptarse e incluso proliferar en dietas con altos niveles de concentrados (Hartinger y Zebeli, 2021).

En cuanto a los protozoos del rumen son reconocidos por su capacidad para degradar fibras, además de participar activamente en la producción de CH<sub>4</sub>. Su papel en la metanogénesis radica en la generación de hidrógeno como subproducto de su metabolismo, el cual es utilizado por las arqueas metanogénicas para sintetizar CH<sub>4</sub> (Solomon et al., 2022). Sin embargo, investigaciones han demostrado que la ausencia de protozoos en el rumen puede reducir significativamente las emisiones de CH<sub>4</sub> (Levy y Jami, 2018). Además, estos protozoos se agrupan en dos categorías principales: entodiniomorfos e isotriquidos. Estudios recientes indican que los isotriquidos alojan comunidades metanogénicas diferentes a las de los entodiniomorfos y tienen un impacto más relevante en la producción de CH<sub>4</sub> en el rumen (Dai et al., 2022).

La comunidad microbiana del rumen bovino está organizada en nichos ecológicos específicos como los mencionados anteriormente, que se corresponden con las diferentes funciones metabólicas necesarias para la degradación y fermentación de los diversos componentes de la dieta, como la celulosa, hemicelulosa, pectina, almidón, proteínas y lípidos (Weimer, 2022). Estas funciones no solo proporcionan los nutrientes esenciales para el animal, sino que también permiten la síntesis de compuestos bioactivos como los AGV y el  $\text{NH}_3$ . A través de la interacción sinérgica entre bacterias, arqueas y otros microorganismos, el rumen se mantiene como un ecosistema eficiente para la digestión y la conversión de nutrientes complejos en compuestos aprovechables para el animal, mientras se regula meticulosamente en una red trófica que circula los desechos de algunos microorganismos como sustratos nutricionales para otros (Kansagara et al., 2022). De tal manera, aún existen muchos vacíos en el conocimiento de la diversidad funcional y ecología del microbioma ruminal, debido a esto, la siguiente revisión se basará fundamentalmente en las bacterias ruminales.

#### **1.4. Fermentación a Nivel Ruminal**

Una vez identificados los taxones predominantes del microbioma ruminal y sus roles generales en la dinámica del ecosistema, es momento de profundizar en los procesos fisiológicos y ecológicos que realizan los microorganismos dentro del rumen, ya que permiten la degradación y transformación de los alimentos en nutrientes aprovechables (Liu et al., 2021).

Los procesos fermentativos realizados por los microorganismos a nivel ruminal requieren de condiciones ambientales específicas, entre estas condiciones se encuentran la disponibilidad de sustratos fermentables (ya mencionados en este texto), una temperatura cercana a los  $37^\circ\text{C}$ , un pH ruminal adecuado (alrededor de 6,6 a 6,9), y un potencial de oxidación-reducción negativo, que oscila entre -250 a -450 mV, entre otros factores (Klein, 2014). El mantener estas condiciones

garantiza el crecimiento y funcionamiento óptimo del microbioma ruminal. Además, estos procesos fermentativos son muy importantes, ya que los productos de desecho que produce una especie microbiana a menudo sirven como sustrato para otras, estableciendo relaciones sinérgicas dentro del consorcio ruminal (Kansagara et al., 2022). Ejemplo de lo anterior es el caso de las arqueas metagenómicas, que son uno de los principales sumideros de electrones en el rumen, debido a que el  $H_2$  producido de la fermentación de la fibra se acumula y es eliminado, a través de la metanogénesis (Greening et al., 2019). Por ejemplo, bacterias celulolíticas, como *Ruminococcus albus* y *Ruminococcus flavefaciens*, en condiciones *in vitro*, logran aumentar la producción de energía en presencia de arqueas metanogénicas que se consumen el hidrógeno (Mizrahi et al., 2021).

A parte de la fermentación de los carbohidratos que realizan los microorganismos a nivel ruminal, existen otras rutas metabólicas cruciales, como la de proteínas y lípidos. El metabolismo de las proteínas es llevado a cabo principalmente por bacterias proteolíticas, como *Bacteroides amylophilus*, *Bacteroides rumenicola* y *Butyrivibrio fibrisolvens* (Alvarado y Granja, 2021). Estas bacterias producen la enzima proteasa, encargada de hidrolizar los enlaces peptídicos de las proteínas, descomponiéndolas en aminoácidos (Arias et al., 2020). Posteriormente, estos aminoácidos serán desaminados dando como producto final el  $NH_3$  que será utilizado por bacterias ruminales para la síntesis de proteína microbiana (Carvalho et al., 2020), o puede ser reciclado por el hígado para convertirlo en urea (Hailemariam et al., 2021). En cuanto al metabolismo de los lípidos, es realizado por bacterias lipolíticas, como *Anaerovibrio lipolytica* y *Butyrivibrio spp*, estas bacterias producen la enzima lipasa, responsable de hidrolizar los triglicéridos en glicerol y ácidos grasos (Kim et al., 2020). El glicerol viaja a través de la sangre para llegar al hígado y dar paso a la gluconeogénesis para obtener glucosa (Kupczyński et al., 2020). Mientras que los ácidos grasos son catabolizados mediante el proceso de la  $\beta$ -oxidación hasta ser convertidos en moléculas de Acetil-coA, que ingresaran al ciclo Krebs y se oxidaran

para obtener como producto final adenosín trifosfato (ATP), la principal fuente de energía celular (Alan y Scorrano, 2022).

Dando continuidad a los procesos fermentativos, tenemos que la relación energía:proteína (E:P) en los rumiantes es un tema complejo de comprender debido a la gran cantidad de interacciones a nivel ruminal, provocando desafíos a los nutricionistas en la comprensión de los resultados experimentales relacionados con el metabolismo energético, incluyendo la absorción, el metabolismo y uso de AGV, y las respuestas que dan los animales respecto a la manipulación del aporte de energía y proteína en la dietas (Meehan et al., 2021). Principalmente la energía proviene de la fermentación de carbohidratos, produciendo AGV para el animal. En cambio, los péptidos (proteínas) se degradan en  $\text{NH}_3$ , que es utilizado por las bacterias ruminales para sintetizar proteína microbiana, como se mencionó anteriormente (Haro, 2024). Así mismo, es fundamental mantener un balance adecuado entre la relación E:P para asegurar la productividad óptima del animal. Cuando la relación E:P se encuentran equilibrada, la energía se destina al crecimiento celular y los péptidos se encargarán de la síntesis de proteína microbiana (Klein, 2014). Sin embargo, un exceso de energía respecto a la proteína puede afectar la síntesis de proteína microbiana, desviando la energía hacia el mantenimiento celular, en tales casos, es necesario suplementar la dieta de los animales con fuentes proteicas para corregir el desbalance (Franco et al., 2021). Por otro lado, si la cantidad de proteína es mayor que la energía, los microorganismo ruminales recurren a los péptidos para cubrir sus necesidades energéticas en lugar de sintetizar la proteína microbiana, en esta situación, se recomienda la suplementación de concentrados o cereales para cubrir el déficit energético (Monteiro y Faciola, 2020).

La degradación ruminal también juega un papel crucial en los procesos fermentativos, ya que está directamente vinculada con la velocidad de fragmentación de las partículas alimenticias. Cuando el bovino consume alimentos con partículas grandes y que son difíciles de degradar a

nivel ruminal, se genera un proceso digestivo conocido como la rumia, el cual el animal regurgita el alimento ingerido, lo vuelve a masticar y mezclar con la saliva, para luego ser tragado y así, facilitar su fragmentación y reducir el tamaño de partículas, de esta forma los microorganismos ruminales podrán degradar mejor los alimentos (Sauvant, 2020). De tal manera, las fibras altamente digestibles se fragmentan rápidamente, mientras que las fibras de baja digestibilidad permanecen más tiempo en el rumen y tardan más en fragmentarse, lo que genera reducciones en la fermentación viéndose reflejada en la lenta liberación de AGV (energía), este tiempo adicional repercute la productividad de los bovinos, como la síntesis de la leche, ya que el animal tiene que consumir mayores cantidades de alimento para poder cubrir sus requerimientos energéticos (Weimer, 2022). Aunque, las fibras de baja digestibilidad no son responsables de la producción de ácido láctico, su prolongada fermentación puede aumentar la actividad de las bacterias (*Streptococcus bovis* y *Lactobacillus spp*) productoras de ácido láctico, provocando acidificación del rumen y aumentar el riesgo de SARA (Kovács et al., 2020). Por otro lado, este tipo de fibras de baja digestibilidad genera una mayor actividad de arqueas metanogénicas productoras de CH<sub>4</sub> debido al tiempo extenso de la fermentación de la fibra que se realizan a nivel ruminal (Haro et al., 2022). La pérdida de energía producto del CH<sub>4</sub> conlleva a disminución en la tasa de ganancia de peso, afectando el crecimiento y desarrollo muscular (Benaouda et al., 2023). Esto permite aclarar que se deben suministrar forrajes de buena calidad en la dieta de los bovinos para optimizar su productividad, o poder ajustar la relación forraje-concentrado para compensar la baja disponibilidad de energía de los forrajes de baja calidad.

## **2. Efectos en el Microbioma Ruminal por Cambios en la Dieta de Forraje y Concentrado**

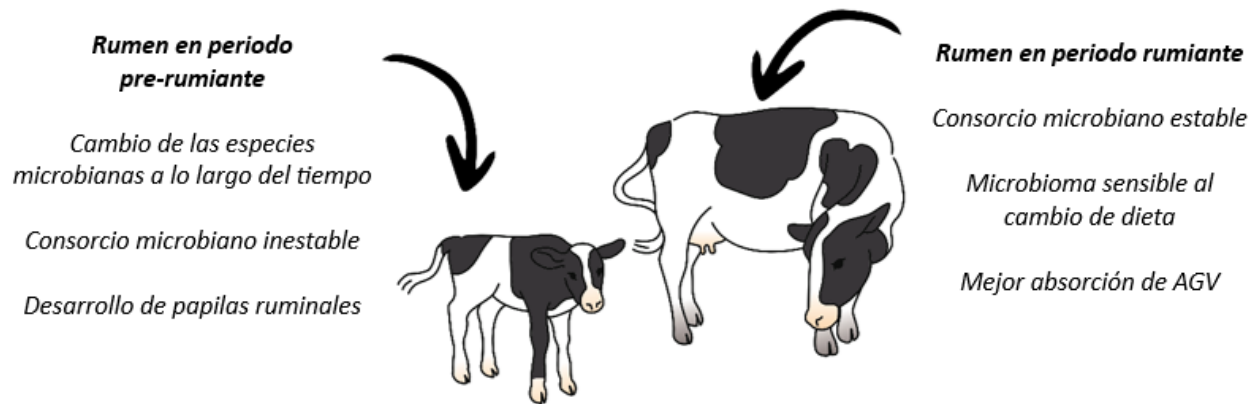
Los sistemas productivos de carne y leche realizan ajustes constantes en las dietas para equilibrar la productividad, salud y sostenibilidad de la producción. En las ganaderías de leche, las dietas suelen ser ricas en concentrados, diseñadas para satisfacer las altas demandas

energéticas de las vacas en lactancia, mientras que, en las ganaderías de carne, se priorizan dietas que maximicen la ganancia de peso y promuevan un engorde eficiente (Federiconi et al., 2024). Por ello, ajustar las dietas según los requerimientos nutricionales del animal, es clave para optimizar la población de microorganismos ruminales, los cuales pueden reducir costos de producción y minimizar impactos ambientales.

El desarrollo del microbioma ruminal comienza desde las primeras etapas de vida del ternero y está estrechamente ligado a su maduración digestiva y a los cambios en su dieta (Rosenboom, 2022). En terneros pre-rumiantes, se pudo evidenciar que el filo con mayor abundancia relativa fue *Bacteroidetes* (59-65%), seguido de *Firmicutes* (28-31%) en el fluido ruminal (Lourenco et al., 2019). Sin embargo, durante la transición de una dieta basada en leche o sustitutos lácteos hacia alimentos sólidos convencionales, se producen cambios significativos en la composición del microbioma ruminal, como se evidenció en la Figura 5. En esta etapa inicial, la población microbiana es baja, pero se estabiliza progresivamente hasta alcanzar poblaciones microbianas propias de un rumen adulto (Tan et al., 2021). Además, esta fase de transición representa una oportunidad significativa, para poder intervenir de manera artificial, suministrando alimentos sólidos, como el concentrado antes del destete (Elizondo y Monge, 2019), ya que el alimento sólido se mezcla con la saliva y pasa al rumen para ser degradado por los microorganismos, esto favorece el crecimiento de las papilas ruminales, permitiendo una mejor absorción de los AGV generados durante la fermentación, mientras que la leche que toma el ternero pasa directamente al abomaso a través de la gotera esofágica (Nemocón et al., 2020).

## **Figura 5**

*Características de la comunidad microbiana del rumen en el período pre-rumiante y rumiante*



Tras abordar el desarrollo del microbioma ruminal en terneros, resulta esencial analizar cómo los cambios en la dieta impactan la composición microbiana y los procesos fermentativos en etapas posteriores de la producción. En 2021, Chen y otros autores realizaron un estudio para evaluar la relación entre el forraje y el concentrado en 90 bovinos de la raza Angus, demostrando que un alto contenido de concentrado puede afectar el microbioma ruminal, llevando a cambios en la población de microorganismos ruminales (p. 2, 5). Este estudio evidenció que dietas con alta proporción de concentrado, aunque mejoran la digestibilidad de nutrientes y promueven una mayor ganancia de peso, incrementan el riesgo de SARA. Este trastorno metabólico provoca un aumento en la población de *Streptococcus bovis* y *Lactobacillus spp* bacterias productoras de lactato, que contribuye al descenso del pH ruminal y al desequilibrio microbiano. Sus síntomas más frecuentes son: pérdida de apetito, diarrea y pérdida de condición corporal. A nivel microbiano, los filos bacterianos predominantes en el rumen de estos bovinos fueron *Firmicutes* y *Bacteroidetes*, los cuales representaron cerca del 90% de la población bacteriana. Además, se observó que dietas con un 65% de concentrado favorecieron una mayor abundancia de *Firmicutes* en comparación con *Bacteroidetes* y *Fibrobacter*. De esta manera, el género *Prevotella*, uno de los más abundantes en el rumen y conocido por su papel en la degradación de proteínas y carbohidratos, experimentó una disminución en su población debido al descenso del pH ruminal asociado con el alto contenido de concentrado en la dieta (Chen et al., 2021).

Continuando con el impacto de las dietas en el microbioma ruminal, en 2020, Wang y otros autores realizaron un estudio donde se evaluó los cambios en la composición bacteriana del microbioma ruminal durante el ciclo de alimentación en vacas Holstein. El experimento incluyó seis vacas Holstein canuladas ruminalmente, con una edad promedio de  $3,25 \pm 0,25$  años y un peso de  $563 \pm 22$  kg, sometidas a dos tratamientos dietéticos: una dieta alta en forraje (70% MS) y una dieta alta en concentrado (30% MS) (p. 2). En este experimento se observó que la abundancia relativa del filo *Bacteroidetes* fue significativamente mayor en las vacas alimentadas con la dieta alta en forraje, promoviendo la diversidad microbiana ruminal, mientras que la dieta alta en concentrado promovió un incremento del filo *Firmicutes*, destacando la actividad del género *Succinivlasticum*, especializado en la fermentación de succinato para producir propionato, un AGV esencial para la producción de energía en los rumiantes. Sin embargo, el descenso del pH ruminal en las dietas altas en concentrado impactó negativamente la abundancia relativa de *Firmicutes*, alterando el crecimiento de bacterias celulolíticas, como *Ruminococcus flavefaciens* y *Ruminococcus albus* (Wang, et al., 2020).

### **3. Cambios en los Parámetros Productivos**

Tras la revisión, se identificaron la ganancia de peso, la producción de leche y la eficiencia alimentaria como los parámetros productivos más influenciados por los cambios en el microbioma ruminal (Fregulia et al., 2021; Huuki et al., 2022; Lilian et al., 2023). Estos efectos están directamente relacionados con las dietas basadas en forrajes y concentrados, lo que subraya la importancia de optimizar la alimentación para maximizar la productividad y preservar la salud del animal. Aun así, siguen existiendo vacíos relacionados con cifras que demuestren como los parámetros productivos mencionados anteriormente se ven afectados por los cambios en el microbioma ruminal.

### 3.1. Ganancia de Peso

En bovinos de carne, la dieta tiene un impacto directo sobre la composición microbiana ruminal, lo que a su vez afecta la ganancia de peso. El aumento de concentrado en la dieta favorece el crecimiento de bacterias amilolíticas del género *Succiniclasticum*, especializadas en la fermentación de succinato para producir propionato, principal sustrato gluconeogénico para la síntesis de energía en el hígado (Omontese et al., 2022). Un estudio en china con 18 novillos de la raza Simmental ejecuto dos tipos de tratamiento, T1 (concentrado 40% y forraje 60%) y T2 (concentrado 60% y forraje 40%), en donde se evidencio que los animales del T2 ganaron 22 kg (GPD de 0,62 kg) y los animales del T1 ganaron 15 kg (GPD de 0,42 kg) todo esto durante 35 días (Liu et al., 2020). Algo similar se encontró en un experimento realizado en el municipio de Tello (Huila), donde suplementaron con diferentes niveles de concentrado a 36 machos bovinos. Los animales del T1 (85% forraje y 15% concentrado) tuvieron una GDP de 0,55 kg, mientras que el T4 (55% forraje y 45% concentrado) tuvo una GDP de 0,67 kg, demostrando que los animales tuvieron una mayor ganancia de peso con niveles altos de concentrado (45%) (González et al., 2021). Sin embargo, si no se manejan los niveles adecuados de concentrado, se puede sufrir el riesgo de padecer SARA, y se presenciarían signos como inapetencia, diarrea y pérdidas en la ganancia de peso (Sabes, 2020). Además, se vería afectada la abundancia de bacterias celulolíticas, como *Fibrobacter succinogenes*, *Ruminococcus albus* y *Ruminococcus flavefaciens*, las cuales influyen en la digestibilidad de la fibra mediante la secreción de la celulasa (Gruninger et al., 2019).

### 3.2. Producción de Leche

En vacas lecheras, el microbioma ruminal también influye en la producción de leche, ya que las bacterias celulolíticas, como *Fibrobacter succinogenes*, *Ruminococcus albus* y *Ruminococcus*

*flavefaciens*, producen ácido acético producto de la fermentación de la fibra, este metabolito es clave para la lipogénesis encargada de la síntesis de la grasa de la leche (Matamoros et al., 2022). Aun así, en lecherías especializadas se proporcionan dietas altas de concentrado para incrementar la producción de leche de los animales, ya que este tipo de dietas favorece la abundancia relativa de bacterias como *Prevotella*, un género predominante a nivel ruminal, asociado con la degradación de proteínas y carbohidratos (Betancur et al., 2022). Un estudio en Cajamarca determino que suministrar 3 kg/vaca/día de concentrado durante el primer tercio de lactancia, la producción incrementará 5 litros de leche/vaca/día, teniendo en cuenta que manejaron una relación de 1:5 (1 Kg de concentrado por cada 5 litros de leche a producida) (Niño, 2021). Sin embargo, un exceso de concentrado favorece el crecimiento de bacterias amilolíticas, como *Streptococcus bovis* y *Lactobacillus spp*, productoras de lactato, capaces de reducir drásticamente el pH ruminal, provocando SARA (Chen et al., 2021), este trastorno metabólico afecta a un 20-40% de los hatos lecheros de alta producción del mundo (Portela, 2020). En un estudio se evidencio que SARA influye en la producción de leche. Las vacas sanas producían en promedio 9,9 litros/día de leche, pero debido a este problema metabólico, su producción disminuyo 1,7 litros. Además, el porcentaje de grasa en la leche se redujo de 3,8% a 2,8% (Boghian, 2021). Por lo tanto, para prevenir estas alteraciones negativas, se recomienda mantener un mínimo del 40% de fibra en la dieta y evitar cambios drásticos en la alimentación, con periodos adecuados de adaptación dietética (Zhao et al., 2024).

### **3.3. Eficiencia Alimentaria**

La eficiencia alimentaria, está relacionada entre la cantidad de alimento ingerido y el aumento de peso o producción de leche, la cual se encuentra vinculada a la composición microbiana del rumen. Según la calidad del forraje podremos determinar qué tan digestibles y eficientes son a nivel ruminal, ya que forrajes de alta calidad, con bajas cantidades de celulosa y hemicelulosa,

son fácilmente digeridos en el rumen por bacterias del género, *Ruminococcus*, *Butyrivibrio* y *Bacteroides* (Gharechahi et al., 2020). Por el contrario, forrajes de baja calidad, ricos en carbohidratos estructurales, presentan una digestibilidad limitada, lo que incrementa las emisiones de CH<sub>4</sub> y reduce la eficiencia alimentaria. Este efecto está asociado con una mayor actividad de arqueas metanogénicas como *Methanobrevibacter spp* (Eugène et al., 2021). En comparación, las dietas ricas en concentrado ofrecen un mayor aporte energético, ya que bacterias amilolíticas del género *Succiniclasticum*, fermentan el succinato para producir propionato, lo que las convierte en una opción clave para complementar los sistemas productivos ganaderos (Omontese et al., 2022). Sin embargo, un exceso de concentrado puede comprometer la diversidad microbiana, provocan una caída significativa del pH ruminal, viéndose afectada la digestión que realizan las bacterias celulolíticas y hemicelulolíticas, tales como *Butyrivibrio fibrisolvens*, *Bacteroides spp* y *Ruminococcus spp* (Zhang et al., 2020).

## DISCUSIÓN

Según la revisión se demostró que el microbioma ruminal es una comunidad compleja y dinámica de microorganismos, los cuales desempeñan roles específicos en la fermentación y digestión de los alimentos. El metabolismo es otro factor clave en la relación simbiótica entre el bovino y el microbioma. A pesar de que existen estudios como la metagenómica y la metatranscriptómica capaces de identificar los taxones y funciones microbianas presentes en el rumen (Xue et al., 2022). Se observó que son pocos los estudios que han analizado las bacterias, arqueas, hongos y protozoos en conjunto, pues la mayoría se basan en las bacterias (Park et al., 2020). *Bacteroidetes* y *Firmicutes* son los principales filos bacterianos constituyendo cerca del 90% de la población bacteriana y se encargan de descomponer los carbohidratos estructurales y no estructurales (Stockler et al., 2022). Además, *Prevotella* y *Ruminococcus* son los géneros bacterianos más abundantes a nivel ruminal en animales que consumen dietas con forrajes y concentrados (Zhao et al., 2024).

Se sabe que los cambios repentinos en la dieta, como la transición de forrajes a concentrados, pueden modificar la composición del microbioma y disminuir el pH ruminal, lo que podría generar trastornos metabólicos (Sabes, 2020). Se estima que entre el 19% y el 26% de las vacas en lactancia pueden expresar SARA, por suplementar concentrado con más del 30% en la dieta de los animales (Szenci et al., 2020). La rápida fermentación del concentrado provoca una disminución del pH ruminal alterando la diversidad microbiana y disminuyendo la abundancia de bacterias celulolíticas, afectando la digestión de la fibra y producción de AGV (Ramos et al., 2021). Lo anterior se pudo evidenciar en un estudio en China con bovinos de engorde, donde suministraron un nivel de inclusión del 60% en concentrado, provocando una mayor producción de propionato y una disminución del género *Prevotella* por el bajo pH ruminal que presentaron los animales (J. Liu et al., 2020). El poder mantener una relación de forraje y concentrado

proporcionara una mejor estabilidad ruminal y optimización de los parámetros productivos de los bovinos.

El microbioma ruminal desempeña un papel fundamental en los parámetros productivos de los rumiantes, destacando la ganancia de peso, la producción de leche y la eficiencia alimenticia. Una ecología ruminal balanceada y diversificada favorece a un óptimo proceso fermentativo de los alimentos, optimizando la producción de metabolitos, como AGV,  $\text{NH}_3$ ,  $\text{CO}_2$  y  $\text{H}_2$  (Macêdo et al., 2022). Algunos estudios han demostrado que bovinos suplementados con dietas altas en concentrado tienen mejores ganancias de peso, alcanzando a tener GDP de 0,67 kg (45% concentrado) y 0,63 kg (35% concentrado) (González et al., 2021). En la producción de leche se evidencio que vacas suplementadas con un 40% de concentrado, aumentaron la cantidad de litros leche (2-3 litros) y no presentaron problemas metabólicos debido a que las vacas se encontraban en constante pastoreo (Gutiérrez et al., 2019). Finalmente, los esfuerzos sobre este tema tan amplio, no solo mejoraría la eficiencia alimenticia, sino que también contribuirían a producciones ganaderas más rentables y menos impactantes con el medio ambiente.

Siguiendo el contexto, existe una vía conocida como bioprospección la cual examina compuestos bioactivos cuya relación está comprometida con los parámetros productivos bovinos. Por ejemplo, las dietas en las que se han empleado aceites esenciales y extractos de plantas, han demostrado que tienen propiedades antimicrobianas que permiten modular el microbioma ruminal, reduciendo la producción de  $\text{CH}_4$  y aumentando la eficiencia alimentaria (Delgadillo et al., 2021). En este sentido, los compuestos que tienen las especies aromáticas muestran un potencial notable como mitigadores de la metanogénesis sin comprometer la digestibilidad de los nutrientes, esta estrategia puede ser clave para la sostenibilidad de los sistemas de producción bovina (Nunes et al., 2023). Sin embargo, aún falta profundizar en estudios que evalúen los efectos secundarios de estos aditivos en la salud y producción del bovino.

Además, los hongos y protozoos son los microorganismos ruminales menos estudiados, aun así, mediante la bioprospección se pueden evidenciar nuevas herramientas biotecnológicas, ya que el análisis de estos microorganismos ruminales desempeña roles importantes en la degradación de fibra y la dinámica de la metanogénesis (Murwani et al., 2021). Herramientas como la metagenómica y la metabolómica deben implementarse con más frecuencia en el microbioma ruminal bovino, para poder identificar nuevas enzimas o metabolitos secundarios que puedan ser útiles a la hora de mejorar la fermentación ruminal y la reducción de emisiones de gases de efecto invernadero (Asselstine et al., 2021). Este enfoque multidisciplinario no solo podría optimizar la salud y productividad animal, sino también minimizar el impacto ambiental de la producción ganadera.

## CONCLUSIONES

El microbioma ruminal desempeña un papel fundamental en la digestión y metabolismo de los bovinos, ya que permite convertir los carbohidratos estructurales y no estructurales en AGV, que constituyen la principal fuente de energía para el bovino. Sin embargo, aún existen grandes vacíos en el conocimiento respecto a la diversidad funcional y ecológica del microbioma. Esto se debe a la alta complejidad de estas comunidades microbianas y a la escasa cantidad de estudios realizados, pues la mayoría de estos se basan en las bacterias y arqueas metanogénicas, y no tienen en cuenta lo importante que son las demás comunidades microbianas.

Los cambios repentinos en la dieta, como la transición de dietas ricas en forraje a concentrados, especialmente sin un periodo adecuado de adaptación, provocan cambios en la composición del microbioma ruminal. Estos cambios en las dietas afectan especialmente a las bacterias celulolíticas y hemicelulolíticas debido a la disminución del pH ruminal, influyendo negativamente en su abundancia y digestión de la fibra. El poder entender mejor estas respuestas microbianas es clave para diseñar estrategias alimenticias que minimicen los efectos negativos que se puedan presentar en la fermentación y salud animal.

La estabilidad y funcionalidad del microbioma ruminal son esenciales en los parámetros productivos, como la ganancia de peso, la producción de leche y la eficiencia alimenticia. Sin embargo, la relación entre las comunidades microbianas y estos parámetros sigue siendo un tema muy incierto, ya que son pocas las investigaciones experimentales desarrolladas que estudien dicha relación. De tal manera, si se le da más importancia y se investiga más este tema, se podrían obtener estrategias que permitan aumentar la productividad, por medio de la manipulación del microbioma ruminal.

## **AGRADECIMIENTOS**

Deseo expresar mi más profundo y sincero agradecimiento a la gestora del conocimiento Angie Daniela Burgos Toro por su guía, comprensión, paciencia y constante apoyo durante el desarrollo de este trabajo. Su experiencia y disposición para compartir sus conocimientos fueron esenciales para estructurar este artículo y superar los retos que surgieron a lo largo del proceso.

Asimismo, extendiendo mi agradecimiento infinito a mis padres, cuyo amor incondicional y apoyo moral han sido la base de este logro. Su fe en mí, incluso en los momentos más desafiantes, ha sido un pilar fundamental. A mis hermanos, les agradezco por brindarme su tiempo, escuchándome y apoyándome cuando más lo necesité. Su amor y sacrificio han sido la luz que guio mi camino a lo largo de este viaje académico.

A todos, gracias por ser parte de este proceso...

## **DECLARACIÓN DE CONFLICTO DE INTERESES**

Los autores no declaran algún conflicto de intereses.

**Tabla 1**

*Análisis comparativo de las especies encontradas a nivel ruminal*

<b>Raza / Artículo</b>	<b>Bacterias</b>	<b>Protozoos</b>	<b>Hongos</b>	<b>Arqueas</b>
<b>Holstein</b> (Zhao et al., 2024)	<b>Familia</b> <i>Lachnospiraceae</i>			
	<b>Géneros</b> <i>Butyrivibrio</i>			
	<i>Pseudobutyrvibrio</i>			
	<i>Syntrophococcus</i>			
	<i>Lachnobacterium</i>			
	<i>Oribacterium</i>	<b>Géneros</b>		
	<i>Roseburia</i>	<b>Predominantes</b>	<b>Géneros</b>	
	<i>Moryella</i>	<i>Dasytricha</i>	<b>Predominantes</b>	
	<b>Familia</b> <i>Ruminococcaceae</i>	<i>Entodinium</i>	<i>Neocallimastix</i>	<b>Género</b>
	<b>Género</b> <i>Papillibacter</i>	<i>Eudiplodinium</i>	<i>Piromyces</i>	<b>Predominante</b>
	<b>Familia</b> <i>Veillonellaceae</i>	<i>Ostracodinium</i>	<i>Anaeromyces</i>	<i>Methanobrevibacter</i>
	<b>Otros Géneros</b> <i>Acetivibrio</i>	<i>Diploplastron</i>	<i>Caecomycetes</i>	
	<i>Ruminococcus</i>	<i>Diplodinium</i>	<i>Orpinomyces</i>	
	<i>Succiniclasticum</i>	<i>Epidinium</i>	<i>Cyllamyces</i>	
	<i>Mogibacterium</i>	<i>Polyplastron</i>		
	<i>Dialister</i>	<i>Ophryoscolex</i>		
	<i>Streptococcus</i>			
	<i>Carnobacterium</i>			
<i>Prevotella</i>				
<b>Familia</b> <i>Ruminococcaceae</i>				
<b>Género</b> <i>Ruminococcus</i>				
<b>Especies</b> <i>Ruminococcus flavefaciens</i>	<b>Géneros</b>	<b>Géneros</b>	<b>Género</b>	
<i>Ruminococcus albus</i>	<b>Predominantes</b>	<b>Predominantes</b>	<b>Predominante</b>	
<b>Familia</b> <i>Lachnospiraceae</i>	<i>Isotricha</i>	<i>Anaeromyces</i>	<i>Methanobrevibacter</i>	
<b>Género</b> <i>Butyrivibrio</i>	<i>Dasytricha</i>	<i>Caecomycetes</i>	<b>Especies</b>	
<b>Especie</b> <i>Butyrivibrio fibrisolvens</i>	<i>Entodinium</i>	<i>Cyllamyces</i>	<i>Methanobrevibacter gottschalkii</i>	
<b>Género</b> <i>Fibrobacter</i>	<i>Diplodinium</i>	<i>Neocallimastix</i>	<i>Methanobrevibacter ruminantium</i>	
<b>Especie</b> <i>Fibrobacter succinogenes</i>	<i>Eudiplodinium</i>	<i>Orpinomyces</i>		
<b>Género</b>	<i>Epidinium</i>	<i>Piromyces</i>		

Raza / Artículo	Bacterias	Protozoos	Hongos	Arqueas
	<i>Prevotella</i>			
	<b>Especies</b>			
	<i>Prevotella bryantii</i>			
	<i>Prevotella ruminicola</i>			
	<b>Otros Géneros</b>			
	<i>Anaerovibrio lipolytica</i>			
	<i>Megasphaera elsdenii</i>			
	<b>Género</b>			
	<i>Prevotella</i>			
	<b>Especie</b>			
	<i>Prevotella ruminicola</i>			
	<b>Género</b>			
	<i>Butyrivibrio</i>			
	<b>Especie</b>			
	<i>Butyrivibrio</i>			
	<i>fibrisolvens</i>			
	<b>Género</b>			
	<i>Ruminococcus</i>			
	<b>Especie</b>			
	<i>Ruminococcus albus</i>			
	<b>Género</b>			
	<i>Fibrobacter</i>			
	<b>Especie</b>			
	<i>Fibrobacter</i>			
	<i>succinogenes</i>			
	<b>Otras Especies</b>			
	<i>Streptococcus bovis</i>			
	<i>Lachnospira</i>			
	<i>multiparus</i>			
<b>Holstein y Jersey</b> (Matthews et al., 2019)		<b>Género</b> <b>Predominante</b> <i>Entodinium</i>	<b>Géneros</b> <b>Predominantes</b> <i>Anaeromyces</i> <i>Caecomyces</i> <i>Cyllamyces</i> <i>Neocallimastix</i> <i>Orpinomyces</i> <i>Piromyces</i>	<b>Géneros</b> <b>Predominantes</b> <i>Methanobrevibacter</i> <i>Methanomicrobium</i> <i>Methanobacterium</i> <i>Thermoplasma</i>
	<b>Géneros</b> <b>Predominantes:</b> <i>Prevotella</i> <i>Butyrivibrio</i> <i>Ruminococcus</i> <i>Coprococcus</i> <i>Shuttleworthia</i>	<b>Géneros</b> <b>Predominantes</b> <i>Dasytricha</i> <i>Entodinium</i> <i>Isotricha</i> <i>Ophryoscolex</i> <i>Polyplastron</i>	<b>Géneros</b> <b>Predominantes</b> <i>Orpinomyces</i> <i>Piromyces</i> <i>Cándida</i>	<b>Género</b> <b>Predominante</b> <i>Methanobrevibacter</i>
<b>Holstein y Wagyu</b> (Silva et al., 2024)	<b>Género</b> <i>Fibrobacter</i> <b>Especie</b> <i>Fibrobacter succinogenes</i> <b>Género</b> <i>Ruminococcus</i> <b>Especie</b> <i>Ruminococcus flavefaciens</i> <b>Género</b> <i>Prevotella</i> <b>Especie</b> <i>Prevotella ruminicola</i>	<b>Género</b> <i>Entodinium</i> <b>Especies</b> <i>Entodinium bursa</i> <i>Entodinium dentatum</i> <i>Entodinium caudatum</i> <b>Género</b> <i>Isotricha</i> <b>Especies</b> <i>Isotricha intestinalis</i>	<b>Géneros</b> <b>Predominantes</b> <i>Aspergillus</i> <i>Rhizophus</i> <i>Trichophyton</i> <i>Paecilomyces</i> <i>Scedosporium</i> <i>Fusarium</i> <i>Penicillium</i> <i>Mucor</i>	<b>Géneros</b> <b>Predominantes</b> <i>Methanobrevibacter</i> <i>Methanosphaera</i> <i>Methanomicrobium</i> <i>Thermoplasma</i> <i>Methanobacterium</i>

Raza / Artículo	Bacterias	Protozoos	Hongos	Arqueas
	<b>Género</b> <i>Streptococcus</i> <b>Especie</b> <i>Streptococcus bovis</i> <b>Otros Géneros</b> <i>Treponema</i> <i>Geobacter</i> <i>Bacteroides</i> <b>Otras Especies</b> <i>Eubacterium ruminantium</i> <i>Anaerovibrio lipolytica</i>	<i>Isotrycha prostoma</i> <b>Género</b> <i>Ophryoscolex</i> <b>Especies</b> <i>Ophryoscolex purkynjei</i> <i>Ophryoscolex Inermis</i> <b>Otros Géneros</b> <i>Buetschlia</i> <i>Dasytricha</i> <i>Charonina</i> <i>Polyplastron</i> <i>Eudiplodinium</i>		
<b>Holstein y Jersey</b> (Newbold y Ramos, 2020)			<b>Géneros Predominantes</b> <i>Neocallimastix</i> <i>Caecomyces</i> <i>Piromyces</i> <i>Anaeromyces</i> <i>Orpinomyces</i> <i>Cyllamyces</i>	<b>Géneros Predominantes</b> <i>Methanobrevibacter</i> <i>Methanosphaera</i> <i>Methanimicrococcus</i> <i>Methanobacterium</i>
<b>Angus, Charolais y Wagyu</b> (Myer et al., 2015)	<b>Familia</b> <i>Ruminococcaceae</i> <b>Género</b> <i>Ruminococcus</i> <b>Familia</b> <i>Lachnospiraceae</i> <b>Género</b> <i>Butyrivibrio</i> <i>Lactobacillus</i> <b>Familia</b> <i>Veillonellaceae</i> <b>Géneros</b> <i>Dialister</i> <i>Succiniclasticum</i> <i>Mitsuokella</i> <i>Anaerovibrio</i> <b>Otros Géneros</b> <i>Prevotella</i> <i>Acidaminococcus</i> <i>Lysobacter</i> <i>Janibacter</i> <i>Leucobacter</i>			
<b>Angus y Charolais</b> (Li y Guan, 2017)	<b>Familia</b> <i>Lachnospiraceae</i> <b>Género</b> <i>Butyrivibrio</i> <i>Lactobacillus</i>			<b>Género</b> <i>Methanosphaera</i> <b>Especie</b> <i>Methanosphaera stadmanae</i>

Raza / Artículo	Bacterias	Protozoos	Hongos	Arqueas
	<b>Familia</b> <i>Prevotellaceae</i>			
	<b>Género</b> <i>Prevotella</i>			
	<b>Familia</b> <i>Ruminococcaceae</i>			<b>Género</b> <i>Methanobrevibacter</i>
	<b>Género</b> <i>Ruminococcus</i>			<b>Especies</b> <i>Methanobrevibacter ruminantium</i>
	<b>Familia</b> <i>Succinivibrionaceae</i>			<i>Methanobrevibacter gottschalkii</i>
	<b>Género</b> <i>Succinivibrio</i>			<i>Methanobrevibacter smithii</i>
	<b>Otros Géneros</b> <i>Veillonellaceae</i> <i>Spirochaetaceae</i> <i>Dethiosulfovibrionaceae</i> <i>Mogibacteriaceae</i>			
	<b>Familia</b> <i>Lachnospiraceae</i>			
	<b>Géneros</b> <i>Acetitomaculum</i> <i>Lactobacillus</i> <i>Blautia</i> <i>Marvinbryantia</i> <i>Roseburia</i> <i>Sporobacterium</i>			
	<b>Familia</b> <i>Prevotellaceae</i>			
	<b>Género</b> <i>Prevotella</i>			
	<b>Género</b> <i>Selenomonas</i>			
	<b>Especie</b> <i>Selenomonas ruminantium</i>			
	<b>Género</b> <i>Fibrobacter</i>			
	<b>Especie</b> <i>Fibrobacter succinogenes</i>			
	<b>Otros Géneros</b> <i>Ruminococcus</i> <i>Acidaminococcus</i> <i>Solobacterium</i> <i>Streptococcus</i> <i>Pannonibacter</i> <i>Ruminobacter</i> <i>Succinivibrio</i> <i>Treponema</i>			
Angus (Petri et al., 2013)				

Raza / Artículo	Bacterias	Protozoos	Hongos	Arqueas
<b>Holstein</b> (McCann et al., 2016)	<b>Género</b>			
	<i>Streptococcus</i>			
	<b>Especie</b>			
	<i>Streptococcus bovis</i>			
	<b>Género</b>			
	<i>Prevotella</i>			
	<b>Especie</b>			
	<i>Prevotella bryantii</i>			
	<b>Otros Géneros</b>			
	<i>Ruminococcus</i>			
	<i>Lactobacillus</i>			
	<i>Succinoclasticum</i>			
	<i>Clostridium</i>			
	<i>Pseudobutyrvibrio</i>			
	<i>Bulleida</i>			
	<i>Pediococcus</i>			
	<b>Otras Especies</b>			
<i>Anaerovibrio lipolytica</i>				
<i>Succinimonas</i>				
<i>amylytica</i>				
<i>Succinivibrio</i>				
<i>dextrinosolvans</i>				
<i>Selenomonas</i>				
<i>ruminantium</i>				
<i>Fibrobacter</i>				
<i>succinogenes</i>				
<b>Familia</b>				
<i>Ruminococcaceae</i>				
<b>Género</b>				
<i>Ruminococcus</i>				
<b>Especie</b>				
<i>Ruminococcus albus</i>				
<i>Ruminococcus</i>				
<i>flavefaciens</i>				
<b>Familia</b>				
<i>Fibrobacteraceae</i>				
<b>Género</b>				
<i>Fibrobacter</i>				
<b>Especie</b>				
<i>Fibrobacter</i>				
<i>succinogenes</i>				
<b>Familia</b>				
<i>Prevotellaceae</i>				
<b>Género</b>				
<i>Prevotella</i>				
<b>Especie</b>				
<i>Prevotella ruminicola</i>				
<i>Prevotella bryantii</i>				
<b>Género</b>				
<i>Butyrvibrio</i>				
<b>Holstein y</b> <b>Jersey</b> (McCann et al., 2014)				

Raza / Artículo	Bacterias	Protozoos	Hongos	Arqueas	
Holstein (Pitta et al., 2014)	<b>Especie</b> <i>Butyrivibrio fibrisolvens</i>				
	<b>Género</b> <i>Streptococcus</i>				
	<b>Especie</b> <i>Streptococcus bovis</i>				
	<b>Otros Géneros</b> <i>Oscillibacter</i> <i>Coprococcus</i> <i>Treponema</i> <i>Paludibacter</i> <i>Lactobacillus</i>				
	<b>Familia</b> <i>Prevotellaceae</i>				
	<b>Género</b> <i>Prevotella</i>				
	<b>Familia</b> <i>Ruminococcaceae</i>				
	<b>Género</b> <i>Ruminococcus</i>				
	<b>Familia</b> <i>Lachnospiraceae</i>				
	<b>Géneros</b> <i>Butyrivibrio</i> <i>Pseudobutyrvibrio</i>				
	<b>Otras Familias</b> <i>Porphyromonadaceae</i> <i>Veillonellaceae</i> <i>Clostridiaceae</i>				
	<b>Otros Géneros</b> <i>Succiniclasticum</i> <i>Anaerovora</i>				
	Holstein y Jersey (Tapio et al., 2017)	<b>Familia</b> <i>Ruminococcaceae</i>			<b>Género</b> <b>Predominante</b> <i>Methanobrevibacter</i>
		<b>Género</b> <i>Ruminococcus</i>			<b>Especies</b> <i>Mbb. smithii</i> <i>Mbb. gottschalk</i> <i>Mbb. millerae</i> <i>Mbb. thaueri</i> <i>Mbb. ruminantium</i> <i>Mbb. olleyae</i>
		<b>Otras Familias</b> <i>Lachnospiraceae</i> <i>Succinivibrionáceas</i>		<b>Especies</b> <b>Predominantes</b> <i>Caecomyces communis</i> <i>Neocallimastix frontalis</i>	<b>Otros Géneros</b> <i>Methanosphaera</i> <i>Methanimicrococcus</i> <i>Methanobacterium</i>
<b>Género</b> <i>Prevotella</i>		<b>Género</b> <b>Predominante</b> <i>Entodinium</i>			
<b>Especie</b> <i>Prevotella bryantii</i>					
<b>Otros Géneros</b> <i>Eubacterium</i> <i>Fibrobacter</i> <i>Coprococcus</i> <i>Selenomonas</i>					

Raza / Artículo	Bacterias	Protozoos	Hongos	Arqueas
<b>Holstein, Jersey y Azul Belga</b> (Huws et al., 2018)		<b>Géneros Predominantes</b> <i>Trichomonas</i> <i>Chilomastix</i> <i>Dasytricha</i> <i>Entodinium</i> <i>Isotricha</i> <i>Epidinium</i> <i>Polyplastron</i> <b>Especies Predominantes</b> <i>Epidinium caudatum</i> <i>Eudiplodinium maggi</i> <i>Elytroplastron bubali</i>	<b>Géneros Predominantes</b> <i>Piromyces</i> <i>Buwchfawromyc es</i>	<b>Género Predominante</b> <i>Methanobrevibacter</i> <b>Especies</b> <i>Mbb. smithii</i> <i>Mbb. gottschalk</i> <i>Mbb. millerae</i> <i>Mbb. thaueri</i> <i>Mbb. ruminantium</i> <i>Mbb. olleyae</i>
	<b>Holstein, Angus y Charolais</b> (Loor et al., 2016)	<b>Familia</b> <i>Ruminococcaceae</i> <b>Género</b> <i>Ruminococcus</i> <b>Especies</b> <i>Ruminococcus albus</i> <i>Ruminococcus flavefaciens</i> <b>Familia</b> <i>Lachnospiraceae</i> <b>Género</b> <i>Lactobacillus</i> <b>Especie</b> <i>Butyrivibrio fibrisolvens</i> <b>Género</b> <i>Prevotella</i> <b>Especie</b> <i>Prevotella ruminicola</i> <b>Otros Géneros</b> <i>Bifidobacterium</i> <i>Atopobium</i> <i>Treponema</i> <i>Anaeroplasma</i> <i>Papillibacter</i> <i>Acinetobacter</i> <i>Dialister</i> <i>Acidaminococcus</i> <b>Otras Especies</b> <i>Streptococcus bovis</i> <i>Megasphaera elsdenii</i> <i>Ruminobacter amylophilus</i>		

Raza / Artículo	Bacterias	Protozoos	Hongos	Arqueas
	<i>Selenomonas ruminantium</i> <i>Fibrobacter succinogenes</i>			
	<b>Familia</b> <i>Ruminococcaceae</i>			
	<b>Género</b> <i>Ruminococcus</i>			
	<b>Familia</b> <i>Lachnospiraceae</i>			<b>Género</b>
	<b>Género</b> <i>Butyrivibrio</i>			<i>Methanobrevibacter</i>
<b>Holstein, Jersey, Angus y Charolais</b> (Li, Li, et al., 2019)	<b>Otras Familias</b> <i>Succinivibrionaceae</i> <i>Coriobacteriaceae</i> <i>Christensenellaceae</i> <i>Mogibacteriaceae</i>			<b>Especies</b> <i>Mbb. gottschalk</i> <i>Mbb. ruminantium</i>
	<b>Otros Géneros</b> <i>Prevotella</i> <i>Bulleidia</i> <i>Oscillospira</i> <i>Clostridium</i>			<b>Género</b> <i>Methanobacterium</i>
	<b>Género</b> <i>Prevotella</i>			<b>Especie</b> <i>Methanobacterium alcaliphilum</i>
	<b>Especie</b> <i>Prevotella bryantii</i>			
	<b>Otros Géneros</b> <i>Dialister</i> <i>Lactobacillus</i> <i>Desulfovibrio</i> <i>Bulleidia</i> <i>Atopobium</i> <i>Adlercreutzia</i> <i>Mitsuokella</i> <i>Desulfovibrio</i>			
<b>Holstein</b> (Jami et al., 2014)	<b>Familia</b> <i>Prevotellaceae</i>			
	<b>Género</b> <i>Prevotella</i>			
	<b>Familia</b> <i>Fibrobacteraceae</i>			
	<b>Género</b> <i>Fibrobacter</i>			
<b>Guzerat</b> (Patel et al., 2014)	<b>Familia</b> <i>Ruminococcaceae</i>			
	<b>Género</b> <i>Ruminococcus</i>			
	<b>Familia</b> <i>Clostridiaceae</i>			
	<b>Género</b>			

Raza / Artículo	Bacterias	Protozoos	Hongos	Arqueas
	<i>Clostridium</i>			
	<b>Familia</b>			
	<i>Lachnospiraceae</i>			
	Género			
	<i>Butyrivibrio</i>			
	<b>Otras Familias</b>			
	<i>Porphyromonadaceae</i>			
	<b>Otros Géneros</b>			
	<i>Acidaminococcus</i>			
	<b>Familia</b>			
	<i>Prevotellaceae</i>			
	<b>Género</b>			
	<i>Prevotella</i>			
	<b>Especies</b>			
	<i>Prevotella ruminicola</i>			
	<i>Prevotella brevis</i>			
	<i>Prevotella bryantii</i>			
	<i>Prevotella albensis</i>			
	<b>Familia</b>			
	<i>Ruminococcaceae</i>			
	<b>Género</b>			
	<i>Ruminococcus</i>			
	<b>Especies</b>			
	<i>Ruminococcus albus</i>			
	<i>Ruminococcus</i>			
	<i>flavefaciens</i>			
	<b>Familia</b>			
	<i>Acidaminococcaceae</i>			
	<b>Género</b>			
	<i>Succiniclasticum</i>			
	<b>Familia</b>			
	<i>Selenomonadaceae</i>			
	<b>Especies</b>			
	<i>Selenomonas</i>			
	<i>ruminantium</i>			
	<i>Anaerovibrio lipolytica</i>			
	<b>Familia</b>			
	<i>Succinivibrionaceae</i>			
	<b>Especies</b>			
	<i>Succinimonas</i>			
	<i>amylolytica</i>			
	<i>Ruminobacter</i>			
	<i>amylophilus</i>			
	<b>Familia</b>			
	<i>Lachnospiraceae</i>			
	<b>Especies</b>			
	<i>Butyrivibrio</i>			
	<i>fibrisolvens</i>			
	<i>Lachnospira</i>			
	<i>multiparus</i>			
Jersey (Deusch et al., 2017)				<b>Familia</b>
				<i>Methanobacteriaceae</i>
				<b>Género</b>
				<i>Methanobrevibacter</i>
				<b>Especies</b>
				<i>Mbb. gottschalk</i>
				<i>Mbb. ruminantium</i>
				<b>Otras Familias</b>
				<i>Methanosarcinaceae</i>
				<i>Methanomassiliicoccaeae</i>

Raza / Artículo	Bacterias	Protozoos	Hongos	Arqueas
Angus y Charolais (Li, Hitch, et al., 2019)	<b>Familia</b> <i>Succinivibrionaceae</i> <i>Ruminococcaceae</i> <b>Género</b> <i>Blautia</i> <b>Especie</b> <i>Blautia hydrogenotrophica</i> <b>Géneros</b> <b>Predominantes</b> <i>Prevotella</i> <i>Treponema</i> <i>Fibrobacter</i> <i>Butyrivibrio</i> <i>Clostridium</i>			<b>Familias</b> <b>Predominantes</b> <i>Methanomassiliicoccaeae</i> <i>Mogibacteriaceae</i> <b>Género</b> <i>Methanobrevibacter</i> <b>Especies</b> <i>Mbb. gottschalk</i> <i>Mbb. ruminantium</i> <i>Mbb. Smithii</i>
	<b>Géneros</b> <b>Predominantes</b> <i>Prevotella</i> <i>Lactobacillus</i> <i>Pasteurella</i>	<b>Géneros</b> <b>Predominantes</b> <i>Eudiplodinium</i> <i>Dasytricha</i> <i>Diplodinium</i> <i>Metadinium</i> <i>Ophryoscolex</i> <i>Ostracodinium</i> <i>Epidinium</i>		<b>Género</b> <i>Methanobrevibacter</i> <b>Especies</b> <i>Mbb. gottschalk</i> <i>Mbb. smithii</i>
Holstein (Yáñez et al., 2015)	<b>Géneros</b> <b>Predominantes</b> <i>Prevotella</i> <i>Butyrivibrio</i> <i>Lactobacillus</i> <i>Streptococcus</i> <i>Bifidobacterium</i> <b>Especie</b> <b>Predominante</b> <i>Megasphaera elsdenii</i>	<b>Géneros</b> <b>Predominantes</b> <i>Polyplastron</i> <i>Epidinium</i>	<b>Especies</b> <b>Predominantes</b> <i>Neocallimastix frontalis</i> <i>Sphaeromonas communis</i>	<b>Género</b> <b>Predominante</b> <i>Methanobrevibacter</i>
Holstein (Y.-H. Kim et al., 2016)	<b>Familia</b> <i>Lachnospiraceae</i> <b>Género</b> <i>Syntrophococcus</i> <b>Género</b> <i>Prevotella</i> <b>Especies</b> <i>Prevotella ruminicola</i> <i>Prevotella bryantii</i> <b>Género</b> <i>Ruminococcus</i> <b>Especies</b> <i>Ruminococcus albus</i> <i>Ruminococcus flavofaciens</i> <b>Género</b>			<b>Género</b> <i>Methanobrevibacter</i> <b>Especie</b> <i>Methanobrevibacter ruminantium</i>

Raza / Artículo	Bacterias	Protozoos	Hongos	Arqueas
	<i>Streptococcus</i> <b>Especie</b> <i>Streptococcus bovis</i> <b>Otros Géneros</b> <i>Lactobacillus</i> <i>Olsenella</i> <i>Dialister</i> <i>Bulleidia</i> <i>Atopobium</i> <i>Bifidobacterium</i> <b>Otras Especies</b> <i>Fibrobacter succinogenes</i> <i>Megasphaera elsdenii</i> <i>Selenomonas ruminantium</i> <b>Familia</b> <i>Prevotellaceae</i> <b>Género</b> <i>Prevotella</i> <b>Familia</b> <i>Lachnospiraceae</i> <b>Género</b> <i>Butyrivibrio</i> <b>Especie</b> <i>Coprococcus catus</i> <b>Familia</b> <i>Ruminococcaceae</i> <b>Género</b> <i>Ruminococcus</i> <b>Especies</b> <i>Ruminococcus albus</i> <i>Ruminococcus flavefaciens</i> <b>Familia</b> <i>Succinivibrionaceae</i> <b>Especie</b> <i>Succinivibrio dextrinosolvens</i> <b>Género</b> <i>Megasphaera</i> <b>Especie</b> <i>Megasphaera elsdenii</i> <b>Otro Género</b> <i>Fibrobacter</i> <b>Familia</b> <i>Prevotellaceae</i> <b>Género</b> <i>Prevotella</i> <b>Familia</b>			<b>Género</b> <i>Methanobrevibacter</i> <b>Especie</b> <i>Mbb. ruminantium</i> <b>Género</b> <i>Methanosphaera</i> <b>Especie</b> <i>Methanosphaera stadtmannae</i>
<b>Holstein</b> (Mizrahi y Jami, 2018)			<b>Familia</b> <i>Neocallimastiga</i> <i>ceae</i>	
<b>Holstein</b> (Menezes et al., 2011)				

<b>Raza / Artículo</b>	<b>Bacterias</b>	<b>Protozoos</b>	<b>Hongos</b>	<b>Arqueas</b>
	<i>Lachnospiraceae</i>			
	<b>Género</b>			
	<i>Butyrivibrio</i>			
	<b>Familia</b>			
	<i>Ruminococcaceae</i>			
	<b>Género</b>			
	<i>Ruminococcus</i>			
	<b>Familia</b>			
	<i>Fibrobacteriaceae</i>			
	<b>Género</b>			
	<i>Fibrobacter</i>			
	<b>Familia</b>			
	<i>Spirochaetaceae</i>			
	<b>Género</b>			
	<i>Treponema</i>			
	<b>Familia</b>			
	<i>Veillonellaceae</i>			
	<b>Género</b>			
	<i>Megasphaera</i>			
	<b>Otras Familias</b>			
	<i>Coriobacteriaceae</i>			
	<i>Erysipelotrichaceae</i>			
	<b>Otros Géneros</b>			
	<i>Ruminobacter</i>			
	<i>Succinovibrio</i>			

## BIBLIOGRAFÍA

- Ahmed, Y., y Kumar, A. (2022). *Ruminal Microbiome Manipulation to Improve Fermentation Efficiency in Ruminants*. IntechOpen. <https://doi.org/10.5772/intechopen.101582>
- Alan, L., y Scorrano, L. (2022). Shaping fuel utilization by mitochondria. *Current Biology*, 32(12), R618–R623. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.05.006>
- Alvarado, D., y Granja, Y. T. (2021). Suplementación lipídica para la producción de carne bovina en confinamientos. *Revista Colombiana de Ciencia Animal - RECIA*, 13(2), e770. <https://doi.org/10.24188/recia.v13.n2.2021.770>
- Arias, E., Morales, J., Prado, O., y García, A. (2020). Metabolismo en rumiantes y su asociación con analitos bioquímicos sanguíneos. *Abanico Veterinario*, 10. <https://doi.org/10.21929/abavet2020.15>
- Asselstine, V., Lam, S., Miglior, F., Brito, L. F., Sweett, H., Guan, L., Waters, S. M., Plastow, G., y Cánovas, A. (2021). The potential for mitigation of methane emissions in ruminants through the application of metagenomics, metabolomics, and other -OMICS technologies. *Journal of Animal Science*, 99(10). <https://doi.org/10.1093/jas/skab193>
- Azad, E., Fehr, K. B., Derakhshani, H., Forster, R., Acharya, S., Khafipour, E., McGeough, E., y McAllister, T. A. (2020). Interrelationships of Fiber-Associated Anaerobic Fungi and Bacterial Communities in the Rumen of Bloated Cattle Grazing Alfalfa. *Microorganisms*, 8(10), 1543. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8101543>
- Benaouda, M., González, M., Avilés, F., Vázquez, M. F., y Castelan, O. (2023). Efecto de la digestibilidad de la fibra sobre la emisión de metano, producción y calidad de la leche en ganado bovino productor de leche. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*, 31, 213–220. <https://doi.org/10.53588/alpa.310538>
- Betancur, C. L., Aguilar, S. B., y Jovel, J. (2022). Prevotella: A Key Player in Ruminal Metabolism. *Microorganisms*, 11(1), 1. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11010001>

- Boghian, V. (2021). The Ruminant Acidosis's effect over the Milk production in dairy Cows. *Rom Biotechnol Lett*, 26(4), 2788–2792.
- Cabral, L. da S., y Weimer, P. J. (2024). *Megasphaera elsdenii*: Its Role in Ruminant Nutrition and Its Potential Industrial Application for Organic Acid Biosynthesis. *Microorganisms*, 12(1), 219. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12010219>
- Campos, R. G., Espino, J. J., Almaraz, I., González, U., Reyes, A., y Aguirre, G. (2023). Los Rumiantes: Actores Importantes del Cambio Climático. *Boletín de Ciencias Agropecuarias Del ICAP*, 9(17), 5–8. <https://doi.org/10.29057/icap.v9i17.8517>
- Carvalho, I., Doelman, J., y Martín, J. (2020). Post-ruminal non-protein nitrogen supplementation as a strategy to improve fibre digestion and N efficiency in the ruminant. *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition*, 104(1), 64–75. <https://doi.org/10.1111/jpn.13233>
- Chen, H., Wang, C., Huasai, S., y Chen, A. (2021). Effects of dietary forage to concentrate ratio on nutrient digestibility, ruminal fermentation and rumen bacterial composition in Angus cows. *Scientific Reports*, 11(1), 17023. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-96580-5>
- Cholewińska, P., Czyż, K., Nowakowski, P., y Wyrstek, A. (2020). The microbiome of the digestive system of ruminants – a review. *Animal Health Research Reviews*, 21(1), 3–14. <https://doi.org/10.1017/S1466252319000069>
- Clemmons, B. A., Voy, B. H., y Myer, P. R. (2019). Altering the Gut Microbiome of Cattle: Considerations of Host-Microbiome Interactions for Persistent Microbiome Manipulation. *Microbial Ecology*, 77(2), 523–536. <https://doi.org/10.1007/s00248-018-1234-9>
- Cortés, N. G., Ordóñez, P. L., y Domínguez, J. (2020). Herramientas moleculares utilizadas para el análisis metagenómico. Revisión. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 11(4), 1150–1173. <https://doi.org/10.22319/rmcp.v11i4.5202>
- Dai, X., Kalscheur, K. F., Huhtanen, P., y Faciola, A. P. (2022). Effects of ruminal protozoa on methane emissions in ruminants—A meta-analysis. *Journal of Dairy Science*, 105(9), 7482–7491. <https://doi.org/10.3168/jds.2021-21139>

- Delgadillo, L., Bañuelos, R., Gallegos, P., Echavarría, F., Meza, C., y Gaytán, N. (2021). Modificación de la fermentación ruminal in vitro para mitigación de metano mediante la adición de aceites esenciales de plantas y compuestos terpenoides. *Abanico Veterinario*, 11. <https://doi.org/10.21929/abavet2021.9>
- Deng, Q., Sun, X., Gao, D., Wang, Y., Liu, Y., Li, N., Wang, Z., Liu, M., Wang, J., y Wang, Q. (2023). Characterization of Two Novel Rumen-Derived Exo-Polygalacturonases: Catalysis and Molecular Simulations. *Microorganisms*, 11(3), 760. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11030760>
- Deusch, S., Camarinha, A., Conrad, J., Beifuss, U., Rodehutschord, M., y Seifert, J. (2017). A Structural and Functional Elucidation of the Rumen Microbiome Influenced by Various Diets and Microenvironments. *Frontiers in Microbiology*, 8. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01605>
- Elizondo, J. A., y Monge, C. R. (2019). Consumo de alimento balanceado en reemplazos de lechería desde el nacimiento hasta las 8 semanas de edad. *Nutrición Animal Tropical*, 13(2), 58–75. <https://doi.org/10.15517/nat.v13i2.39698>
- Eugène, M., Klumpp, K., y Sauvant, D. (2021). Methane mitigating options with forages fed to ruminants. *Grass and Forage Science*, 76(2), 196–204. <https://doi.org/10.1111/gfs.12540>
- Federiconi, A., Ghiaccio, F., Mammi, L., Cavallini, D., Visentin, G., Formigoni, A., y Palmonari, A. (2024). Changes on the rumen microbial community composition in dairy cows subjected to an acidogenic diet. *Journal of Dairy Science*. <https://doi.org/10.3168/jds.2023-24599>
- Franco, M., Detmann, E., Batista, E., Rufino, L., Paulino, M., y Valadares, S. (2021). Nutritional performance and metabolic characteristics of cattle fed tropical forages with protein and starch supplementation. *Anais Da Academia Brasileira de Ciências*, 93(3). <https://doi.org/10.1590/0001-3765202120190487>
- Fregulia, P., Alves, A. L., Dias, R. J., y Campos, M. M. (2021). A review of rumen parameters in bovines with divergent feed efficiencies: What do these parameters tell us about improving

- animal productivity and sustainability? *Livestock Science*, 254, 104761. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2021.104761>
- Gharechahi, J., Vahidi, M. F., Ding, X.-Z., Han, J.-L., y Salekdeh, G. H. (2020). Temporal changes in microbial communities attached to forages with different lignocellulosic compositions in cattle rumen. *FEMS Microbiology Ecology*, 96(6). <https://doi.org/10.1093/femsec/fiaa069>
- Ghosh, A., Mehta, A., y Khan, A. M. (2019). Metagenomic Analysis and its Applications. In *Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology* (Vol. 3, pp. 184–193). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-809633-8.20178-7>
- González, E., Díaz, V., Duarte, H., y Castañeda, R. (2021). Desempeño y calidad de carne de bovinos en confinamiento alimentados con diferentes niveles de subproductos agrícolas. *Revista MVZ Córdoba*, 26(2), e1950. <https://doi.org/10.21897/rmvz.1950>
- Greening, C., Geier, R., Wang, C., Woods, L. C., Morales, S. E., McDonald, M. J., Rushton-Green, R., Morgan, X. C., Koike, S., Leahy, S. C., Kelly, W. J., Cann, I., Attwood, G. T., Cook, G. M., y Mackie, R. I. (2019). Diverse hydrogen production and consumption pathways influence methane production in ruminants. *The ISME Journal*, 13(10), 2617–2632. <https://doi.org/10.1038/s41396-019-0464-2>
- Gruninger, R. J., Ribeiro, G. O., Cameron, A., y McAllister, T. A. (2019). Invited review: Application of meta-omics to understand the dynamic nature of the rumen microbiome and how it responds to diet in ruminants. *Animal*, 13(9), 1843–1854. <https://doi.org/10.1017/S1751731119000752>
- Gutiérrez, F. A., Rocha, J., Portilla, A., y Ruales, B. (2019). Efecto de la suplementación en vacas de pastoreo sobre la producción, eficiencia del uso y costo beneficio. *Siembra*, 6(1), 015–023. <https://doi.org/10.29166/siembra.v6i1.1554>
- Hailemariam, S., Zhao, S., He, Y., y Wang, J. (2021). Urea transport and hydrolysis in the rumen: A review. *Animal Nutrition*, 7(4), 989–996. <https://doi.org/10.1016/j.aninu.2021.07.002>

- Haro, A. (2024). Sincronización energía-proteína en ganado vacuno: alimentación inteligente. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*, 32(5), 1–8. <https://doi.org/10.53588/alpa.320501>
- Haro, A., Andrade, M., y Suarez, A. (2022). Evidence-Based Ruminant Microbiota. *Revista Alimentos, Ciencia e Ingeniería*, 29(2), 21–30. <https://doi.org/10.31243/aci.v29i2.1839>
- Hartinger, T., y Zebeli, Q. (2021). The Present Role and New Potentials of Anaerobic Fungi in Ruminant Nutrition. *Journal of Fungi*, 7(3), 200. <https://doi.org/10.3390/jof7030200>
- Hendawy, A. O., Sugimura, S., Sato, K., Mansour, M. M., Abd El-Aziz, A. H., Samir, H., Islam, M. A., Rubayet Bostami, A. B. M., Mandour, A. S., Elfadadny, A., Ragab, R. F., Abdelmageed, H. A., y Ali, A. M. (2022). Effects of selenium supplementation on rumen microbiota, rumen fermentation and apparent nutrient digestibility of ruminant animals: A review. In *Fermentation* (Vol. 8, Issue 1). MDPI. <https://doi.org/10.3390/fermentation8010004>
- Hua, D., Hendriks, W. H., Xiong, B., y Pellikaan, W. F. (2022). Starch and Cellulose Degradation in the Rumen and Applications of Metagenomics on Ruminant Microorganisms. *Animals*, 12(21), 3020. <https://doi.org/10.3390/ani12213020>
- Huang, S., Ji, S., Wang, F., Huang, J., Alugongo, G. M., y Li, S. (2020). Dynamic changes of the fecal bacterial community in dairy cows during early lactation. *AMB Express*, 10(1), 167. <https://doi.org/10.1186/s13568-020-01106-3>
- Huuki, H., Tapio, M., Mäntysaari, P., Negussie, E., Ahvenjärvi, S., Vilkki, J., Vanhatalo, A., y Tapio, I. (2022). Long-term effects of early-life rumen microbiota modulation on dairy cow production performance and methane emissions. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.983823>
- Huws, S. A., Creevey, C. J., Oyama, L. B., Mizrahi, I., Denman, S. E., Popova, M., Muñoz, R., Forano, E., Waters, S. M., Hess, M., Tapio, I., Smidt, H., Krizsan, S. J., Yáñez-Ruiz, D. R., Belanche, A., Guan, L., Gruninger, R. J., McAllister, T. A., Newbold, C. J., ... Morgavi, D. P. (2018). Addressing Global Ruminant Agricultural Challenges Through Understanding the

- Rumen Microbiome: Past, Present, and Future. *Frontiers in Microbiology*, 9. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.02161>
- Jami, E., White, B. A., y Mizrahi, I. (2014). Potential Role of the Bovine Rumen Microbiome in Modulating Milk Composition and Feed Efficiency. *PLOS ONE*, 9(1), e85423. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0085423>
- Jiang, F., Lin, X., Yan, Z., Hu, Z., Wang, Y., y Wang, Z. (2019). Effects of forage source and particle size on chewing activity, ruminal pH, and saliva secretion in lactating Holstein cows. *Animal Science Journal*, 90(3), 382–392. <https://doi.org/10.1111/asj.13153>
- Kansagara, Y. K., Savsani, H. H., Chavda, M. R., Chavda, J. A., Belim, S. Y., Makwana, K. R., y Kansagara, B. K. (2022). Rumen Microbiota and Nutrient Metabolism: A Review. *Bhartiya Krishi Anusandhan Patrika*, 37(4), 320–327. <https://doi.org/10.18805/BKAP486>
- Kibegwa, F. M., Bett, R. C., Gachuri, C. K., Machuka, E., Stomeo, F., y Mujibi, F. D. (2023). Diversity and functional analysis of rumen and fecal microbial communities associated with dietary changes in crossbreed dairy cattle. *PLOS ONE*, 18(1), e0274371. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0274371>
- Kim, H., Kim, B., Cho, S., Kwon, I., y Seo, J. (2020). Dietary lysophospholipids supplementation inhibited the activity of lipolytic bacteria in forage with high oil diet: an in vitro study. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 33(10), 1590–1598. <https://doi.org/10.5713/ajas.19.0850>
- Kim, Y.-H., Nagata, R., Ohtani, N., Ichijo, T., Ikuta, K., y Sato, S. (2016). Effects of Dietary Forage and Calf Starter Diet on Ruminal pH and Bacteria in Holstein Calves during Weaning Transition. *Frontiers in Microbiology*, 7. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01575>
- Kitkas, G. C., Valergakis, G. E., Kritsepi, M., Gelasakis, A. I., Katsoulos, P. D., Kalaitzakis, E., y Panousis, N. K. (2022). Association between Ruminal pH and Rumen Fatty Acids Concentrations of Holstein Cows during the First Half of Lactation. *Ruminants*, 2(4), 382–389. <https://doi.org/10.3390/ruminants2040026>

- Klein, B. G. (2014). *Cunningham Fisiología Veterinaria* (5th ed.). Elsevier.
- Kovács, L., Rózsa, L., Pálffy, M., Hejel, P., Baumgartner, W., y Szenci, O. (2020). Subacute ruminal acidosis in dairy cows - physiological background, risk factors and diagnostic methods. *Veterinarska Stanica*, 51(1), 5–17. <https://doi.org/10.46419/vs.51.1.1>
- Kupczyński, R., Szumny, A., Wujcikowska, K., y Pachura, N. (2020). Metabolism, Ketosis Treatment and Milk Production after Using Glycerol in Dairy Cows: A Review. *Animals*, 10, 1379. <https://doi.org/10.3390/ani10081379>
- Lee, S., Baek, Y., Lee, J., y Kim, M. (2020). Methanogenic Archaeal Census of Ruminal Microbiomes. *Korea Academia-Industrial*, 21(7), 312–320.
- Levy, B., y Jami, E. (2018). Exploring the Prokaryotic Community Associated With the Rumen Ciliate Protozoa Population. *Frontiers in Microbiology*, 9. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.02526>
- Li, F., y Guan, L. L. (2017). Metatranscriptomic Profiling Reveals Linkages between the Active Rumen Microbiome and Feed Efficiency in Beef Cattle. *Applied and Environmental Microbiology*, 83(9). <https://doi.org/10.1128/AEM.00061-17>
- Li, F., Hitch, T. C. A., Chen, Y., Creevey, C. J., y Guan, L. L. (2019). Comparative metagenomic and metatranscriptomic analyses reveal the breed effect on the rumen microbiome and its associations with feed efficiency in beef cattle. *Microbiome*, 7(1), 6. <https://doi.org/10.1186/s40168-019-0618-5>
- Li, F., Li, C., Chen, Y., Liu, J., Zhang, C., Irving, B., Fitzsimmons, C., Plastow, G., y Guan, L. L. (2019). Host genetics influence the rumen microbiota and heritable rumen microbial features associate with feed efficiency in cattle. *Microbiome*, 7(1), 92. <https://doi.org/10.1186/s40168-019-0699-1>
- Li, F., Neves, A. L. A., Ghoshal, B., y Guan, L. L. (2018). Symposium review: Mining metagenomic and metatranscriptomic data for clues about microbial metabolic functions in ruminants. *Journal of Dairy Science*, 101(6), 5605–5618. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13356>

- Lilian, M., Rawlynce, B., Charles, G., y Felix, K. (2023). Potential role of rumen bacteria in modulating milk production and composition of admixed dairy cows. *Letters in Applied Microbiology*, 76(2). <https://doi.org/10.1093/lambio/ovad007>
- Lin, M., Jiang, M., Yang, T., Tan, D., Hu, G., Zhao, G., y Zhan, K. (2022). Acetate-Induced Milk Fat Synthesis Is Associated with Activation of the mTOR Signaling Pathway in Bovine Mammary Epithelial Cells. *Animals*, 12(19), 2616. <https://doi.org/10.3390/ani12192616>
- Liu, J., Tian, K., Sun, Y., Wu, Y., Chen, J., Zhang, R., He, T., y Dong, G. (2020). Effects of the acid–base treatment of corn on rumen fermentation and microbiota, inflammatory response and growth performance in beef cattle fed high-concentrate diet. *Animal*, 14(9), 1876–1884. <https://doi.org/10.1017/S1751731120000786>
- Liu, K., Zhang, Y., Yu, Z., Xu, Q., Zheng, N., Zhao, S., Huang, G., y Wang, J. (2021). Ruminal microbiota–host interaction and its effect on nutrient metabolism. *Animal Nutrition*, 7(1), 49–55. <https://doi.org/10.1016/j.aninu.2020.12.001>
- Loor, J. J., Elolimy, A. A., y McCann, J. C. (2016). Dietary impacts on rumen microbiota in beef and dairy production. *Animal Frontiers*, 6(3), 22–29. <https://doi.org/10.2527/af.2016-0030>
- López, N., Ábrego, A., y Poggi, H. M. (2022). MECANISMOS DE INHIBICIÓN DE LA METANOGÉNESIS CON LOVASTATINA Y ANÁLISIS DE LA EXPRESIÓN GÉNICA. *Revista Internacional de Contaminación Ambiental*, 38(Ambiente y Bioenergía), 58–67. <https://doi.org/10.20937/RICA.54357>
- Lourenco, J. M., Callaway, T. R., Kieran, T. J., Glenn, T. C., McCann, J. C., y Stewart, R. L. (2019). Analysis of the Rumen Microbiota of Beef Calves Supplemented During the Suckling Phase. *Frontiers in Microbiology*, 10. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01131>
- Macêdo, A. J. da S., Costa, A., Nascimento, D., Soares, C. A., dos Anjos, A. J., y Rocha, L. (2022). Effect of the diet on ruminal parameters and rumen microbiota: review Efecto de la dieta sobre los parámetros ruminales y la microbiota ruminal: revisión. *Rev Colombiana Cienc Anim. Recia.* , 14(1), 1–11. <https://doi.org/10.24188/recia.v14.n1.2022.886>

- Martínez, D. S., Rivera, F., Palacios, I., Ramírez, B. A., Molina, C., y Moguel, B. B. (2022). Metagenómica y metatranscriptómica para mitigar las emisiones de metano por animales rumiantes. *TIP Revista Especializada En Ciencias Químico-Biológicas*, 25. <https://doi.org/10.22201/fesz.23958723e.2022.430>
- Matamoros, C., Hao, F., Tian, Y., Patterson, A. D., y Harvatine, K. J. (2022). Interaction of sodium acetate supplementation and dietary fiber level on feeding behavior, digestibility, milk synthesis, and plasma metabolites. *Journal of Dairy Science*, 105(11), 8824–8838. <https://doi.org/10.3168/jds.2022-21911>
- Matthews, C., Crispie, F., Lewis, E., Reid, M., O’Toole, P. W., y Cotter, P. D. (2019). The rumen microbiome: a crucial consideration when optimising milk and meat production and nitrogen utilisation efficiency. In *Gut Microbes* (Vol. 10, Issue 2, pp. 115–132). Taylor and Francis Inc. <https://doi.org/10.1080/19490976.2018.1505176>
- McCann, J. C., Luan, S., Cardoso, F. C., Derakhshani, H., Khafipour, E., y Loor, J. J. (2016). Induction of Subacute Ruminal Acidosis Affects the Ruminal Microbiome and Epithelium. *Frontiers in Microbiology*, 7. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00701>
- McCann, J. C., Wickersham, T. A., y Loor, J. J. (2014). High-throughput Methods Redefine the Rumen Microbiome and Its Relationship with Nutrition and Metabolism. *Bioinformatics and Biology Insights*, 8, BBI.S15389. <https://doi.org/10.4137/BBI.S15389>
- Meehan, D. J., Cabrita, A. R. J., Maia, M. R. G., y Fonseca, A. J. M. (2021). Energy: Protein Ratio in Ruminants: Insights from the Intragastic Infusion Technique. *Animals*, 11(9), 2700. <https://doi.org/10.3390/ani11092700>
- Menezes, A. B., Lewis, E., O’Donovan, M., O’Neill, B. F., Clipson, N., y Doyle, E. M. (2011). Microbiome analysis of dairy cows fed pasture or total mixed ration diets. *FEMS Microbiology Ecology*, 78(2), 256–265. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2011.01151.x>

- Mizrahi, I., y Jami, E. (2018). Review: The compositional variation of the rumen microbiome and its effect on host performance and methane emission. *Animal*, 12, s220–s232. <https://doi.org/10.1017/S1751731118001957>
- Mizrahi, I., Wallace, R. J., y Morais, S. (2021). The rumen microbiome: balancing food security and environmental impacts. *Nature Reviews Microbiology*, 19(9), 553–566. <https://doi.org/10.1038/s41579-021-00543-6>
- Monteiro, H. F., y Faciola, A. P. (2020). Ruminal acidosis, bacterial changes, and lipopolysaccharides. *Journal of Animal Science*, 98(8). <https://doi.org/10.1093/jas/skaa248>
- Mora, P. C. (2019). *Aproximación Metagenómica Para la Identificación de Enzimas Lipolíticas Provenientes de la Zona Geotérmica “Los Humeros.”* <http://51.143.95.221/handle/TecNM/1602>
- Murwani, R., Triandala, M., Aswita, P. R., y Ambariyanto, A. (2021). Bioprospecting of cow's ruminal microbiota from a slaughterhouse in Ambarawa, Central Java, Indonesia. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 22(11), 5030–5038. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d221139>
- Myer, P. R., Clemmons, B. A., Schneider, L. G., y Ault, T. B. (2019). Microbiomes in ruminant protein production and food security. *CABI Reviews*, 1–11. <https://doi.org/10.1079/PAVSNNR201914008>
- Myer, P. R., Smith, T. P. L., Wells, J. E., Kuehn, L. A., y Freetly, H. C. (2015). Rumen Microbiome from Steers Differing in Feed Efficiency. *PLOS ONE*, 10(6), e0129174. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0129174>
- Nemocón, A. M., Angulo, J., Gallo, J. A., y Mahecha, L. (2020). Alimentación: factor estratégico durante la crianza artificial de terneros provenientes de lecherías. *Agronomía Mesoamericana*, 31(3), 803–819. <https://doi.org/10.15517/am.v31i3.40217>

- Newbold, C. J., y Ramos, E. (2020). Review: Ruminant microbiome and microbial metabolome: Effects of diet and ruminant host. *Animal*, 14(S1), S78–S86. <https://doi.org/10.1017/S1751731119003252>
- Niño, J. A. (2021). Sistemas de producción de leche en la campiña de Cajamarca y su efecto sobre el grado de acidosis en el ganado y la composición de la leche. *Universidad Nacional de Cajamarca*, 28–29.
- Nunes, H. P. B., Maduro, C. S. A. M., y Borba, A. E. S. (2023). Bioprospecting essential oils of exotic species as potential mitigations of ruminant enteric methanogenesis. *Heliyon*, 9(1), e12786. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e12786>
- Omontese, B. O., Sharma, A. K., Davison, S., Jacobson, E., DiConstanzo, A., Webb, M. J., y Gomez, A. (2022). Microbiome network traits in the rumen predict average daily gain in beef cattle under different backgrounding systems. *Animal Microbiome*, 4(1), 25. <https://doi.org/10.1186/s42523-022-00175-y>
- Palmonari, A., Federiconi, A., y Formigoni, A. (2024). Animal board invited review: The effect of diet on rumen microbial composition in dairy cows. *Animal*. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2024.101319>
- Pang, R., Xiao, X., Mao, T., Yu, J., Huang, L., Xu, W., Li, Y., y Zhu, W. (2023). The molecular mechanism of propionate-regulating gluconeogenesis in bovine hepatocytes. *Animal Bioscience*, 36(11), 1693–1699. <https://doi.org/10.5713/ab.23.0061>
- Park, T., Ma, L., Ma, Y., Zhou, X., Bu, D., y Yu, Z. (2020). Dietary energy sources and levels shift the multi-kingdom microbiota and functions in the rumen of lactating dairy cows. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 11(1), 66. <https://doi.org/10.1186/s40104-020-00461-2>
- Patel, V., Patel, A. K., Parmar, N. R., Patel, A. B., Reddy, B., y Joshi, C. G. (2014). Characterization of the rumen microbiome of Indian Kankrej cattle (*Bos indicus*) adapted to different forage diet. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 98(23), 9749–9761. <https://doi.org/10.1007/s00253-014-6153-1>

- Pereira, A. M., Enes, M. de L. N., y Borba, A. E. S. (2022). Alternative pathways for hydrogen sink originated from the ruminal fermentation of carbohydrates: Which microorganisms are involved in lowering methane emission? *Animal Microbiome*, 4(1), 5. <https://doi.org/10.1186/s42523-021-00153-w>
- Petri, R. M., Schwaiger, T., Penner, G. B., Beauchemin, K. A., Forster, R. J., McKinnon, J. J., y McAllister, T. A. (2013). Characterization of the Core Rumen Microbiome in Cattle during Transition from Forage to Concentrate as Well as during and after an Acidotic Challenge. *PLoS ONE*, 8(12), e83424. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0083424>
- Pinnell, L. J., Reyes, A. A., Wolfe, C. A., Weinroth, M. D., Metcalf, J. L., Delmore, R. J., Belk, K. E., Morley, P. S., y Engle, T. E. (2022). Bacteroidetes and Firmicutes Drive Differing Microbial Diversity and Community Composition Among Micro-Environments in the Bovine Rumen. *Frontiers in Veterinary Science*, 9. <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.897996>
- Pitta, D. W., Kumar, S., Vecchiarelli, B., Shirley, D. J., Bittinger, K., Baker, L. D., Ferguson, J. D., y Thomsen, N. (2014). Temporal dynamics in the ruminal microbiome of dairy cows during the transition period. *Journal of Animal Science*, 92(9), 4014–4022. <https://doi.org/10.2527/jas.2014-7621>
- Portela, D. F. (2020). Importancia de la interacción de bacteriófagos y bacterias ruminales en el desarrollo productivo del rumiante. *Revista Ciencias Agropecuarias Ucundinamarca*, 4(2), 41–45. DOI: 10.36436/24223484.244
- Ramos, S. C., Jeong, C. D., Mamuad, L. L., Kim, S. H., Kang, S. H., Kim, E. T., Cho, Y. Il, Lee, S. S., y Lee, S. S. (2021). Diet Transition from High-Forage to High-Concentrate Alters Rumen Bacterial Community Composition, Epithelial Transcriptomes and Ruminal Fermentation Parameters in Dairy Cows. *Animals*, 11(3), 838. <https://doi.org/10.3390/ani11030838>
- Ricci, S., Pacífico, C., Castillo, E., Rivera, R., Schwartz, H. E., Reisinger, N., Berthiller, F., Zebeli, Q., y Petri, R. M. (2022). Progressive microbial adaptation of the bovine rumen and hindgut

- in response to a step-wise increase in dietary starch and the influence of phytogetic supplementation. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.920427>
- Rosenboom, R. W. (2022). Rumen Transition from Weaning to 400 Pounds. *Veterinary Clinics of North America: Food Animal Practice*, 38(1), 153–164. <https://doi.org/10.1016/j.cvfa.2021.11.010>
- Sabes, A. F. (2020). Acidose ruminal subaguda: aspectos clínicos, diagnóstico e prevenção. *Revista Interdisciplinar de Saúde e Educação*, 1(1), 90–106. <https://doi.org/10.56344/2675-4827.v1n1a20206>
- Sauvant, D. (2020). Granulométrie des rations et nutrition du ruminant. *INRAE Productions Animales*, 13(2), 99–108. <https://doi.org/10.20870/productions-animales.2000.13.2.3771>
- Silva, É. B. R. da, Silva, J. A. R. da, Silva, W. C. da, Belo, T. S., Sousa, C. E. L., Santos, M. R. P. dos, Neves, K. A. L., Rodrigues, T. C. G. de C., Camargo-Júnior, R. N. C., y Lourenço-Júnior, J. de B. (2024). A Review of the Rumen Microbiota and the Different Molecular Techniques Used to Identify Microorganisms Found in the Rumen Fluid of Ruminants. *Animals*, 14(10), 1448. <https://doi.org/10.3390/ani14101448>
- Solomon, R., Wein, T., Levy, B., Eshed, S., Dror, R., Reiss, V., Zehavi, T., Furman, O., Mizrahi, I., y Jami, E. (2022). Protozoa populations are ecosystem engineers that shape prokaryotic community structure and function of the rumen microbial ecosystem. *The ISME Journal*, 16(4), 1187–1197. <https://doi.org/10.1038/s41396-021-01170-y>
- Stockler, R. M., Hallowell, H., Higgins, K. V., Groover, E. S., Hiltbold, E. M., Newcomer, B., y Walz, P. H. (2022). Characterization and Comparison of the Rumen Luminal and Epithelial Microbiome Profiles Using Metagenomic Sequencing Technique. *Frontiers in Veterinary Science*, 9. <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.799063>
- Szenci, O., Baumgartner, W., Hejel, M., Rózsa, L., y Kovács, L. (2020). Subacute ruminal acidosis in dairy cows - physiological background, risk factors and diagnostic methods. *Veterinarska Stanica*, 51(1), 5–17. <https://doi.org/10.46419/vs.51.1.1>

- Tan, P., Liu, H., Zhao, J., Gu, X., Wei, X., Zhang, X., Ma, N., Johnston, L. J., Bai, Y., Zhang, W., Nie, C., y Ma, X. (2021). Amino acids metabolism by rumen microorganisms: Nutrition and ecology strategies to reduce nitrogen emissions from the inside to the outside. *Science of The Total Environment*, 800, 149596. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.149596>
- Tapio, I., Snelling, T. J., Strozzi, F., y Wallace, R. J. (2017). The ruminal microbiome associated with methane emissions from ruminant livestock. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 8(1), 7. <https://doi.org/10.1186/s40104-017-0141-0>
- Terry, S. A., Badhan, A., Wang, Y., Chaves, A. V., y McAllister, T. A. (2019). Fibre digestion by rumen microbiota — a review of recent metagenomic and metatranscriptomic studies. *Canadian Journal of Animal Science*, 99(4), 678–692. <https://doi.org/10.1139/cjas-2019-0024>
- Tyagi, S., y Katara, P. (2024). Metatranscriptomics: A Tool for Clinical Metagenomics. *OMICS: A Journal of Integrative Biology*, 28(8), 394–407. <https://doi.org/10.1089/omi.2024.0130>
- Wang, G. Y., Qin, S. L., Zheng, Y. N., Geng, H. J., Chen, L., Yao, J. H., y Deng, L. (2023). Propionate promotes gluconeogenesis by regulating mechanistic target of rapamycin (mTOR) pathway in calf hepatocytes. *Animal Nutrition*, 15, 88–98. <https://doi.org/10.1016/j.aninu.2023.07.001>
- Wang, L., Li, Y., Zhang, Y., y Wang, L. (2020). The Effects of Different Concentrate-to-Forage Ratio Diets on Rumen Bacterial Microbiota and the Structures of Holstein Cows during the Feeding Cycle. *Animals*, 10(6), 957. <https://doi.org/10.3390/ani10060957>
- Wang, L., Zhang, G., Li, Y., y Zhang, Y. (2020). Effects of High Forage/Concentrate Diet on Volatile Fatty Acid Production and the Microorganisms Involved in VFA Production in Cow Rumen. *Animals*, 10(2), 223. <https://doi.org/10.3390/ani10020223>
- Wang, S., Yang, B., Ross. Paul, Stanton, C., Zhao, J., Zhang, H., y Chen, W. (2020). Comparative Genomics Analysis of *Lactobacillus ruminis* from Different Niches. *Genes*, 11(1), 70. <https://doi.org/10.3390/genes11010070>

- Weimer, P. J. (2022). Degradation of Cellulose and Hemicellulose by Ruminal Microorganisms. *Microorganisms*, 10(12), 2345. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10122345>
- Xue, M. Y., Xie, Y. Y., Zhong, Y., Ma, X. J., Sun, H. Z., y Liu, J. X. (2022). Integrated meta-omics reveals new ruminal microbial features associated with feed efficiency in dairy cattle. *Microbiome*, 10(1), 32. <https://doi.org/10.1186/s40168-022-01228-9>
- Yáñez, D. R., Abecia, L., y Newbold, C. J. (2015). Manipulating rumen microbiome and fermentation through interventions during early life: a review. *Frontiers in Microbiology*, 6. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01133>
- Zhan, K., Jiang, M., Yang, T., Hu, Z., y Zhao, G. (2022). Butyrate inhibits the bovine rumen epithelial cell proliferation via downregulation of positive regulators at G0/G1 phase checkpoint. *BIOCELL*, 46(7), 1697–1704. <https://doi.org/10.32604/biocell.2022.019068>
- Zhang, R., Liu, J., Jiang, L., y Mao, S. (2020). Effect of high-concentrate diets on microbial composition, function, and the VFAs formation process in the rumen of dairy cows. *Animal Feed Science and Technology*, 269, 114619. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2020.114619>
- Zhao, C., Hu, X., Zhang, N., y Fu, Y. (2024). Emerging role of ruminal microbiota in the development of perinatal bovine diseases. *Animals and Zoonoses*. <https://doi.org/10.1016/j.azn.2024.06.002>

**ACUERDO 027 DEL 16 DEL 16 DE DICIEMBRE DE 2021  
ARTÍCULO 46.- OPCIONES DE TRABAJO DE GRADO  
MODALIDAD ARTÍCULO PUBLICABLE (REVISIÓN)**

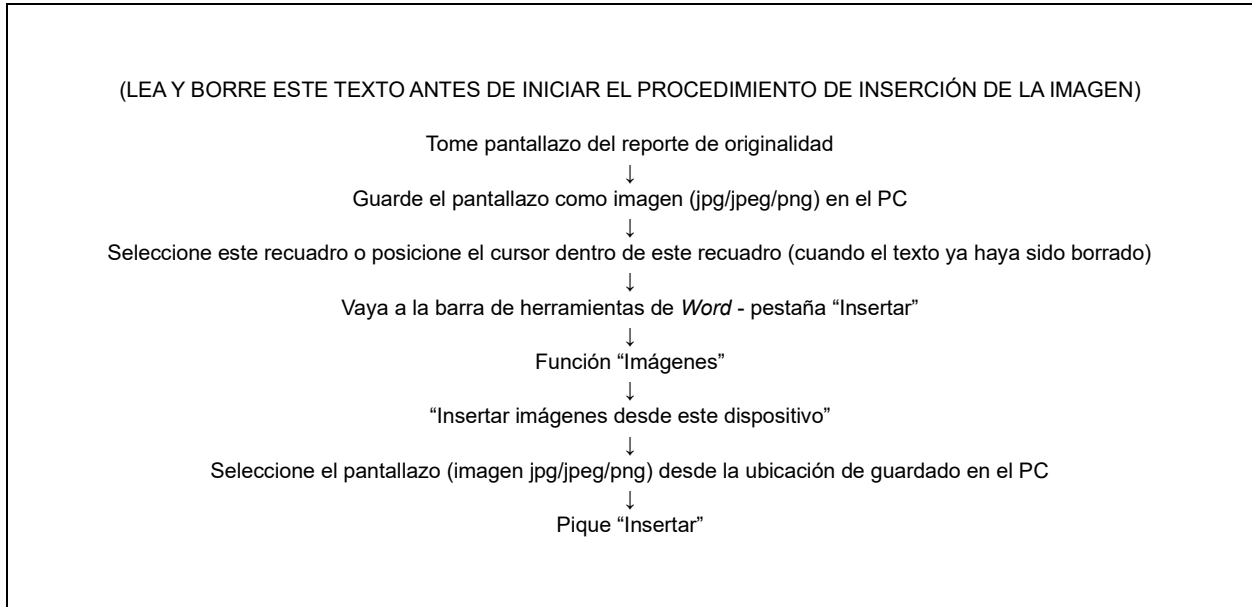
**FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS  
Programa de Zootecnia (Acreditado Alta Calidad Res. MEN 009412 de 2022)**

Evidencia anti-plagio - *Turnitin*

<b>ARTÍCULO 61.- DEBERES</b>
13. No cometer fraude académico o plagio en las pruebas de evaluación, exámenes o trabajos escritos presentados en desarrollo del proceso de aprendizaje y formación, así como el respeto a la propiedad intelectual.

<b>ARTÍCULO 62.- FALTAS</b>
1. El fraude: c. Utilizar citas o referencias falsas o registrar indebidamente referencias que no coincidan con las citas. d. Presentar como de su propia autoría la totalidad o parte de una obra, trabajo, documento o invención realizados por otra persona; incorporar un trabajo ajeno en el propio de tal forma que induzca a error al observador o lector en cuanto a la autoría del mismo.

Inserte una evidencia<sup>1</sup> del índice de similitud (%) arrojado por la herramienta *Turnitin* ↓



<b>0% - 25%</b>
<b>Permitido</b>
El documento se puede entregar y radicar como propuesta (anteproyecto).

<b>&gt;25%</b>
<b>No permitido</b>
El documento no se puede entregar ni radicar como propuesta (anteproyecto). Se hace obligatoria la revisión exhaustiva de este por parte del estudiante y el director para hacer los ajustes pertinentes.

<sup>1</sup> Procedimiento: tome pantallazo del reporte de originalidad → Guarde el pantallazo como imagen (jpg/jpeg/png) en el PC → seleccione el recuadro o posicione el cursor dentro del recuadro (cuando el texto ya haya sido borrado) → Vaya a la barra de herramientas de *Word* - pestaña "Insertar" → función "Imágenes" → "Insertar imágenes desde este dispositivo" → seleccione el pantallazo (imagen jpg/jpeg/png) desde la ubicación de guardado en el PC → pique "Insertar".