

1. INTRODUCCIÓN

El desarrollo de técnicas de secuenciado masivo de ADN bacteriano ha permitido estudiar las comunidades bacterianas (microbioma) en animales de producción. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar el microbioma en heces de novillos y explorar su asociación con la ganancia diaria de peso (GDP), uno de los atributos productivos más relevantes.

2. MATERIALES Y MÉTODOS

Durante 215 días se manejaron independientemente 2 grupos de novillos (G1 y G2) en la Unidad Experimental Palo a Pique (INIA). Al final del periodo, se tomaron muestras de heces del recto de 6 novillos por grupo ($n = 12$), correspondiendo a los 3 animales con menor GDP (G1: 556 ± 19 ; G2: 480 ± 10 g/a/d) y los 3 animales con mayor GDP (G1: 714 ± 25 ; G2: 685 ± 29 g/a/d). De cada muestra se extrajo ADN (QIAamp PowerFecal 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 cuales se asignaron a grupos taxonómicos bacterianos usando la base de datos SILVA v132 (Quast et al., 2013) para el estudio de la composición y diversidad alfa (Chao1 y Shannon) y beta (distancias UniFrac) de los microbiomas.

3. RESULTADOS

Se identificaron 6.267 ASV clasificados en 17 filos, 27 clases, 41 órdenes, 65 familias, y 149 géneros de bacteria. Los géneros más abundantes fueron *Ruminococcaceae* UCG-010, *Rikenellaceae* RC9, *Ruminococcaceae* UCG-005, *Bacteroides*, y *Alistipes*. No hubo efecto ($P > 0,05$) del nivel de GDP en los índices de diversidad Chao1 y Shannon. Los microbiomas no se agruparon ($P > 0,05$) por nivel de GDP (Figura 1). 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.

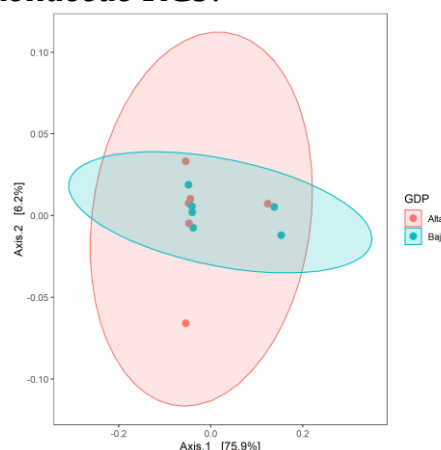


Figura 1. Diversidad del microbioma en heces de novillos con alta y baja ganancia de peso (GDP).

4. 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.

REFERENCIAS

- Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A., and Holmes, S. P. 2016. Nat. Methods 13, 581–583
Quast, C., Pruesse, E., Yilmaz, P., Gerken, J., Schweer, T., Yarza, P., et al. 2013. Nucleic Acids Res. 41, D590–D596.