



## **Caracterización del microbioma en heces de novillos y su asociación con la ganancia diaria de peso en pastoreo**

Rovira P.<sup>1\*</sup> y Feijoo M.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Ruta 8 km 281, Treinta y Tres, Uruguay. <sup>2</sup>Centro Universitario Regional del Este (CURE), Universidad de la República, Ruta 8 km 281, Treinta y Tres, Uruguay

[\\*provira@inia.org.uy](mailto:provira@inia.org.uy)

### **Introducción y Objetivos**

La comunidad bacteriana (microbioma) en heces de vacunos, como aproximación al microbioma intestinal, tiene un rol fundamental en el desarrollo del sistema inmune, la digestión de alimentos y la productividad animal (Noel et al., 2019; O'Hara et al., 2020). Siendo la ganancia diaria de peso (GDP) uno de los atributos más relevantes en sistemas ganaderos, el microbioma intestinal en vacunos ha sido pobremente caracterizado en comparación con el microbioma ruminal en su asociación con GDP (Noel et al., 2019). La evidencia del vínculo entre el microbioma intestinal y el crecimiento animal se deriva principalmente de estudios en monogástricos (Díaz Carrasco et al., 2019; Gardiner et al., 2020). Por tal motivo, el objetivo del presente trabajo fue caracterizar el microbioma en heces de novillos en pastoreo y explorar su asociación con el nivel de ganancia diaria de peso (GDP).

### **Materiales y Métodos**

Entre mayo y diciembre de 2019 (215 días) se manejaron 2 grupos de novillos de 30 y 45 animales sobre distintas pasturas en la Unidad Experimental de Palo a Pique (INIA Treinta y Tres). En diciembre, se tomaron muestras de heces del recto de 6 novillos por grupo ( $n = 12$ ), correspondiendo a los 3 animales con menor GDP (media $\pm$ d.e.: 556 $\pm$ 19 y 480 $\pm$ 10 g/a/d, G1 y G2, respectivamente) y los 3 animales con mayor GDP (G1: 714 $\pm$ 25; G2: 685 $\pm$ 29 g/a/d). Se extrajo ADN genómico de cada muestra (QIAmp<sup>®</sup> PowerFecal<sup>®</sup> DNA kit, QIAGEN) y se envió a Macrogen (Seúl, Corea del Sur) para la amplificación y secuenciación de la región V3-V4 del gen 16S ARNr en una plataforma HiSeq 2500 (Illumina, Inc.). Se identificaron variantes de secuencias del amplicon (ASV, Callahan et al., 2016) las cuáles fueron asignadas a grupos taxonómicos bacterianos. Se determinó el microbioma cerno compuesto por los géneros con  $> 0,1\%$  abundancia relativa presentes en al menos 50% de las muestras. La diversidad alfa del microbioma fue caracterizada por los índices Chao1 y Shannon. La asociación entre GDP y microbioma se analizó a través de la diversidad beta (análisis de componentes principales). Finalmente, se determinaron diferencias en abundancia relativa de ASV entre grupos de GDP.

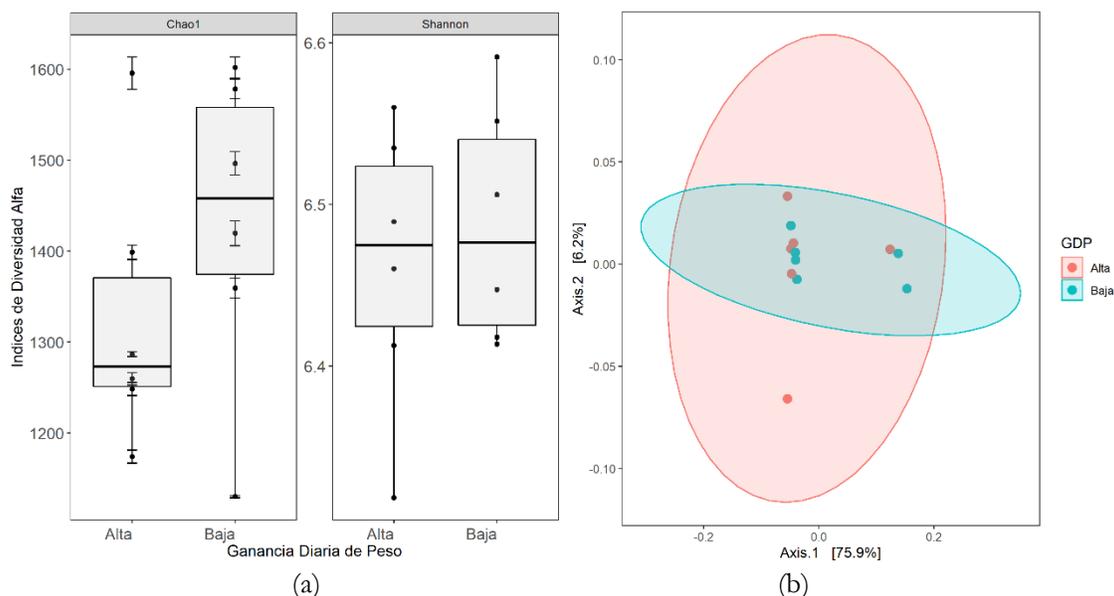
### **Resultados**

A partir de 974.702 secuencias del gen 16S ARNr, se identificaron 6.267 ASV clasificados en 17 filos, 27 clases, 41 órdenes, 65 familias, y 149 géneros de bacteria. La mayoría de los ASV correspondieron a los filos *Firmicutes* (50%) y *Bacteroidetes* (46%). El microbioma cerno estuvo compuesto por 36 géneros, siendo los 5 más abundantes *Ruminococcaceae* UCG-010, *Rikenellaceae* RC9, *Ruminococcaceae* UCG-005, *Bacteroides*, y *Alistipes*. Novillos que expresaron mayor GDP incluyeron los géneros *Anaerovorax*, *Candidatus Saccharimonas*, *Paeniclostridium*, y *Parasutterella*, los cuáles no estuvieron presentes en el microbioma cerno de animales con menor GDP. No hubo diferencias ( $P > 0,05$ ) en los índices de diversidad Chao1 y Shannon (media $\pm$ d.e.: 1349 $\pm$ 148 y 6,48 $\pm$ 0,08, respectivamente, Figura 1a). Los microbiomas no se agruparon ( $P > 0,05$ ) por nivel de GDP según la diversidad beta (Figura 1b). Sólo 7 de los 6.267 ASV (0,11%) fueron diferentes ( $P > 0,05$ ) entre animales de mayor y menor GDP, correspondiendo a ASV dentro de los géneros *Ruminococcaceae* UCG-005 y UCG-010, *Prevotellaceae* UCG-003, *Alloprevotella*, *Lachnospiraceae* NK4A126, y *Rikenellaceae* RC9.

### **Discusión**

Se encontró una amplia diversidad microbiana en las heces de novillos, dominada por géneros anaerobios con actividad fibrolítica (Bowen et al., 2018; Dowd et al., 2018). Basado en el análisis de diversidad beta no se encontró una asociación entre GDP y microbioma en heces de novillos. Myers et al. (2015) sugieren un descenso gradual en la asociación entre microbioma y

GDP a medida que avanza la digestión en el tracto gastrointestinal. Sin embargo, el bajo número de muestras, diferencias de GDP entre grupos no suficientemente amplias, y variables relacionadas a GDP no medidas (eficiencia de conversión, nivel de consumo), también pueden estar explicando la falta de asociación.



**Figura 1.** (a) Comparación de la diversidad alfa (índices Chao1 y Shannon) y (b) diversidad beta (distancias UniFrac ponderadas) del microbioma en heces de novillos en pastoreo expresando ganancia diaria de peso (GDP) diferenciales bajo el mismo manejo.

### Conclusiones

No se encontró una asociación significativa entre el nivel de GDP y la composición del microbioma en heces de novillos manejados en las mismas condiciones. Sin embargo, son necesarios estudios comprendiendo una mayor cantidad de animales para continuar explorando la relación entre el microbioma y el desempeño productivo.

**Palabras clave** microbioma, novillos, 16S ARNr

### Literatura citada

- Bowen, J.M., McCabe, M.S., Lister, S.J., Cormican, P., Dewhurst, R.J. 2018. Evaluation of microbial communities associated with the liquid and solid phases of the rumen of cattle offered a diet of perennial ryegrass or white clover. *Front. Microbiol.* 9: 2389.
- Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A., and Holmes, S. P. 2016a. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nat. Methods* 13, 581–583.
- Díaz Carrasco, J.M., Casanova, N.A., Fernández Miyakawa, M.E. 2019. Microbiota, gut health and chicken productivity: What is the connection? *Microorganisms* 7: 374.
- Dowd, S. E., Callaway, T. R., Wolcott, R. D., Sun, Y., McKeehan, T., Hagevoort, R. G., *et al.* 2008. Evaluation of the bacterial diversity in the feces of cattle using 16S rDNA bacterial tag-encoded FLX amplicon pyrosequencing (bTEFAP). *BMC Microbiol.* 8:125.
- Gardiner, G.E., Metzler-Zebeli, B.U., Lawlor, P.G. 2020. Impact of intestinal microbiota on growth and feed efficiency in pigs: a review. *Microorganisms* 8: 1886.



## Congreso de la Asociación Uruguaya de Producción Animal

14-15 de Diciembre de 2021

Congreso virtual

- Myer, P.R., Wells, J.E., Smith, T.P.L., Kuehn, L.A., Freetly, H.C. 2015. Microbial community profiles of the colon from steers differing in feed efficiency. *SpringerPlus* 4: 454.
- Noel, S.J., Olijhoek, D.W., Mclean, F., Løjvendahl, P., Lund, P., Højberg, O. 2019. Rumen and fecal microbial community structure of Holstein and Jersey dairy cows as affected by breed, diet, and residual feed intake. *Animal* 9: 498.
- O'Hara, E., Neves, A.L.A., Song, Y., Guan, L.L. 2020. The role of gut microbiome in cattle production and health: driver or passenger? *Annu. Rev. Anim. Biosci.* 8: 199-220.