SUCESIÓN DE LA MICROBIOTA CECAL Y RENDIMIENTO PRODUCTIVO EN POLLOS DE ENGORDE ALIMENTADOS CON DIETAS SUPLEMENTADAS CON ADITIVOS

Pineda-Quiroga[1], C., Camarinha-Silva[2], A., Atxaerandio[1], R., García-Rodríguez[1], A. y Ruiz[1], R.
[1]Neiker-Tecnalia, Departamento de Producción Animal, Granja Modelo de Arkaute, 46, 01080 Vitoria-Gasteiz, España. cpineda@neiker.eus
[2]Instituto de Ciencias Animales, Universidad de Hohenheim, Stuttgart, Alemania.

INTRODUCCIÓN

La flora intestinal tiene un rol importante en el hospedador ya que influye en el desarrollo del tracto digestivo, la producción de ácidos biliares y enzimas digestivas y, en consecuencia, en la digestión y absorción del alimento (Choct, 2009). La composición y diversidad de las comunidades bacterianas del intestino se ve afectada principalmente por la edad, la dieta y el segmento del tracto gastrointestinal (Ranjitkar *et al*., 2016). El uso de aditivos alimenticios de tipo no antibiótico, que modulen favorablemente la composición de la microbiota intestinal y a su vez puedan ejercer un efecto positivo sobre el rendimiento productivo de los pollos de engorde, está en auge. Algunos de ellos, empleados en alimentación avícola, son el lactosuero en polvo (Pineda-Quiroga *et al*., 2017), el quitosano (Swiatkiewicz *et al*., 2014) y la inulina (Rebolé *et al*., 2012). Sin embargo, poco se conoce sobre su efecto en la microbiota cecal en diferentes edades productivas. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue caracterizar la microbiota cecal de pollos de engorde que fueron alimentados con dietas suplementadas con lactosuero en polvo, quitosano e inulina en dos etapas del crecimiento. Del mismo modo, se evaluó el efecto de dichos aditivos en el rendimiento productivo de los animales.

MATERIAL Y MÉTODOS

En el presente ensayo se utilizaron un total de 1500 pollos machos de la línea Ross 308 de un día de vida. Se evaluaron 5 tratamientos, cada uno con 10 réplicas de 30 pollos, durante 42 días. A cada grupo experimental se le asignó una de las siguientes dietas experimentales: dieta control; dieta con una inclusión de 6% de lactosuero en polvo (Lact); dieta con una inclusión de 0,5% de quitosano (Quit); dieta con una mezcla de 6% de lactosuero en polvo más 5% de quitosano (Lact+Quit); dieta con 2% de inulina (Inul). Las dietas tuvieron como base trigo y cebada y fueron formuladas para satisfacer los requerimientos nutricionales establecidos para pollos de engorde por FEDNA (2008). El día 21 y 42 de vida se tomaron de forma aleatoria 6 pollos por tratamiento y se sacrificaron con el fin de recolectar el contenido cecal. Del contenido cecal se aisló el DNA y se secuenció el gen bacteriano 16S rRNA en la plataforma Illumina MiSeq con el fin de realizar la identificación taxonómica de las comunidades bacterianas. El análisis filogenético del gen 16S rRNA fue realizado empleando el pipeline del software Mothur. Los resultados de obtenidos como abundancias de OTUs (Operational Taxonomical Unit), fueron analizados mediante estadística no paramétrica multivariante usando el software PRIMER-E (PRIMER-E v7, Plymouth, UK). Se empleó el coeficiente de Bray-Curtis como medida de distancia para determinar la disimilitud entre las poblaciones y se realizó la comparación estadística entre los tratamientos mediante un análisis de varianza permutacional (PERMANOVA, 999 permutaciones). Los OTUs individuales que contribuyeron a la disimilaridad observada fueron identificados mediante un análisis de porcentajes de similitud (SIMPER).
Del mismo modo, los pollos y los comederos se pesaron semanalmente por recinto con el fin de calcular el peso vivo final (PF), ganancia media diaria (GMD), ingestión de alimento (IA) y el índice de conversión (IC). El análisis estadístico de los datos productivos se realizó separadamente para el periodo de arranque (día 1 de alimentación al día 21), crecimiento-finalización (día 21 a 42) mediante un ANOVA (Proc. GLIMMIX, SAS V 9.3.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados obtenidos muestran que la composición de las poblaciones microbianas cambió en función de la edad (P = 0,001). Observamos que la microbiota a los 21 días de vida estuvo mayormente representada por *Lactobacillus gallinarum* (OTU 1) y *Escherichia*

coli/Shigella flexneri (OTU 3), independientemente de la dieta suministrada (Figura 1). Sin embargo, las dietas Lact, Lact-Quit e Inul promovieron una mayor abundancia relativa de *Lactobacillus* spp. (OTU 13) el día 21. También observamos que la microbiota cecal el día 42 de vida estuvo mayormente representada por *Bacteroides vulgatus* (OTU 4)*, Bacteroides fragilis* (OTU 7) y *Bifidobacterium saeculare* (OTU 11) (Figura 1). Por otra parte, los resultados productivos muestran que los pollos alimentados con la dieta control tuvieron un mayor PF al día 21 y 42 de alimentación, mientras que los animales alimentados con Lact y Quit presentaron los menores valores. La GMD y la IA también fue mayor para la dieta control el día 21, junto con un menor IC en comparación con las demás dietas ($P<0.05$). Sin embargo, el día 42 de vida, la GMD fue mayor en todos los tratamientos en comparación con la dieta Lacto ($P<0.05$), que presentó los menores valores. La IA para este mismo periodo fue más alta en la dieta control e Inul en relación a las demás dietas ($P<0.05$), mientras que no se observaron diferencias para el IC ($P>0.05$). Los resultados presentados confirman que existe una sucesión de la flora bacteriana cecal a medida que aumenta la edad de los pollos, lo que era esperable y está de acuerdo de lo reportado por Mohd *et al* (2015). Los resultados también evidencian que hay una influencia más marcada de la edad que de la dieta en la composición de la microbiota cecal, lo que fue encontrado igualmente por Ranjitkar *et al* (2016). Sin embargo, también pudimos observar que no existe una clara asociación entre la microbiota cecal y el rendimiento productivo de los pollos de engorde alimentados con las dietas evaluadas. Resultados similares han sido reportados por Geier *et al*. (2009), quien concluyó que aditivos de tipo prebiótico generan una alteración de la microbiota intestinal, pero que esto no afecta al rendimiento productivo de los pollos de engorde. Esto puede indicar que el rendimiento productivo de los pollos puede sustentarse en una amplia variedad microbiana y que la naturaleza y el grado de cualquier cambio en ella no siempre se traslada a un incremento productivo. En conclusión, los aditivos alimenticios evaluados ocasionaron cambios en la composición de la microbiota cecal en función de la edad del pollo, pero estos no se asociaron claramente con el rendimiento productivo de los animales.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Choct, M. 2009. Br. Poult. Sci. 50: 9-15. • Geier, M.S. 2009. J. Appl. Microbiol. 106: 1540-1548. • Pineda-Quiroga. 2017. Livest. Sci. 195: 9-12. • Ranjitkar, S. 2015. Appl. Env. Microbiol. 82: 2399-2409. • Rebolé, A. 2010. Poult. Sci. 89: 276-286. • Swiatkiewicz, S. 2014. Livset. Sci. 163: 110-119. • Torok, V. 2008. Appl. Env. Microbiol. 74: 783-791.

Agradecimientos: La investigación fue financiada por el programa LIFE+ de la UE (LIFE11/ENV/ES/000639) y el Departamento de Desarrollo Económico y Competitividad del Gobierno Vasco. Los autores quieren agradecer al Departamento de Educación, Política Lingüística y Cultura por la beca predoctoral del primer autor (Pineda-Quiroga, C).

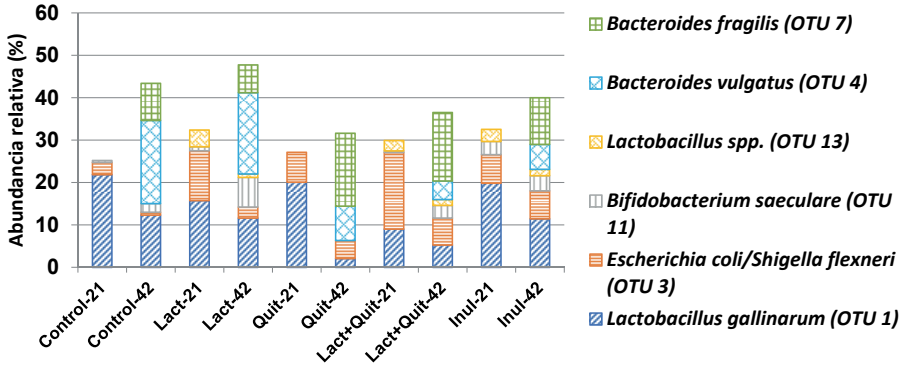


Figura 1. *Abundancia de los OTUs más representativos en las comunidades microbianas cecales al día 21 y 42 de vida de los pollos alimentados con las dietas experimentales.*

Tabla 1. *Efecto de la suplementación de aditivos dietéticos en el rendimiento productivo de pollos de engorde.*

	Tratamiento[1]						
	Control	Lact	Quit	Lact-Quit	Inul	EEM[2]	P
Periodo de arranque (1-21 días)							
Peso final (g)	617[a]	505[c]	559[c]	587[ab]	560[b]	81,24	<0,001
Ganancia media diaria (g/d	28[a]	23[c]	23[c]	26[b]	25[b]	0,37	<0,001
Ingestión de alimento (g/d)	43[a]	37[c]	40[b]	42[ab]	41[b]	0,58	<0,001
Índice de conversión	1,56[b]	1,61[ab]	1,64[a]	1,65[a]	1,64[a]	0,019	0,024
Periodo de crecimiento y finalización (21-42 días)							
Peso final (g)	2010[a]	1800[c]	1830[bc]	1846[b]	1940[ab]	34,99	<0,001
Ganancia media diaria (g/día)	65[a]	58[b]	65[a]	64[a]	65[a]	2,1	0,001
Ingestión de alimento (g/d)	133[a]	121[b]	120[b]	120[b]	137[a]	2,0	<0,001
Índice de conversión	1,97	1,97	1,81	1,78	1,98	0,054	0,74

[1] Dieta control: Sin adición de aditivos, Lact: 6%/lactosuero en polvo, Quit: 0.5%/chitosano, Lacto-Quit: 6%/lactosuero más 0.5%/ quitosano; Inul: 2%/inulina.
[2] Error estándar de la media.
[a,b.] Valores con dentro de una fila con letras distintas difieren significativamente.

CECA MICROBIOTA SUCCESSION AND PRODUCTIVE PERFORMANCE OF BROILER FEEDING WITH ADDITIVES

ABSTRACT: The supplementation of dry whey powder (6% - DWP), chitosan (0.5% - CHIT), DWP plus CHIT (DWP-CHIT), and inulin (2% - INUL) in wheat-barley broiler diets were evaluated. Ceca microbiota composition was studied at day 21 and 42 of age. Body weight (BW), daily weight gain (DWG), feed intake (FI), and feed conversion ratio (FCR) were calculated weekly. With increasing age, a clear succession in ceca microbiota by feeding broilers with the experimental diets was found (P=0.001). At day 21 of age, the abundance of *L. gallinarum* and *Escherichia coli/Shigella flexneri* was higher regardless of the experimental diet. *Lactobacillus spp.* increased in samples from birds fed with DWP, DWP-CHIT, and INUL, whereas *Clostridium lactatifermentans* was greater in samples from birds fed with control diet and INUL. At day 42 of age, *Bacteroides vulgatus*, *Bacteroides fragilis*, and *Bifidobacterium saeculare* were higher irrespective of diet, except for OUT 11 in 5-CHIT diet, in which it was not detected. In general, higher BW and DWG were observed in animals feeding with control diet. These results showed that fed additives altered cecal microbiota but did not influence broiler performance.

Keywords*:* Lactose, microbiota, prebiotc, poultry