



Imágenes tomadas de: Canva educativo

La importancia de la microbiota intestinal en la fisiología y rendimiento de pollos de engorda y gallinas de postura

The importance of intestinal microbiota on the physiology and performance of broiler chickens and laying hens

Jesús Emiliano Alvarado-López, Elein Hernández*

RESUMEN

El estudio de la microbiota ha adquirido un nuevo enfoque de interés, ya que interviene en diversos procesos fisiológicos involucrados en el desarrollo y rendimiento de los animales domésticos. Participa en el eje-microbiota-intestino-cerebro, con procesos que rigen el sistema nervioso hacia el intestino y viceversa. El objetivo de este trabajo fue identificar la importancia de la microbiota gastrointestinal de pollos de engorda y gallinas de postura y su relación con procesos fisiológicos que afectan el desarrollo, rendimiento, comportamiento y salud. En el tracto gastrointestinal de estas aves se han identificado alrededor de 17 filos de bacterias, con microorganismos predominantes según el sitio anatómico dentro del tracto y por ende con diferente función, por ejemplo, buche: *Lactobacillus*, *Enterobacteriaceae*; proventrículo: *Clostridiaceae*, *Enterococcus*; intestino: *Escherichia*, *Streptococcus*. Distintos factores intervienen en la colonización y desarrollo de la microbiota, desde el programa de alimentación y manejo, tipo de cama y densidad animal, entre otros. Existen microorganismos potencialmente patógenos que impactan negativamente en la microbiota y puedan llegar al consumidor, como *Campylobacter jejuni*, *Salmonella enteritidis* y *Escherichia coli*, de ahí su importancia al momento de trazar las directrices en las producciones pecuarias.

PALABRAS CLAVE: microbiota, metabolismo, avicultura, salud animal, gallinas de postura.

ABSTRACT

There is an increasing interest in microbiota studies due to their relevance in physiological processes such as animal development and productivity. In addition, it is involved in the microbiota-intestine-brain axis that regulates the nervous system to the intestine and vice versa. This paper is aimed at identifying the importance of the broilers and laying hens' gastrointestinal microbiota and its relationship with diverse physiological processes that intervene in the development, productivity, behavior, and health. There are 17 filos of bacteria within the poultry gastrointestinal tract, which are site dependent and have specific functions (Example; crop: *Lactobacillus*, *Enterobacteriaceae*; proventriculus: *Clostridiaceae*, *Enterococcus*; intestine: *Escherichia*, *Streptococcus*). In addition, different factors affect the development of microbiota such as the feeding program, handling, kind of substrate, stocking density, among others. There are several potentially pathogenic microorganisms that impact microbiota negatively and may reach the final consumer such as *Campylobacter jejuni*, *Salmonella enteritidis* and *Escherichia coli*. Therefore, it is important to continue supporting poultry microbiota research and areas of opportunity to improve poultry production.

KEY WORDS: microbiota, metabolism, broiler, animal health, laying hens.

*Correspondencia: elein_ht@comunidad.unam.mx/Fecha de recepción: 13 de marzo de 2023/Fecha de aceptación: 27 de noviembre de 2023/Fecha de publicación: 30 de enero de 2024.

Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, Departamento de Ciencias Pecuarias, Campo 4, carretera Cuautitlán-Teoloyucan km 2.5, col. San Sebastián Xhala, Cuautitlán Izcalli, Estado de México, México, C. P. 54714.

INTRODUCCIÓN

El término “microbiota” se refiere a todos los microorganismos vivos (principalmente bacterias) que se encuentran en un espacio delimitado (Kogut, 2019). Se compone por bacterias, arquea, virus, protozoarios y hongos. Se diferencia del término “microbioma”, ya que este incluye, además de los microorganismos, todo el espectro de moléculas que producen los mismos, ácidos nucleicos, proteínas, lípidos, polisacáridos, así como metabolitos y moléculas que se generan de la interacción con otros microorganismos, con el organismo o con las condiciones microambientales (Kogut, 2019; Kraimi y col., 2019).

En años recientes se ha buscado definir una “microbiota saludable”, ya que esta depende de diversos factores, que son señalados como marcadores para su cumplimiento, y a su vez son influenciados por distintos factores que afectan a los animales de forma individual, como la resistencia (habilidad de las bacterias para resistir perturbaciones del entorno), resiliencia (capacidad de las bacterias de regresar al estado basal), riqueza (número total de microorganismos en el medio), y diversidad (total de especies de microorganismos en el medio), la formación de biopelículas (estructuras formadas por comunidades de microorganismos que se adhieren a una superficie) e interacción entre microorganismos (relaciones y comunicación que ocurren entre diferentes tipos de microorganismos). Algunos de esos microorganismos pueden convivir en simbiosis con el organismo, donde este proveerá de nichos a lo largo del tracto digestivo y del bolo alimenticio, que les sirve de sustrato (Berding y col., 2021); a su vez, los microorganismos metabolizarán los componentes del bolo, lo cual brinda un beneficio al organismo mediante la producción de ácidos grasos de cadena corta como el butirato y propionato (Cao y col., 2021). Otros microorganismos presentes en la microbiota son potenciales patógenos, y a través de algún desequilibrio en el medio se puede desencadenar su proliferación provocando enfermedades (Marmion y col., 2021).

La clasificación basada en las funciones que ejercen los microorganismos en el individuo, los divide en aquellos que participan en la fermentación de carbohidratos, degradación de proteínas o lípidos, los que ejercen una función de barrera, y los que intervienen en la síntesis de neurotransmisores, entre otras funciones (Rowland y col., 2018; Berding y col., 2021). Otra clasificación propuesta, sugiere dividir a las bacterias que se encuentran presentes en el lumen y el bolo alimenticio, las cuales tienen o no la acción de modificar las condiciones microambientales y de participar en la digestión de los alimentos; están influenciadas por el paso del contenido intestinal, sustancias antimicrobianas (antibióticos principalmente) y el tipo de alimento; separándola de la microbiota que se destaca por su capacidad de relacionarse con el enterocito en funciones para la absorción de nutrientes, o bien en condiciones de enfermedad para la destrucción de los mismos (Rowland y col., 2018; Qamar y col., 2020). También pueden clasificarse de acuerdo a su temporalidad como “microbiota de tránsito” y “microbiota funcional”. La primera aparece en algún punto en específico del crecimiento o adición de algún elemento en el medio ambiente o dieta y puede o no tener una influencia sobre los procesos fisiológicos del animal; mientras que la segunda normalmente es estable por tiempos más prolongados e interviene en mayor medida en los procesos fisiológicos que desarrolla el organismo (Hammer y col., 2019; Berding y col., 2021).

El presente trabajo tuvo como objetivo identificar la relación que tiene la microbiota del tracto gastrointestinal de pollos de engorda y gallinas de postura con los procesos fisiológicos, que afecten el desarrollo, rendimiento, comportamiento y salud de las aves comerciales.

Metodología de búsqueda de la literatura

Se enfocó principalmente en aspectos generales de la microbiota, orientados hacia pollos y gallinas. Se utilizaron los términos “microbiota” “microbiota poultry” “microbiota behaviour” “microbiota environment poultry”

“microbiota development poultry” “microbiota broiler”, y “microbiota gut brain axis” en la base de datos de Biblioteca Digital UNAM, Google Académico (Google Scholar) y Researchgate, en el periodo de julio de 2020 a enero 2023. La búsqueda y selección del material se basó en la declaración PRISMA 2020 para la publicación de revisiones sistemáticas, considerando los criterios de: título, resumen, justificación, objetivos, criterios de elegibilidad, fuentes de datos, estrategia de búsqueda, proceso de selección de estudios, proceso de extracción de datos, evaluación del riesgo de sesgo, métodos de síntesis, selección de estudios y discusión (Page y col., 2021). Se buscó no tener revisiones o investigaciones similares por autor, eligiendo los documentos más recientes para minimizar la información repetida. Se localizaron 41 trabajos y en el presente documento se plasmaron los elementos más importantes de los mismos, para un mayor entendimiento del tema.

La microbiota intestinal de pollos y gallinas de avicultura

El tracto gastrointestinal es el área con mayor abundancia y diversidad de microorganismos presentes. Estudios recientes han encontrado evidencia de que cambios en la microbiota repercuten de manera significativa en procesos inmunológicos, de crecimiento, metabólicos, desarrollo neurológico, comportamiento, salud, rendimiento y salubridad (Oakley y col., 2014; Rowland y col., 2018; Kraimi y col., 2019).

En el caso de las bacterias presentes en el tracto gastrointestinal de las aves domésticas, se han identificado alrededor de 17 filos, los más dominantes incluyen Firmicutes, Cyanobacteria, Actinobacteria, Proteobacteria y Bacteroidetes, que en conjunto representan el 99 % de la flora presente en el duodeno e íleon. Sin embargo, los microorganismos dominantes varían dependiendo de la estructura anatómica dentro del tracto gastrointestinal (Lv y col., 2021).

En las aves, la cavidad oral y la faringe forman una cavidad en común llamada orofarin-

ge a diferencia de los mamíferos que presentan dos cavidades separadas que convergen en una sola con el mismo nombre. Las aves toman el alimento con el pico y lo combinan con saliva, aunque la secreción de esta es muy poca, cumple como lubricante con la función de humedecer y facilitar el paso del alimento al esófago, que se dispone entre la orofaringe y el estómago glandular, y se divide en esófago cervical y torácico. En el esófago cervical se encuentra el buche, cuya función es almacenar alimento para que se reblandezca y favorecer su posterior digestión; si el ave está en ayuno, el alimento pasa directamente al proventrículo (estómago glandular), donde tiene lugar la segregación de los jugos gástricos que actúan sobre las proteínas, degradándolas para favorecer su posterior absorción. El ventrículo o molleja tritura y macera el alimento mediante contracciones musculares, que posteriormente pasará al intestino delgado, integrado por el duodeno, yeyuno e íleon. En dicha porción del tracto se lleva a cabo la absorción de nutrientes. Finalmente, pasa al intestino grueso, formado por un par de sacos ciegos, colon y al final la cloaca, en donde el alimento es expulsado en forma conjunta con la orina (Yadav y Jha, 2019; Wickramasuriya y col., 2022).

Uno de los factores que afectará tanto la función del tracto digestivo, así como la proliferación de microorganismos en el mismo, es la variación del pH dentro del tracto gastrointestinal. El pH varía en cada porción del tracto, por factores intrínsecos de la dieta, como es el tipo de presentación del alimento, o bien, el pH del agua que les es brindada a los animales (Angel y col., 2013; Valladares-de-la-Cruz, 2019). En la Tabla 1 se puede ver la diferencia de pH a lo largo del tracto digestivo de los pollos y gallinas de postura; mientras que en la Figura 1 se puede observar un esquema de su tracto gastrointestinal.

Cambios de la microbiota por etapas de producción

En estas aves, el proceso de mejoramiento genético se ha llevado a cabo por décadas, con el

■ Tabla 1. Microorganismos predominantes y pH tisular, según su localización en el tracto digestivo en pollos y gallinas de postura.

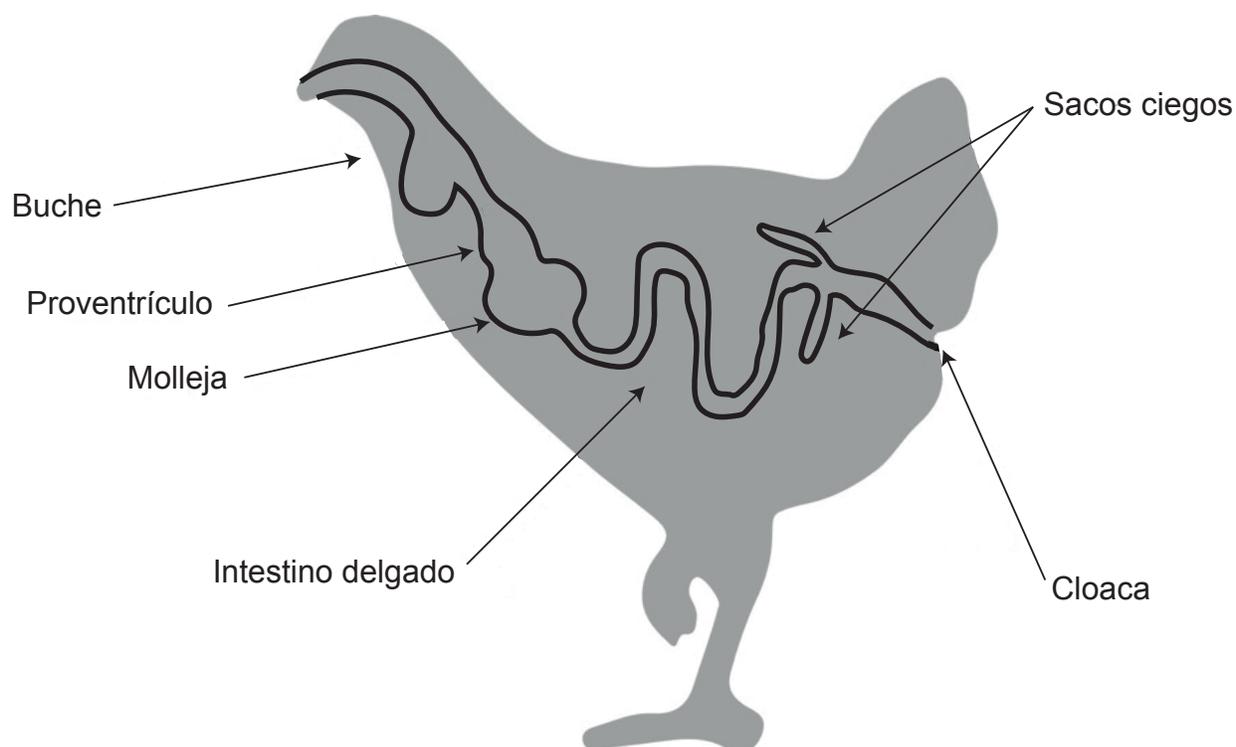
Table 1. Predominant microorganisms and pH tissue according to their location in the digestive tract on broilers and laying hens.

Microorganismos predominantes	Densidad bacteriana (cel/gramo)	Referencia
Buche (pH 6.75) (Ravindran, 2013; Valladares-de-la-Cruz, 2019)		
<i>Lactobacillus, Clostridiaceae, Bifidobacterium, Enterobacteriaceae, Enterococcus, Gallibacterium, Staphylococcus, Escherichia.</i>	10 ⁹	Rehman y col. (2007); Sekelja y col. (2012); Yeoman y col. (2012); Clavijo y Flores (2018); Valladares-de-la-Cruz (2019); Yadav y Jha (2019); Rychlik (2020); Shivajyothi y Krishna (2020)
Ventrículo y proventrículo (pH 2.5 a 3.5) (Ravindran, 2013; Valladares-de-la-Cruz, 2019)		
<i>Lactobacillus, Candidatus, Clostridiaceae, Enterococcus, Faecalibacterium, Acetanaerobacterium, Peptococcus, Ruminococcus, Escherichia, Gallibacterium, Bifidobacterium, Streptococcus, Staphylococcus.</i>	10 ⁸	Rehman y col. (2007); Sekelja y col. (2012); Yeoman y col. (2012); Yadav y Jha (2019); Rychlik (2020); Shivajyothi y Krishna (2020)
Duodeno (pH 5 a 6) (Ravindran, 2013; Valladares-de-la-Cruz, 2019)		
<i>Lactobacillus, Streptococcus, Ruminococcus, Faecalibacterium, Oscillospira, Coprococcus, Enterococcus, Turicibacter, Candidatus, Flavibacterium, Clostridium.</i>	10 ⁹ a 10 ¹¹	Yeoman y col. (2012); Clavijo y Flores (2018); Rychlik (2020); Shivajyothi y Krishna (2020); Lv y col. (2021)
Íleon (pH 7.9 a 7.5) (Ravindran, 2013; Valladares-de-la-Cruz, 2019)		
<i>Escherichia, Lactobacillus, Streptococcus, Enterobacteriaceae, Clostridiaceae, Turicibacter, Helicobacter, Ruminococci, Faecalibacterium, Ruminococcus, Thermus, Oscillospira, Coprococcus, Candidatus, Flavibacterium, Staphylococcus, Gallibacterium.</i>	10 ⁹ a 10 ¹¹	Torok y col. (2011); Yeoman y col. (2012); Van-der-Hoeven-Hangoor y col. (2013); Ravindran (2013); Clavijo y Flores (2018); Yadav y Jha (2019); Rychlik (2020); Shivajyothi y Krishna (2020); Lv y col. (2021)
Ciego (pH 8.0) (Ravindran, 2013; Valladares-de-la-Cruz, 2019)		
<i>Lactobacillus, Bacteroides, Clostridium, Bifidobacterium, Ruminococcus, Faecalibacterium, Candida, Acetanaerobacterium, Peptococcus, Bilophila, Enterococci, E. coli, Meganomonas, Olsenella, Collinsella, Cloacibacillus, Anaerotruncus, Eubacterium, Streptococcus, E. cecorum</i>	> 10 ¹¹	Rehman y col. (2007); Torok y col. (2011); Yeoman y col. (2012); Stanley y col. (2013); Ravindran (2013); Clavijo y Flores (2018); Yadav y Jha (2019); Shivajyothi y Krishna (2020); Rychlik (2020)

continúa...

Heces (pH 6.8) (Ravindran, 2013; Valladares-de-la-Cruz, 2019)		
<i>Lactobacillus, Clostridium, Fecalibacterium, Ruminococcus, Bacillus, Eubacterium, Fusobacterium, Escherichia, Enterococcus, Streptococcus</i>	*	Sekelja y col. (2012); Yeoman y col. (2012); Trawińska y col. (2016); Clavijo y Flores (2018); Yadav y Jha (2019)

*La concentración y presencia de bacterias pueden depender de las condiciones atmosféricas, estacionales y contaminación con el ambiente.



■ **Figura 1. Esquema del tracto gastrointestinal de las aves domésticas.**

Figure1. Domestic poultry gastrointestinal tract diagram

objetivo de aumentar la eficiencia productiva, asociado a una eficiente conversión de alimento en masa corporal a través de la extracción de nutrientes. Adicionado a esto, se ha buscado una buena relación entre su metabolismo y funciones bioquímicas con la microbiota intestinal y los procesos que lleva a cabo, desde la degradación de los alimentos, hasta la síntesis de componentes, como los ácidos grasos de cadena corta o vitaminas, con efectos benéficos, al inducir mayor

rendimiento en tiempos de producción más cortos (Stanley y col., 2014; Qamar y col., 2020).

La microbiota de las aves está compuesta por aproximadamente 900 especies diferentes de microorganismos, y tan solo alrededor del 45 % de ellos pueden, con seguridad, asignarse a un género conocido (Stanley y col., 2014). La colonización de dichos microorganismos en el tracto gastrointestinal ocurre inmedia-

tamente después de la eclosión, incluso el microambiente de la incubadora influirá en las especies de microorganismos que estarán presentes, así como el manejo, material de la cama, alimento, transporte, recursos de enriquecimiento ambiental, agua, y otras aves, por lo tanto la colonización y el tipo de microbiota que se alojará en el tracto de las mismas es multifactorial (Stanley y col., 2014; Qamar y col., 2020; Seidlerova y col., 2020).

Estudios recientes le han dado seguimiento al establecimiento de la microbiota en las aves y muestran que la inoculación que empieza inmediatamente después de la eclosión, llega a una concentración de 10^8 a 10^{10} células microbianas/gramo de muestra, posterior al primer día, siendo bacterias como *Lactobacillus* spp, *Bifidobacterium* spp, coliformes y clostridios las más abundantes en esta edad. Posteriormente alcanza cierta estabilidad después del día 3, fluctuando con los cambios de alimentación (Stanley y col., 2014). Luego de la semana de edad, se comienza a ver una clara separación de la composición de la microbiota en las diferentes partes del tracto, ya que las bacterias que se alojan ahí ayudan con las actividades específicas que tiene cada sección, por ejemplo, las bacterias alojadas en mayor abundancia en el ciego ayudarán con la fermentación de los componentes del bolo alimenticio, mientras que las que están a lo largo del intestino delgado ayudarán en la degradación de los alimentos a componentes más simples, favoreciendo su absorción (Stanley y col., 2014). Dicha microbiota queda totalmente establecida hasta los 20 d de edad (Marmion y col., 2021). Autores como Oakley y col. (2014), mencionaron que a lo largo de la vida de los animales la composición de la microbiota se modifica, principalmente cuando se realizan variaciones en la dieta, o por la adición de un aditivo en ella, esto debido al cambio en las cantidades de nutrientes usadas en diferentes etapas del ciclo de producción (Oakley y col., 2014). Dado lo anterior, autores como Kayal y col. (2022) evaluaron la posibilidad de ejercer una mo-

dificación temprana y oportuna sobre la microbiota, mediante la aplicación de un producto probiótico a la recepción de los animales, obtuvieron un mejor peso en el grupo tratado a comparación del grupo control, y una composición de la microbiota más diversa y estable, demostrando que se puede ocupar como herramienta para obtener mejores parámetros productivos e incluso prevenir la colonización de potenciales patógenos.

Factores que afectan el establecimiento y diferenciación de la microbiota

Diversos factores influyen en la colonización de la microbiota, como manejo (lotificación por edad, bioseguridad, buenas prácticas pecuarias), alojamiento (pastoreo vs. sistema intensificado), genética, fin zootécnico, edad, y dieta. Una práctica común de manejo es mantener parvadas de la misma edad durante el mismo ciclo producción y evitar introducción de especímenes de diferente origen, es decir, las aves jóvenes o inmediatamente después de la eclosión, no conviven con las adultas, lo cual elimina la probabilidad de que la microbiota de estas últimas sea un inóculo primario a través del contacto con las heces o plumas y tenga un efecto en el desarrollo y establecimiento de la microbiota del ave joven. Las prácticas enfocadas a la higiene, tanto en la incubadora como en el alojamiento de los animales, la limpieza y desinfección está enfocada en eliminar las altas cargas bacterianas, específicamente bacterias patógenas, como puede ser *Salmonella*, *Escherichia* potencialmente patógena y *Mycobacterium* (Stanley y col., 2014). Las buenas prácticas pecuarias de bioseguridad implican limpieza al entrar en contacto directo con los animales, así como limpieza de material y de cajas de transporte, ya que también podrían participar como inóculo del tipo de microbiota que se alojará en el tracto digestivo. Es por eso que el manejo deberá de ser el adecuado para propiciar que sean las bacterias benéficas las que colonicen a los animales, por ello muchas veces se opta por la utilización de productos como los probióticos (Stanley y col., 2014; Shivajothi y Krishna, 2020; Kayal y col., 2022).

Las condiciones ambientales de alojamiento como el sustrato, materiales de la cama, tipos de comederos y bebederos, condiciones de humedad, temperatura y ventilación, entre otras, afectan la microbiota e influenciarán el tipo de microorganismos que colonizan el tracto (Mancabelli y col., 2016). Seidlerova y col. (2020), reportaron un menor número de especies bacterianas y diferenciación en las especies que alojan aves bajo condiciones de producción intensiva, comparado con aquellas en sistema de pastoreo, mostrando estas últimas un notorio incremento de Bacteroidetes y proteobacterias en comparación con otros filos bacterianos (Seidlerova y col., 2020). En forma similar, Mancabelli y col. (2016) documentaron diferencias en los filos del tracto digestivo de pollos bajo distintas condiciones de producción; Firmicutes fueron reportados como microorganismos predominantes en el sistema tecnificado, mientras Bacteroidetes predominaron en el de libre pastoreo.

Los factores intrínsecos de los animales, como las diferencias genéticas de las aves y por ende el tipo de dieta diseñado específicamente para el fin zootécnico del ave comercial, también son determinantes para la colonización (Wickramasuriya y col., 2022). Un ejemplo es el ratio de Bacteroidetes: Actinobacter en las líneas de gallinas reproductoras de la línea Cobb, que fue más bajo comparado con la línea Ross de pollos de engorda (Marmion y col., 2021). Es decir, el perfil de microbiota se puede ver afectado por la línea genética y su fin zootécnico, en este caso, las reproductoras (no destinadas a consumo), comparado con las de abasto, las cuales requieren nutrientes, alojamiento y manejo específico para obtener un mejor rendimiento. También se ha observado que en especímenes con una mayor capacidad de conversión alimenticia predominan *Actinetobacter* spp, *Bacteroides* spp, *Clostridium* spp, *Lactobacillus* spp y *Streptococcus* spp, mientras que, en los que presentan conversiones bajas tienen una mayor abundancia solo en *Lactobacillus* (Marmion y col., 2021). El sexo del ave también es una determinante del tipo de microbiota,

ya que se ha reportado que machos y hembras solo tienen un 30 % de similitud en sus comunidades microbianas, diferenciándose principalmente en abundancia de *Lactobacillus salivarius*, *L. crispatus*, *L. aviaries* y *Escherichia coli.*, una causa posible de esta diferencia es por los criterios de selección; en el caso de los pollos se busca la utilización de solo machos, y para el caso de líneas de postura se busca la utilización y mejoramiento de las hembras (Wickramasuriya y col., 2022).

La edad también influye, se espera que el temprano establecimiento de la microbiota ayude a la maduración del sistema inmune, por lo tanto, las bacterias que se alojan primariamente en el tracto no forzosamente estarán a lo largo de la vida del animal. En dicho sentido, se han encontrado géneros que están presentes a lo largo de toda la vida de las aves, los cuales son *Halomonas* spp, *Lactobacillus* spp, *Bacteroides* spp y *Enterococcus* spp (Wickramasuriya y col., 2022).

La dieta y los elementos que la componen es quizá el factor que más influencia tiene en el desarrollo y establecimiento de la microbiota de los animales, no obstante, a lo largo de un ciclo productivo se ofrecen diversas dietas para lograr el objetivo de producción y algunos componentes pueden participar en la colonización y establecimiento de ciertos grupos bacterianos, por ejemplo, un alto contenido de fibra se ha asociado a una mayor colonización de *Bifidobacterium* spp, *Lactobacillus* spp, *Akkermanasia* spp, *Faecalibacterium* spp, *Roseburia* spp, *Bacteroides* spp y *Prevotella* spp, y también se ha indicado que puede propiciar una reducción en enterobacterias, siendo la celulosa uno de los componentes de la dieta que más presenta este efecto (Berding y col., 2021).

Los lípidos tendrán un efecto dependiendo su tipo. Se ha reportado que ácidos grasos de cadena media pueden incrementar la abundancia de *Bifidobacterium* spp, *Bacteroides* spp y *Prevotella* spp así como una reducción de *Clostridium* spp. y *Helicobacter* spp. (Berding y col., 2021).

En cuanto a las proteínas y aminoácidos, las dietas ricas en proteína animal propician la abundancia de *Peptostreptococcaceae* spp, *Ruminococcaceae* spp, *Enterococcus* spp, *Streptococcus* spp, *Turicibacter* spp y *Escherichia* spp, a comparación de las dietas basadas en proteína vegetal que propician la abundancia de *Bifidobacterium* spp, *Roseburia* spp y *Lactobacillus* spp y en menor nivel, la de *Bacteroides* spp y *Clostridium* spp (Berding y col., 2021).

Dietas con diferentes minerales o abundancia de estos afectará cómo y en qué cantidad los microorganismos colonizan el tracto, por ejemplo, la suplementación con hierro ha demostrado que incrementan la abundancia de organismos como *Bacillus cereus*, *Staphylococcus aureus*, *Clostridium difficile* y *Salmonella* spp, que contribuyen en procesos de inflamación intestinal (Berding y col., 2021).

Es probable que los programas de vacunación tengan un efecto en el desarrollo de la microbiota. Orso y col. (2021) identificaron que pollos de engorda vacunados contra coccidias, mediante una vacuna viva, presentaron una disminución en el porcentaje de Bacteroidetes, responsables de producción de ácidos grasos de cadena corta que mejoran la salud intestinal. Lo cual es consistente con el pobre desempeño productivo observado, comparado con el grupo que recibió un tratamiento de salinomicina. Esto demuestra lo sensible que es dicho medio y su forma de colonización durante el desarrollo, e incluso en etapas ya adultas, puesto que los calendarios de vacunación y alimentación animal cambian según las diferentes etapas a lo largo de un ciclo de producción.

Es importante considerar que las nuevas tendencias de producción al aire libre, principalmente, participarán de forma diferente en cómo se coloniza la microbiota, y que las bacterias estarán presentes en mayor abundancia (Berding y col., 2021). Las diferencias que existen entre los diferentes tipos de ave (línea genética, sexo, edad, propósito, tipo de dieta),

y la microbiota que van a albergar estas a lo largo del tracto gastrointestinal, también dependerá de las condiciones microambientales de cada porción del tracto; cada parte del mismo estará especializada en una acción, y tendrá una concentración de pH diferente afectando a los tipos de microorganismos que se pueden albergar ahí (Tabla 1) (Yeoman y col., 2012; Oakley y col., 2014; Stanley y col., 2014; Kraimi y col., 2019).

Eje microbiota-intestino-cerebro

La relación entre la microbiota y el sistema nervioso de los animales, conocida como “eje-microbiota-intestino-cerebro” (microbiota-gut-brain-axis, en inglés) y sus acciones, influyen en el desarrollo cerebral, procesos neuronales, procesos relacionados a la percepción del dolor, eje hipotálamo-hipofisario y el comportamiento de las aves, y otros animales, incluyendo al humano (Qi y col., 2021). Estas acciones son de suma relevancia para el bienestar, por relacionarse con el estrés, memoria, comportamiento de alimentación, comportamiento social, desarrollo de los animales, crecimiento y el estado inmunológico, así mismo el cerebro modula la fisiología y composición de la microbiota y el sistema inmune entérico, dándose una retroalimentación que ejercen las tres partes del eje, la microbiota, el tracto digestivo y el sistema nervioso (Kraimi y col., 2019; Qi y col., 2021). El eje ha sido bien documentado, principalmente en mamíferos, pero existe poca información en cómo impacta en la salud de las aves (Kraimi y col., 2019; Queiroz y col., 2020; Berding y col., 2021; Cao y col., 2021; Qi y col., 2021). En estas últimas se ha reportado que los estímulos de inflamación intestinal, el epitelio, los músculos del tracto y el sistema inmune transmiten señales al sistema nervioso, lo cual también propicia la circulación de citocinas hacia el tracto, siendo el nervio vago el que tiene gran participación en la transmisión de dichas señales. Estos estímulos activan el eje hipotálamo-pituitario-adrenal que incrementa los niveles de corticosterona, por lo cual, se da una combinación de factores que desencadenan al final en una baja en el consu-

mo de alimento, pérdida de peso, pérdida de movimiento y aumento en el comportamiento de descanso, que son considerados como signos de enfermedad (Wickramasuriya y col., 2022).

También en aves se ha estudiado la participación del eje en condiciones de enfermedad, es el caso de la enteritis necrótica, donde se muestra un marcado cambio en el comportamiento de descanso, caminar, alimentación y el estado estático. Los microorganismos presentes generan componentes neuro activos que actúan localmente en el sistema nervioso entérico y que pasarán a la circulación sanguínea, estas señales llegan al cerebro y modulan la cognición y el comportamiento, todo derivado de los cambios en la salud del tracto digestivo (Wickramasuriya y col., 2022). Se demostró que la exposición a *Clostridium perfringens* resultó en un aumento en los niveles del neurotransmisor dopamina, en tanto que, la exposición a *Eimeria* spp indujo una reducción en la producción de la molécula (Wickramasuriya y col., 2022).

Funciones de la microbiota en el organismo

La participación de la microbiota en los procesos fisiológicos de un organismo es de muchas maneras más importante de lo que se puede llegar a pensar, ya que un desequilibrio en la misma repercute no solo en enfermedades intestinales y/o mantenimiento de la homeostasis intestinal de los animales (Oakley y col., 2014), sino que, también facilita la aparición de diversos problemas que se conjuntan con procesos infecciosos, patógenos y desórdenes metabólicos, como la disbacteriosis (Kraimi y col., 2019). Por ejemplo, los sacos ciegos son una porción intestinal relevante en cuanto a microbiota cecal, ya que es uno de los lugares con mayor abundancia y diversidad microbiana. En esta porción, el bolo alimenticio pasa el mayor tiempo de digestión y aquí se llevan a cabo procesos fisiológicos importantes, incluyendo el reciclaje del ácido úrico, que es convertido por algunos microorganismos para la formación de aminoácidos, como la glutamina, además de la regulación del

agua y fermentación de carbohidratos, lo cual tiene una importante contribución en la salud intestinal, nutrición y eficiencia alimentaria (Oakley y col., 2014). Es por ello que, la microbiota ejerce un efecto sobre el organismo y se regula mediante señalización química, procesos endocrinológicos e inmunológicos y competencia hacia otros microorganismos (Qamar y col., 2020; Cao y col., 2021).

La interacción entre el organismo y la microbiota se puede dar por procesos inmunológicos por competencia, para impedir el establecimiento de patógenos (Rowland y col., 2018; Cao y col., 2021; Qi y col., 2021; Queiroz y col., 2022).

Las señales químicas que ejercen los microorganismos se dan mediante productos de su metabolismo. Un ejemplo es la fermentación de ciertos carbohidratos que resultan en la producción de ácidos grasos de cadena corta, como lo son el butirato, el cual se ha relacionado con microorganismos pertenecientes a los *Firmicutes*, el propionato que es un recurso energético para las células epiteliales y ha sido relacionado con especies de *Bacteroides* spp. y algunas especies de *Clostridium* spp (Rowland y col., 2018; Cao y col., 2021; Qi y col., 2021; Queiroz y col., 2022).

También se ha señalado que los microorganismos pueden sintetizar algunos neurotransmisores, por ejemplo, microorganismos de los géneros *Bacteroides* spp, *Bifidobacterium* spp, *Lactobacillus* spp y *Escherichia* spp producen el ácido gamma aminobutírico, inhibidor del sistema nervioso; *Bacillus* spp y *Lactobacillus plantarum* se relacionan con la producción de acetilcolina (neurotransmisor esencial para la comunicación entre células nerviosas). Mientras que *Streptococcus* spp *Escherichia* spp y *Lactococcus* spp son relevantes para el metabolismo de triptófano, y por ende la síntesis de serotonina (neurotransmisor relacionado con el estado de ánimo, regulación del sueño, apetito y estrés); en tanto estudios *in vitro* de bacterias como *Escherichia* spp y *Staphylococcus aureus* han reportado producción de dopamina (neurotransmisor relacionado con las fun-

ciones cognitivas y el estado de ánimo). Por lo que se puede confirmar la participación de bacterias en la función del sistema nervioso, y el estado emocional de los animales (Rowland y col., 2018; Cao y col., 2021; Qi y col., 2021; Queiroz y col., 2022).

Otro resultado del metabolismo de los grupos bacterianos son la formación de células enteroendócrinas que regulan hormonas como la colecistoquinina, que participa en la modulación del apetito y el mantenimiento de la homeostasis de la glucosa, o la síntesis de algunos metabolitos que se comunican con el sistema nervioso como ácidos biliares, que intervienen en procesos de desintoxicación y la respuesta inmune intestinal (Qi y col., 2021).

En el caso del sistema inmune, uno de los efectos observados es que la microbiota media el desarrollo y función de la microglía (célula del sistema nervioso involucrada en la respuesta inflamatoria con capacidad fagocitaria), y de las interleucinas que tienen un papel importante en la comunicación entre células del sistema inmune, participando principalmente en procesos de inflamación (Berding y col., 2021; Cao y col., 2021; Qi y col., 2021). Algunos reportes indican que los procesos de inflamación pueden alterar la integridad de la barrera hematoencefálica, que permite el paso de moléculas que activan la microglía y el potencial proinflamatorio de los astrocitos, que pueden desencadenar en la destrucción de neuronas e interrupción de procesos cerebrales y nerviosos, o bien, por competencia contra microorganismos patógenos, impidiendo que estos se alojen en el intestino (Berding y col., 2021; Cao y col., 2021; Qi y col., 2021). Cuando bacterias consideradas patógenas aumentan su abundancia, pueden causar problemas como la enteritis necrótica, que conduce a la reducción y destrucción de las vellosidades, lo cual repercutirá en el rendimiento de los animales, esto es el caso de *Clostridium perfringens* (Qamar y col., 2020).

Se ha sugerido que la microbiota puede funcionar como mediador o moderador en las res-

puestas conductuales del organismo, las cuales no dependen totalmente de la microbiota, pero participa en cómo se expresan las conductas del organismo. Esto se ha estudiado mediante la transferencia de microbiota, de ratones alimentados con dietas altas en grasas hacia ratones con dietas convencionales, resultando en una alteración del comportamiento basal de estos últimos ratones (Berding y col., 2021).

Otro efecto observado, es el comportamiento y relación de la microbiota durante el estrés calórico, que es uno de los principales problemas que puede aquejar a las aves comerciales. Se ha identificado que el tracto digestivo responde a este tipo de estrés con cambios en el intestino, tanto en estructura, función y la composición de su microbiota, donde la prevalencia y proliferación de organismos patógenos, como *Salmonella* spp, se incrementa, es decir, por efecto del estrés calórico se induce una reducción en su apetito e ingesta de alimento, lo que puede modificar la microbiota (Cao y col., 2021). Se ha reportado un incremento de Firmicutes con una disminución de Proteobacteria, siendo familias como *Turicibacteriaceae*, *Ruminococcaceae* y *Enterobacteriaceae*, los microorganismos que proliferan en estas condiciones; en el caso específico de gallinas de postura, se reporta un incremento en *Escherichia* spp, *Shigella* spp y *Clostridium* spp (Cao y col., 2021).

El picaje es otro de los problemas conductuales que más se presenta en las aves, el cual se da cuando picotean el plumaje de otras, causando un daño que puede ser leve, a incluso llegar a desencadenar el canibalismo. Si bien, dicho comportamiento depende de muchos factores, se ha encontrado evidencia que lo relaciona con la composición de la microbiota, donde algunas líneas de gallinas están predisuestas a un alto picaje y tienen una composición en la microbiota diferente a las líneas que manifiestan bajo picaje (Van-der-Eijk y col., 2019). Las primeras tienen una mayor presencia de clostridios y menor en *Lactobacillus* spp, com-

parado con las de un bajo picaje (Van-der-Eijk y col., 2019).

Los bajos niveles de *Lactobacillus* spp en la microbiota pueden modular algunos comportamientos. En ratones se observó que dietas adicionadas con *Lactobacillus rhamnosus* redujeron comportamientos sugerentes a ansiedad y depresión (Bravo y col., 2011); por lo que el bajo contenido de estos microorganismos en líneas genéticas de gallinas, que predisponen al picaje, pueden explicar la sobreexpresión de dicho comportamiento no deseado (Van-der-Eijk y col., 2019). No obstante, la relación entre el picaje y composición microbiana intestinal ha sido cuestionada, ya que no fue posible identificar dicha relación en otro estudio con gallinas ponedoras (Borda-Molina y col., 2021). Estos últimos resultados resaltan la importancia de seguir investigando la relación de la microbiota y comportamientos, tanto deseados (baño de tierra) como no deseados (picaje), para así encontrar áreas a mejorar en la avicultura (Borda-Molina y col., 2021).

Uno de los productos inevitables del metabolismo de la microbiota es la producción de gases, que es el resultado de la fermentación anaerobia que realizan los microorganismos dentro del tracto digestivo y que son expulsados al momento de las deyecciones. El hidrógeno parecen ser producto de la microbiota asociada a *Bacteroides* spp y *Clostridium* spp. Otro gas de emisión es el dióxido de carbono, el cual está asociado a algunas especies de *Clostridium* spp que producen adicionalmente nitrógeno (Rowland y col., 2018).

Se ha señalado, que los *Bacteroides* spp y *Protonibacterium* spp son especies predominantes que actúan sobre proteínas, reduciéndolas a péptidos más pequeños o aminoácidos, por sus capacidades de hidrólisis proteica (Qamar y col., 2020). Algunas bacterias tienen la capacidad de sintetizar vitaminas, principalmente vitamina K y algunas vitaminas del complejo B como biotina (B7), cobalamina (B12), ácido nicotínico (B2), ácido pantoténico (B5),

riboflavina (B2) y tiamina (B1), las cuales no solo son importantes para los animales, sino también para el metabolismo de la microbiota (Qamar y col., 2020).

Los animales libres de microbiota y una dieta sin vitamina K, presentan bajos niveles de protrombina y desarrollan hemorragias, indicando la importancia de ambos factores en los procesos de coagulación, por lo que es conveniente fortificar la dieta con vitamina K. Algunos otros componentes de la microbiota rompen los disacáridos no digestibles, oligosacáridos y polisacáridos, sintetizando ácidos grasos de cadena corta, que son una fuente de energía y carbono para el organismo y para otras comunidades bacterianas (Qamar y col., 2020). Además, la microbiota tiene una relación con la actividad de los ácidos biliares, ya que algunos microorganismos son capaces de modificar la estructura y propiedades de los ácidos biliares, lo cual confiere ventajas en sus características antimicrobianas, principalmente en su efecto detergente sobre la membrana bacteriana, limitando la proliferación de algunas bacterias, sobre todo *Bacteroides* spp, *Bifidobacterium* spp, *Clostridium* spp, *Lactobacillus* spp y *Listeria* spp (Rowland y col., 2018).

Otro de los campos que recientemente se ha explorado es su relación y función ante el viroma, que son los virus que se encuentran presentes en los animales, aunque el rol del viroma en la salud y la enfermedad de un organismo no se ha comprendido del todo (Yuan y col., 2020). La forma en que ayuda la microbiota a lidiar con las enfermedades virales, es mediante mecanismos de competición y regulación de mecanismos de inmunidad antiviral, como son la producción de interferones y células antiinflamatorias que promueven la respuesta inmune humoral (Abaidullah y col., 2019). Por ejemplo, en influenza aviar, la cepa viral H9N2 causa alteraciones en la composición de la microbiota intestinal, incrementando los niveles de proteobacterias con lo que se activa el mecanismo de competición que impide la colonización de bacterias

patógenas para los animales. Una microbiota estable evitará una infección secundaria. Mientras que en la enfermedad de Newcastle, la microbiota cecal y duodenal presentan un aumento en las familias *Sinobacteraceae* y *Rhodoplanes*. La microbiota puede propiciar un estímulo hacia las células para la generación de interferón beta o alfa, así como algunas interleucinas como la IL-22 e IL-17. En la enfermedad de Gumboro, el efecto de la inmunosupresión que sufre el ave altera la microbiota, provocando la colonización de *Campylobacter jejuni* y *Salmonella* spp (Yuan y col., 2020). Abaiidullah y col (2019) y Yuan y col. (2022) mencionaron una relación estadística positiva entre microorganismos como *Collinella*, *Faecalibacterium*, *Oscillibacter*, *Holdemanna*, *Pseudoflavonifractor*, *Anaerotruncus*, *Butyriricoccus*, *Bifidobacterium* y la producción de interferones e interleucinas.

Relación entre la microbiota aviar y la salud humana

Campylobacter jejuni, *Salmonella enteritidis* y *Escherichia coli*, bacterias que pueden estar presentes en la microbiota de las aves, son capaces de generar enfermedades en el humano, si las prácticas de manejo, matanza y de procesamiento no son las adecuadas, llegando al producto final y a los consumidores (Oakley y col., 2014; Stanley y col., 2014; Marmion y col., 2021; Saati-Santamaría y col., 2022). Otro tema que puede afectar a los consumidores es el uso de antibióticos, por la generación de resistencia a los mismos por parte de las bacterias. En la industria avícola se ha utilizado a los antibióticos como promotores de crecimiento, ya que tienen una acción sobre la microbiota, donde bacterias potencialmente patógenas pueden generar una resistencia y volverse un problema de salud pública. Debido a ello, varias disciplinas han propuesto alternativas para la reducción del uso de antibióticos. Estas han sido aplicadas eficazmente en el mundo comercial, los productos utilizados incluyen probióticos, prebióticos y simbióticos, que buscan la modulación de la microbiota para eficientizar la producción de alimento (Kogut, 2019; Wickramasuriya y col., 2022).

Modulación de la microbiota

Los probióticos y prebióticos se han convertido en una de las principales opciones para reducir el uso de antibióticos y hacer más eficiente la producción avícola. Son usualmente utilizados posteclosión para propiciar una rápida colonización de bacterias benéficas para los animales, así mismo, se recomienda suministrarlos durante los cambios de dieta, de iniciación a crecimiento y de crecimiento a finalización. De igual manera, se recomienda en casos de disbiosis bacteriana, esto con el fin de buscar un mejor peso, crecimiento y protección contra posibles patógenos (Kogut, 2019; Qamar y col., 2020).

Los probióticos son definidos como microorganismos vivos que, cuando son administrados en cantidades adecuadas, confieren beneficios en la salud del organismo. Usualmente actúan por exclusión competitiva contra bacterias patógenas, mejoramiento de la respuesta inmune y de la función de barrera, producción de bacteriocinas y mejoramiento de la homeostasis intestinal. Los probióticos que han sido utilizados frecuentemente en la industria avícola son *Lactobacillus* spp, *Bacillus* spp, *Bifidobacterium* spp, *Enterococcus* spp y *Escherichia* spp (Kogut, 2019; Qamar y col., 2020).

Los prebióticos son definidos como componentes de alimentos que confieren un beneficio asociado a cierta microbiota. Deben ser resistentes a la hidrólisis y a la absorción, y tienen que ser sustratos exclusivos para los microorganismos de interés. Fructooligosacáridos, inulina, manano oligosacáridos y levaduras han sido utilizados en la industria avícola para mejorar el crecimiento, la conversión alimenticia y la salud intestinal (Oakley y col., 2014; Kogut, 2019; Qamar y col., 2020).

Los simbióticos son la combinación de probióticos y prebióticos, están diseñados no solo para presentar comunidades microbianas benéficas, sino para promover la proliferación de esta microbiota y de otras dentro del tracto digestivo (Kogut, 2019; Qamar y col., 2020).

La microbiota ha sido considerada como un “órgano funcional” más de los organismos, ya que las actividades que realizan por sí mismas, y en las que participan, son de gran importancia para la fisiología de los animales (Kogut, 2019).

CONCLUSIONES

La caracterización de la microbiota gastrointestinal de las aves ha permitido una mejor comprensión de la simbiosis entre los microorganismos y el organismo. Entender con mayor profundidad dicha relación permitirá usar estas poblaciones de microorganismos como herramientas para mejorar el rendimiento y las pautas de la producción animal. Lo anterior incluye la elaboración de nuevos planes de alimentación, el tipo de manejo, el manejo del entorno, e incluso el tratamiento o prevención de ciertas enfermedades. La mo-

dificación de la microbiota, o de las condiciones ambientales que favorezcan una determinada microbiota traerá beneficios no solo productivos, sino también en salud y bienestar animal. Las estrategias que se pueden implementar incluyen aditivos probióticos, prebióticos y simbióticos dirigidos a acciones específicas, con alto impacto en la salud animal, como el correcto funcionamiento de varios sistemas, no solo el gastrointestinal; el nervioso y el inmunológico también se verían beneficiados, además de que podrían minimizarse la presentación de comportamientos no deseados, por lo que su uso será cada vez más común en la avicultura.

DECLARACIÓN DE INTERESES

Los autores declararon no tener conflicto de interés alguno.

REFERENCIAS

- Abaidullah, M., Peng, S., Kamran, M., Yin, Z., and Song, X. (2019). Current findings on gut microbiota mediated immune modulation against viral diseases in chicken. *Viruses*. (11): 1-14.
- Angel, R., Kim, S. W., Li, W., and Jimenez-Moreno, E. (2013). *Velocidad de paso y pH intestinal en aves: Implicaciones para la digestión y el uso de enzimas*. XXIX Curso de Especialización FEDNA. [En línea]. Disponible: https://www.produccion-animal.com.ar/produccion_aves/produccion_avicola/05-13CAP_VIIItrad.pdf. Fecha de consulta: 28 de enero de 2022.
- Berding, K., Vlckova, K., Marx, W., Schellekens, H., Stanton, C., Clarke, G., ..., and Cryan, J. F. (2021). Diet and the microbiota-gut-brain axis: Sowing the seeds of good mental health. *Advances in Nutrition*. (12): 1239-1285.
- Berg, G., Rybakova, D., Fischer, D., Cernava, T., Vergès, M. C. C., Charles, T., ..., and Schloter, M. (2020). Microbiome definition revisited: old concepts and new challenges. *Microbiome*. (8): 1-22.
- Borda-Molina, D., Iffland, H., Schmid, M., Muller, R., Schad, S., Seifert, J., ..., and Camarinha-Silva, A. (2021). Gut microbial composition and predicted functions are not associated with feather pecking and antagonistic behavior in laying hens. *Life*. (11): 1-13.
- Bravo, J. A., Forsythe, P., Chew, M. V., and Cryan J. F. (2011). Ingestion of *Lactobacillus* strain regulates emotional behavior and central GABA receptor expression in a mouse via the vagus nerve. *Biological sciences*. (38): 16050-16055.
- Cao, C., Chowdhury, V. S., Cline, M. A., and Gilbert, E. R. (2021). The microbiota-gut-brain axis during heat stress in chickens: A review. *Frontiers in Physiology*. (12): 1-11.
- Clavijo, V. and Florez, J. (2018). The gastrointestinal microbiome and its association with the control of pathogens in broiler chicken production: A review. *Poultry Science*. (97): 1006-1021.
- Hammer, T., Sanders, J., and Fierer, N. (2019). Not all animals need a microbiome. *FEMS Microbiology Letters*. (366): 1-11.
- Kayal, A., Stanley, D., Radovanovic, A., Horyanto, D., Bajagai, Y., and Hao-Van, T. (2022). Controlled intestinal microbiota colonization in broilers under the industrial production system. *Animals*. (12): 1-19.
- Kraimi, N., Dawkins, M., Gebhardt-Henrich, S. G., Velge, P., Rychlik, I., Volf, J., ..., and Leterrier, C. (2019). Influence of the microbiota-gut-brain axis on behavior and welfare in farm animals: A review.

Physiology and Behavior. (210): 1-12.

Kogut, M. H. (2019). The effect of microbiome modulation on the intestinal health of poultry. *Animal Feed Science and Technology.* (250): 32-40.

Lv, H., Huang, Y., Wang, T., Zhai, S., Hou Z., and Chen, S. (2021). Microbial composition in the duodenum and ileum of yellow broilers with high and low feed efficiency. *Frontiers in Microbiology.* (12).

Mancabelli, L., Ferrario, C., Milani, C., Mangifesta, M., Turrone, F., Duranti, S., ..., and Ventura, M. (2016). Insights into the biodiversity of the gut microbiota of broiler chickens. *Environmental Microbiology.* (18): 4727-4738.

Marmion, M., Ferone, M. T., Whyte, P., and Scannell, A. G. M. (2021). The changing microbiome of poultry meat; from farm to fridge. *Food Microbiology.* (99): 1-16.

Oakley, B. B., Lillehoj, H. S., Kogut, M. H., Kim, W. K., Maurer, J. J., Pedroso, A., ..., and Cox, N. A. (2014). The chicken gastrointestinal microbiome. *FEMS Microbiology Letters.* (360): 100-112.

Orso, C., Stefanello, T. B., Franceschi, C. H., Mann, M. B., Varela, A. P. M., Catro, I. M. S., ..., and Ribeiro, A. M. L. (2021). Changes in the ceca microbiota of broilers vaccinated for coccidiosis or supplemented with salinomycin. *Poultry Science.* (100): 1-9.

Page, M. J., McKenzie, J. E., Bossuyt, P. M., Boutron, I., Hoffmann, T. C., Mulrow, C. D., ..., and Moher, D. (2021). The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *International Journal of Surgery.* (88): 1-9.

Qamar, A., Waheed, J., Hamza, A., Mohyuddin, S. G., Lu, Z., Namula, Z., ..., and Chen, J. J. (2020). The role of intestinal microbiota in chicken health, intestinal physiology and immunity. *Journal of Animal and Plant Sciences.* (31): 342-351.

Qi, M., Tan, B., Wang, J., Liao, S., Deng, Y., Ji, P., ..., and Yin, Y. (2021). The microbiota-gut-brain axis: A novel nutritional therapeutic target for growth retardation. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition.* (62): 4867-4892.

Queiroz, S. A. L., Ton, A. M. M., Pereira, T. M. C., Campagnaro, B. P., Martinelli, L., Picos, A., ..., and Vasquez, E. C. (2022). The gut microbiota-brain axis: A new frontier on neuropsychiatric disorders. *Frontiers in Psychiatry.* (13): 1-10.

Ravindran V. (2013). Feed enzymes: The science, practice, and metabolic realities. *Poultry Science Association.* (22): 628-636.

Rehman, H. U., Vahjen, W., Awad, W. A., and Zentek, J. (2007). Indigenous bacteria and bacterial metabolic products in the gastrointestinal tract of broiler chickens. *Archives of Animal Nutrition.* (61): 319-335.

Rowland, I., Gibson, G., Heinken, A., Scott, K., Swann, J., Thiele, I., and Tuohy, K. (2018). Gut microbiota functions: metabolism of nutrients and other food components. *European Journal of Nutrition.* (57): 1-24.

Rychlik, I. (2020). Composition and Function of Chicken Gut Microbiota. *Animals.* 10(1): 1-20.

Saati-Santamaría, Z., Revilla-Martín, I., García-Fraile, P., and Palacios-Riocerezo, C. (2022). Evolution and predicted functions of the microbiota of the medium-slow growing chicken during the first 4 weeks of chick development. *Annals of Applied Biology.* (181): 9-21.

Seidlerova, Z., Kubasova, T., Faldynova, M., Crhanova, M., Karasova, D., Babak, V., and Rychlik, I. (2020). Environmental impact on differential composition of gut microbiota in indoor chickens in commercial production and outdoor, backyard chickens. *Microorganisms.* (8): 1-11.

Sekelja, M., Rud, I., Knusten, S., Denstadli, V., Westereng, B., Naes, T., and Rudi, K. (2012). Abrupt temporal fluctuations in the chicken fecal microbiota are explained by its gastrointestinal origin. *Applied Environmental Microbiology.* (78): 2941-2948.

Shivajyothi, J. and Krishna, S. (2020). Poultry gut microbiota - Composition and its role in health, immunity and production performance. *Indian Journal of Animal Health.* (52): 164-180.

Stanley, D., Geier, M., Hughes, R., Denman, S., and Moore, R. (2013). Highly variable microbiota development in the chicken gastrointestinal tract. *Plos One.* (8): 1-7.

Stanley, D., Hughes, R. J., and Moore, R. J. (2014). Microbiota of the chicken gastrointestinal tract: Influence on health, productivity and disease. *Applied Microbiology and Biotechnology.* (98): 4301-4310.

Torok, V., Hughes, R., Mikkelsen, L., Perez-Maldonado, R., Balding, K., McAlpine, R., ..., and Ophel-Keller, K. (2011). Identification and characterization of potential performance related gut microbiota in broiler chickens across various feeding trials. *Applied and Environmental Microbiology.* (77): 5868-5878.

Trawińska, B., Chmielowiec-Korzeniowska, A., Nowakowicz-Dębek, B., Tymczyna, L., Bombik, T., Pyrz, M., and Tymczyna-Sobotka, M., (2016). Evaluation of microbial contamination of feces and soil on a laying-hen farm depending on sampling site and season. *Revista Brasileira de Zootecnia*. (45): 190-194.

Valladares-de-la-Cruz, J. C. (2019). *Diferencias Anatómicas, Histológicas y Fisiológicas entre Mamíferos y Aves - BM Editores*. [En línea]. Disponible en: <https://bmeditores.mx/entorno-pecuario/diferencias-anatomicas-histologicas-y-fisiologicas-entre-mamiferos-y-aves-2214/>. Fecha de consulta: 12 de febrero de 2023.

Van-der-Eijk, J., de-Vries, H., Kjaer, J. B., Naguib, M., Kemp, B., Smidt, H., ..., and Lammers, A. (2019). Differences in gut microbiota composition of laying hen lines divergently selected on feather pecking. *Poultry Science*. (98): 7009-7021.

Van-der-Hoeven-Hangoor, E., Van-der-Voosen, J., Shuren, F., Verstegen, M., de-Oliveira, J., Montijn, R., and Hendriks, W. (2013). Ileal microbiota composition of broilers fed various commercial diet compositions. *Poultry Science*. (92): 2713-2723.

Wickramasuriya, S. S., Park, I., Lee, K., Lee, Y., Kim, W. H., Nam, H., Lillehoj, and H. S. (2022). Role of physiology, immunity, microbiota, and infectious diseases in the gut health of poultry. *Vaccines*. (10): 1-30.

Yadav, S. and Jha, R. (2019). Strategies to modulate the intestinal microbiota and their effects on nutrient utilization, performance, and health of poultry. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. (10): 1-11.

Yeoman, C. J., Chia, N., Jeraldo, P., Sipos, M., Goldenfeld, N. D., and White, B. A. (2012). The microbiome of the chicken gastrointestinal tract. *In Animal health research reviews/Conference of Research Workers in Animal Diseases*. (13): 89-99.

Yuan, L., Hensley, C., Mahsoub, H. M., Ramesh, A. K., and Zhou, P. (2020). Microbiota in viral infection and disease in humans and farm animals. *Progress in Molecular Biology and Translational Science*. (171): 15-60.