

BOT-220 Rev. Cientif. FCV-LUZ, XXXIII, SE, 287-289, 2023, <https://doi.org/10.52973/rcfcv-wbc130>**Approaches to modulate buffalo gut microbiome for efficient feed utilization and reduced environmental pollution****Avijit Dey, Puran C. Lailer*, Tirtha K. Datta***Division of Animal Nutrition and Feed Technology, ICAR-Central Institute for Research on Buffaloes, Hisar, India**Corresponding author: avijitcirb@gmail.com**ABSTRACT**

Buffaloes are excellent converters of highly fibrous feeds into edible products like milk and meat due to the rumen microbiome structure and their functionality. About 37–44% of global methane emissions, mainly due to enteric fermentation of feeds by fibrolytic bacteria and formation of methane by methanogenic archaea, present in the rumen, is contributed by ruminants and a major source of methane production in the agriculture sector. Though the hyper ammonia-producing bacteria (HAB) are present inside the rumen (*Clostridium aminophilum*, *Peptostreptococcus anaerobius*, and *Clostridium sticklandii*) in low numbers, the concentration of ammonia (>300 nmol NH₃/ mg cell protein/ min) they can produce makes them quantitatively

Enfoques para modular el microbioma intestinal de búfalo para una utilización eficiente del alimento y una reducción de la contaminación ambiental

Avijit Dey, Puran C. Lailer*, Tirtha K. Datta*División de Nutrición Animal y Tecnología de Piensos, ICAR-Instituto Central de Investigación sobre Búfalos, Hisar, India**Autor de correspondencia: avijitcirb@gmail.com**RESUMEN**

Los búfalos son excelentes convertidores de alimentos altamente fibrosos en productos comestibles como leche y carne debido a la estructura del microbioma del rumen y su funcionalidad. Alrededor del 37% al 44% de las emisiones globales de metano, debido principalmente a la fermentación entérica de los alimentos por bacterias fibrolíticas y la formación de metano por arqueas metanogénicas, presentes en el rumen, son aportadas por los rumiantes y son una fuente importante de producción de metano en el sector agrícola. Aunque las bacterias productoras de hiperamoníaco (HAB) están presentes dentro del rumen (*Clostridium aminophilum*, *Peptostreptococcus anaerobius* y *Clostridium sticklandii*) en cantida-

important. Methane is the second major greenhouse gas contributing to climate change. At the same time, ammonia is a potent environmental pollutant and is liable for the depletion of oxygen in the body water, reduction of soil pH, and generation of harmful aerosol fine particles accompanied by the augmented menace of pulmonary diseases. Therefore, the roles played by the microbes in the rumen microbial ecosystem are fundamental to developing innovative methods to modulate the rumen microbiome to improve buffalo production while reducing environmental impact. The major fiber-degrading bacteria in buffalo rumen are *Fibrobacter succinogenes*, *Ruminococcus flavefaciens*, *R. albus*, *Prevotella ruminicola*, and *Butyrivibrio fibrisolvens*. However, our recent studies with metagenomic analysis of rumen methanogens showed that *Methanobrevibacter* was the predominant genus for cattle and buffalo. At the same time, *Methanomicrobium* is much higher in buffaloes than cattle (18% vs. 4.5%). *Methanomassiliicoccaceae* methanogens, a major methylophilic group of archaea, was isolated in the rumen of buffaloes for the first time. Hyper ammonia-producing bacteria (HAB) are responsible for a faster rate of ammonia production from dietary protein degradation, resulting in wastage of feed protein and environmental pollution. 16S rRNA sequences of enrichment culture of buffalo rumen content revealed Proteobacteria (61.1 - 68.2%) as most predominant bacteria followed by Unclassified bacteria (24-29%), *Firmicutes* (2.8-6.9%), *Bacteroidetes* (0.9-2%), *Actinobacteria* (0.1-1.1%), *Fusobacteria* (0.04-0.7%) and *Synergistetes* (0.1-0.4%) at phylum level. At the family and genus level, most of the sequences remained unclassified. Among sequences with valid family names, *Acidaminococcaceae* was most predominant, constituting 1.5 to 4.7% of sequences. Similarly, *Acidaminococcus* was most predominant at the genus level among sequences with valid genus names, constituting 1.4 to 4.1% of total bacterial sequences. Supplementation of bioactive compounds viz. essential oils (eugenol, organum oil, thymol), saponins or tannins in pure form or through natural compounds (garlic oil, eucalyptus oil, clove oils, *Sapindus mukorossi* fruit, *Glycyrrhiza glabra* root, *Ficus bengalensis* leaves, *Ficus glomerata* leaves), which are rich in these bioactive were shown to reduce methane (30%) and ammonia production (50%) in buffaloes with improvement in body weight (14%), milk production (10%) and feed efficiency (15%) in Murrah buffaloes. A composite feed additive formulated to reduce the methanogenic archaeal population without affecting fibrolytic rumen microbes has been demonstrated to increase milk production, antioxidant status, and immunity with abatement of enteric methane production in Murrah buffaloes. Strategic supplementation of Moringa leaves or feeding of low lignin sorghum cultivars were demonstrated to enhance feed utilization and production performances of Murrah buffalo with reduction of enteric methane production. Therefore, insight study of buffalo rumen microbiome and dietary interventions through strategic feeding and development of new products for rumen stimulants, anti-methanogenic compounds, or alternate hydrogen sinks in the rumen could be the promising strategies for modulating gut health for efficient conversion of human

des bajas, la concentración de amoníaco (>300 nmol NH₃/ mg de proteína celular/min) que pueden producir hace que ellos sean cuantitativamente importantes. El metano es el segundo gas de efecto invernadero que más contribuye al cambio climático, mientras que el amoníaco es un potente contaminante ambiental y responsable del agotamiento del oxígeno en los cuerpos de agua, la reducción del pH del suelo y la generación de finas partículas de aerosol nocivas, acompañadas de una mayor amenaza de enfermedades pulmonares. Por lo tanto, las funciones que desempeñan los microbios en el ecosistema microbiano del rumen son fundamentales para el desarrollo de métodos innovadores para modular el microbioma del rumen de una manera que mejore la producción de búfalos y, al mismo tiempo, reduzca el impacto ambiental. Las principales bacterias degradantes de la fibra en el rumen de búfalo son *Fibrobacter succinogenes*, *Ruminococcus flavefaciens*, *R. albus*, *Prevotella ruminicola* y *Butyrivibrio fibrisolvens*. Sin embargo, nuestros estudios recientes con análisis metagenómicos de los metanógenos del rumen mostraron que *Methanobrevibacter* era el género predominante tanto para el ganado vacuno como para los búfalos, mientras que *Methanomicrobium* es mucho mayor en los búfalos que en el ganado vacuno (18% frente a 4,5%). *Methanomassiliicoccaceae* methanogens, un importante grupo metilotrófico de arqueas, fue aislado por primera vez en el rumen de búfalos. Las bacterias hiperproductoras de amoníaco (HAB) son responsables de una tasa más rápida de producción de amoníaco a partir de la degradación de las proteínas de la dieta, lo que resulta en un desperdicio de proteínas en los piensos y en la contaminación ambiental. Las secuencias de ARNr 16S del cultivo de enriquecimiento del contenido del rumen de búfalo revelaron que las *Proteobacterias* (61,1 - 68,2%) eran las bacterias más predominantes, seguidas de las bacterias no clasificadas (24-29%), *Firmicutes* (2,8-6,9%), *Bacteroidetes* (0,9-2%), *Actinobacteria*, (0,1-1,1%), *Fusobacteria* (0,04-0,7%) y *Synergistetes* (0,1-0,4%) a nivel de phylum. A nivel de familia y género, la mayoría de las secuencias permanecieron sin clasificar. Entre las secuencias con nombres de familia válidos, *Acidaminococcaceae* fue la más predominante y constituyó del 1,5 al 4,7% de las secuencias. De manera similar, a nivel de género, entre las secuencias con nombre de género válido, *Acidaminococcus* fue la más predominante y constituyó del 1,4 al 4,1% del total de secuencias bacterianas. Suplementación de compuestos bioactivos, a saber, aceites esenciales (eugenol, aceite de orégano, timol, etc.), saponinas o taninos en forma pura o mediante compuestos naturales (aceite de ajo, aceite de eucalipto, aceites de clavo, fruto de *Sapindus mukorossi*, raíz de *Glycyrrhiza glabra*, hojas de *Ficus bengalensis*, hojas de *Ficus glomerata*) ricos en estos bioactivos, demostró que reduce la producción de metano (30%) y amoníaco (50%) en búfalos con una mejora en el peso corporal (14%), la producción de leche (10%) y la eficiencia alimenticia (15%) en búfalos Murrah. Se ha demostrado que un aditivo alimentario compuesto formulado para reducir la población de arqueas metanogénicas sin afectar los microbios fibrolíticos del rumen aumenta la producción de leche, el

inedible feeds to edible animal products so reducing the impact of buffalo production on environmental pollution.

Keywords: Gut microbiome, environmental pollution, buffalo.

estado antioxidante y la inmunidad con la reducción de la producción de metano entérico en búfalas Murrah. Se demostró que la suplementación estratégica con hojas de Moringa o la alimentación con cultivares de sorgo bajos en lignina mejoran la utilización del alimento y el rendimiento de producción del búfalo Murrah con una reducción de la producción de metano entérico. Por lo tanto, el estudio profundo del microbioma del rumen de búfalo y las intervenciones dietéticas a través de la alimentación estratégica y el desarrollo de nuevos productos para estimulantes del rumen, compuestos antimetanogénicos o sumideros de hidrógeno alternativos en el rumen podrían ser estrategias prometedoras para modular la salud intestinal para una conversión eficiente de alimentos no comestibles para el humano, desde piensos animales comestibles, reduciendo así el impacto de la producción ganadera en la contaminación ambiental.

Palabras clave: microbioma intestinal, contaminación ambiental, búfalo.