

**Microbiota intestinal benéfica e prejudicial na avicultura: Revisão**  
**Beneficial and harmful intestinal microbiota in poultry farming: Review**  
**Microbiota intestinal benéfica e prejudicial na avicultura: Revisión**

Recebido: 15/04/2020 | Revisado: 18/04/2020 | Aceito: 24/04/2020 | Publicado: 27/04/2020

**Marcela Christofoli**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3361-7747>

Universidade Federal de Goiás, Brasil

E-mail: [marcelachristofoli@bol.com.br](mailto:marcelachristofoli@bol.com.br)

**Christiane Silva Souza**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7829-0771>

Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Brasil

E-mail: [christianessouza@gmail.com](mailto:christianessouza@gmail.com)

**Thiago Ferreira Costa**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9107-8967>

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano, Brasil

E-mail: [thi\\_costa12@hotmail.com](mailto:thi_costa12@hotmail.com)

**Samantha Leandro de Sousa Andrade Alexandrino**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6849-3081>

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano, Brasil

E-mail: [sam87and@gmail.com](mailto:sam87and@gmail.com)

**Priscila Paula de Faria**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0673-9781>

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano, Brasil

E-mail: [priscilapaulafaria@icloud.com](mailto:priscilapaulafaria@icloud.com)

**Cintia Silva Minafra-Rezende**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0727-5651>

Universidade Federal de Goiás, Brasil

E-mail: [cintiaminafra@gmail.com](mailto:cintiaminafra@gmail.com)

**Fabiana Ramos dos Santos**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0287-1681>

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano, Brasil

E-mail: [fabiana.santos@ifgoiano.edu.br](mailto:fabiana.santos@ifgoiano.edu.br)

**Cibele Silva Minafra**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4286-2982>

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano, Brasil

E-mail: [cibele.minafra@ifgoiano.edu.br](mailto:cibele.minafra@ifgoiano.edu.br)

**Paulo Sérgio Pereira**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0155-8968>

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano, Brasil

E-mail: [paulo.pereira@ifgoiano.edu.br](mailto:paulo.pereira@ifgoiano.edu.br)

## **Resumo**

Na atualidade, as disbioses, a ruptura da barreira intestinal e a inflamação tornaram-se preocupações da avicultura industrial, uma vez que culminam no comprometimento fisiológico e produtivo das aves. Objetivou-se discutir o papel da microbiota intestinal das aves no desenvolvimento animal, bem como evidenciar os benefícios e/ou prejuízos causados por esses microrganismos. A metodologia adotada foi estudo descritivo, sendo realizada a revisão bibliográfica de trabalhos científicos publicados em diferentes bases indexadas, com recorte temporal das últimas décadas. Verificou-se que o uso do sequenciamento do gene ribossômico do RNA (rRNA) 16S constitui importante ferramenta para identificar e enumerar as bactérias intestinais presentes em aves de produção. No que concerne à composição da microbiota, no intestino delgado encontram-se principalmente os gêneros *Lactobacillus*, *Streptococcus*, *Enterococcus*, *Bifidobacterium*, *Bacterioides*, *Clostridium*, *Fusobacterium* e coliformes. No intestino grosso, *Lactobacillus*, *Bacterioides*, *Proteobacteria*, *Bacillus*, *Clostridium* e *Bifidobacterium*. No intestino delgado, as bactérias participam do metabolismo melhorando a absorção de nutrientes, hidrolisam polissacarídeos produzindo ácidos graxos de cadeia curta, que serão absorvidos e participarão de rotas metabólicas importantes no fornecimento de fontes de carbono e energia para as aves. Apesar dos benefícios da microbiota em promover um ambiente intestinal estável, em situações desfavoráveis, tais como no manejo criatório inadequado, pode atuar como agentes patogênicos, produzir metabólitos tóxicos e prejudicar o desempenho produtivo das aves.

**Palavras-chave:** Disbiose; Enterites; Integridade intestinal; Microbioma; Patogênias.

## **Abstract**

Currently, dysbiosis, rupture of the intestinal barrier and inflammation have become concerns of industrial poultry, since they culminate in the physiological and productive impairment of

birds. The objective was to discuss the role of the intestinal microbiota of birds in animal development, as well as to highlight the benefits and/or losses caused by these microorganisms. The methodology adopted was a descriptive study, with a bibliographic review of scientific papers published in different indexed bases, with a time frame of the last decades. It was found that the use of sequencing the RNA ribosomal gene (rRNA) 16S is an important tool to identify and enumerate the intestinal bacteria present in production birds. Regarding the composition of the microbiota, in the small intestine there are mainly *Lactobacillus*, *Streptococcus*, *Enterococcus*, *Bifidobacterium*, *Bacterioides*, *Clostridium*, *Fusobacterium* and coliforms. In the large intestine, *Lactobacillus*, *Bacterioides*, *Proteobacteria*, *Bacillus*, *Clostridium* and *Bifidobacterium*. In the small intestine, bacteria participate in metabolism by improving nutrient absorption, hydrolyze polysaccharides to produce short-chain fatty acids, which will be absorbed and participate in important metabolic pathways in the supply of carbon and energy sources to birds. Despite the benefits of the microbiota in promoting a stable intestinal environment, in unfavorable situations, such as inadequate breeding, it can act as pathogens, produce toxic metabolites and impair the productive performance of birds.

**Keywords:** Dysbiosis; Enteritis; Intestinal integrity; Microbioma; Pathogens.

### Resumen

Actualmente, la disbiosis, la ruptura de la barrera intestinal y la inflamación se han convertido en preocupaciones de las aves de corral industriales, ya que culminan en el deterioro fisiológico y productivo de las aves. El objetivo fue discutir el papel de la microbiota intestinal de las aves en el desarrollo animal, así como destacar los beneficios y / o pérdidas causados por estos microorganismos. La metodología adoptada fue un estudio descriptivo, con una revisión bibliográfica de artículos científicos publicados en diferentes bases indexadas, con un marco temporal de las últimas décadas. Se descubrió que el uso de la secuenciación del gen ribosómico de ARN (ARNr) 16S es una herramienta importante para identificar y enumerar las bacterias intestinales presentes en las aves de producción. En cuanto a la composición de la microbiota, en el intestino delgado hay principalmente *Lactobacillus*, *Streptococcus*, *Enterococcus*, *Bifidobacterium*, *Bacterioides*, *Clostridium*, *Fusobacterium* y coliformes. En el intestino grueso, *Lactobacillus*, *Bacterioides*, *Proteobacteria*, *Bacillus*, *Clostridium* y *Bifidobacterium*. En el intestino delgado, las bacterias participar en el metabolismo mejorando la absorción de nutrientes, hidrolizan los polisacáridos para producir ácidos grasos de cadena corta, que serán absorbidos y participarán

em importantes vias metabólicas en el suministro de carbono y fuentes de energía para las aves. A pesar de los beneficios de la microbiota para promover un ambiente intestinal estable, en situaciones desfavorables, como la reproducción inadecuada, puede actuar como patógenos, producir metabolitos tóxicos y afectar el rendimiento productivo de las aves.

**Palabras clave:** Disbiosis; Enteritis; Integridad intestinal; Microbioma; Patógenos.

## 1. Introdução

O intestino das aves é colonizado por uma grande diversidade de microrganismos, que vivem em simbiose com o hospedeiro, e desempenham importante papel na manutenção da homeostasia intestinal, por meio da renovação epitelial, da defesa contra os patógenos oportunistas, além de garantir melhor aproveitamento de nutrientes (Apajalahti & Vienola, 2016; Celi et al., 2019; Kogut, 2019).

Esse conjunto de microrganismos, em estado de equilíbrio, compreendem a microbiota benéfica do organismo, composta principalmente por bactérias dos gêneros *Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp., *Streptococcus* spp., *Bacterioides* spp., *Fusobacterium* spp. e *Eubacterium* spp. (Loddi, 2001; Li et al., 2012). No entanto, um desequilíbrio da microbiota intestinal pode ocorrer, sobretudo, em más condições criatórias, o que pode resultar em lesões intestinais, encurtamento das vilosidades, afetar a absorção de nutrientes, além de favorecer a colonização de microrganismos patogênicos (maléficos), que podem afetar diretamente a saúde do hospedeiro, bem como a saúde humana (Maiorka, 2006; Biswas & Kobayashi, 2013). Dentre os microrganismos patogênicos destacam-se os gêneros *Salmonella* spp., *Clostridium* spp., *Escherichia* spp., *Campylobacter* spp., *Staphylococcus* spp., *Listeria* spp., entre outras (Oliveira et al., 2011a; Oakley et al., 2014a; Brizio et al., 2015; CDC, 2018; Menezes et al., 2018).

Na atualidade, a microbiota intestinal tornou-se uma das grandes preocupações da avicultura industrial, uma vez que a microbiota benéfica pode favorecer o desenvolvimento das aves, pois são capazes de regular absorção e o aproveitamento de nutrientes, favorecer a maturação e integridade intestinal e modular a imunidade (Oviedo-Rondón, 2009; Alexandrinho et al., 2020). Por outro lado, a microbiota patogênica pode afetar a saúde das aves, além de contaminar as carcaças nos abatedouros e propiciar doenças ao ser humano (Figueira et al., 2014; Oliveira et al., 2017b).

Inúmeras pesquisas têm sido realizadas no intuito de verificar os fatores que afetam o desenvolvimento e a composição da microbiota intestinal das aves, bem como a relação desta

com o hospedeiro (Lunedo & Pedroso, 2017). Diante deste contexto, objetivou-se discutir o papel da microbiota intestinal das aves no desenvolvimento animal, bem como evidenciar os benefícios ou prejuízos causados por esses microrganismos.

## 2. Metodologia

O presente estudo apresentou-se como descritivo (Prodanov & Freitas, 2013), sendo realizada pesquisa bibliográfica do tipo narrativa (Zambello et al., 2018) acerca da microbiota intestinal de aves de produção, com foco nos benefícios e/ou prejuízos causados por esses microrganismos.

Os trabalhos científicos utilizados nesta revisão foram retirados de diferentes bases de dados: Capes, Elsevier, Google Scholar, Pubmed, Scielo, Science Direct e Scopus, com recorte temporal de 2000 a 2020.

## 3. Identificação da Microbiota Intestinal em Aves

A microbiota intestinal compõe-se por uma diversidade de microrganismos (bactérias, fungos, arqueias, protozoários e vírus) com grande representatividade de bactérias (Wei et al., 2013). Estima-se que existam em torno de  $10^{13}$  microrganismos colonizando o intestino das aves, sendo composta, principalmente, por bactérias aeróbias facultativas (cerca de 90%), que seriam basicamente dos gêneros *Bacillus*, *Bifidobacterium* e *Lactobacillus* (Burt, 2005).

Anteriormente, a identificação e a caracterização da diversidade bacteriana no intestino das aves se davam pelo uso de meios de cultura. No entanto, esses métodos não forneciam um resultado muito preciso, sendo altamente seletivos às bactérias cultiváveis em condições específicas, fornecendo dados referentes a um pequeno grupo de bactérias. E por esse motivo, por um longo período de tempo, a diversidade da microbiota intestinal permaneceu inexplorada, tornando-se uma fonte inestimável de pesquisa (Stanley et al., 2014).

No entanto, recentemente, o avanço da tecnologia de sequenciamento do gene ribossômico do RNA (rRNA) 16S bacteriano, trouxe maior precisão para identificação e enumeração de bactérias intestinais das aves, bem como avanços na compreensão do seu papel na saúde e na produtividade animal (Shang et al., 2018).

Segundo Yarza et al. (2014), um dos principais alvos moleculares para análise microbiana é a subunidade menor do RNA ribossomal (rRNA 16S), que possui regiões de

sequências de bases de nucleotídeos específicas (V1 a V9), intercaladas por regiões variáveis, altamente conservadas no domínio bacteriano, possibilitando o estudo de caracterização filogenética entre os microrganismos. Além disso, a comparação da amplificação padrão de regiões específicas do rRNA 16S (V1-V3; V3-V4; V4-V5; V1; V3; V4) tem otimizado a identificação de microrganismos em amostras com pequena quantidade de DNA (Wang et al., 2007). Borda-Molina et al. (2018) evidenciaram que dentre as tecnologias de sequenciamento utilizadas têm-se os sistemas Illumina MiSeq, HiSeq, e o processamento de bioinformática das sequências geradas pode ser conseguido empregando plataformas de código aberto de SILVA, um banco de dados disponibilizado através da web que possui o maior sistema de análise e controle de qualidade das sequências de rRNA de Bacteria, Archaea e Eukarya.

Diante disso, vários estudos têm utilizado as modernas técnicas de sequenciamento para análise da microbiota intestinal das aves, no intuito de identificar os principais membros desse microbioma, estabelecer sua funcionalidade e monitorar a dinâmica da microbiota intestinal das aves.

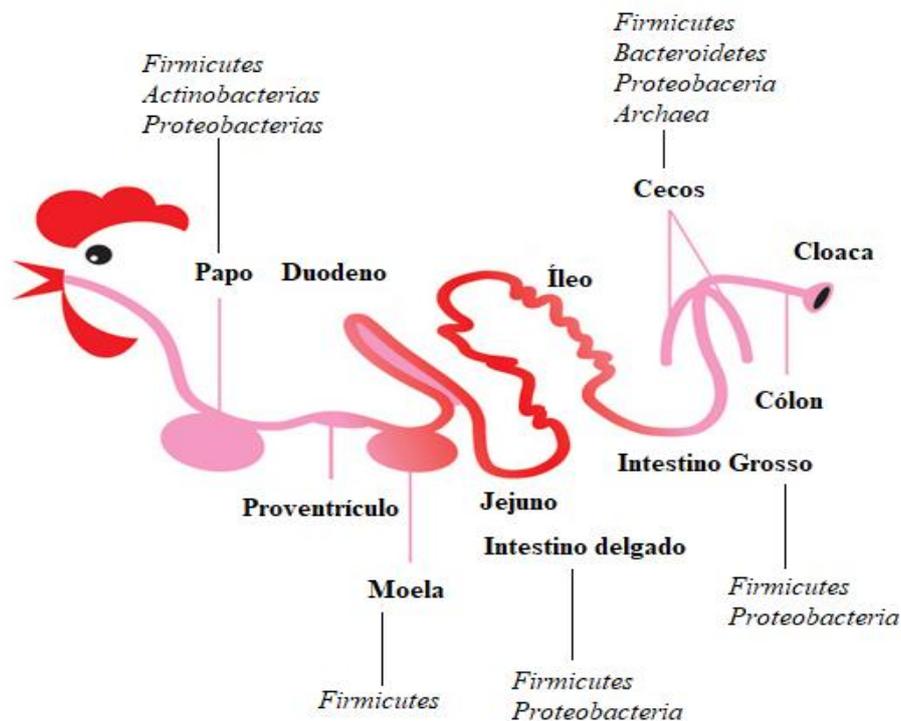
Wei et al. (2013) realizou um censo da diversidade intestinal microbiana em frangos e perus utilizando o sequenciamento de rRNA 16S. Oakley et al. (2014) compararam as mudanças temporais que ocorre na microbiota cecal de frangos de corte avaliados em cada fase de desenvolvimento das aves (sete, 14, 21 e 42 dias de idade) com os efeitos do ácido fórmico, ácido propiônico e ácidos graxos de cadeia média adicionados à alimentação e/ou água potável, verificando uma variação na diversidade de gêneros ao longo das fases de desenvolvimento, sem efeito dos tratamentos.

Zhou et al. (2016) diferenciaram a microbiota cecal de galinhas tibetanas de cinco regiões geográficas por sequenciamento 16S rRNA. Ocejó et al. (2017) utilizaram o sequenciamento de amplicons de rRNA 16S para caracterizar a microbiota intestinal de frangos de vida curta e longa no período de todas suas etapas de desenvolvimento verificando que cada grupo etário apresentou um perfil comunitário associado à idade, sendo a microbiota mais rica e mais complexa em galinhas caipiras do que em frangos de corte. O sequenciamento de amplicons rRNA 16S também foi utilizado para caracterizar a microbiota intestinal de frangos comerciais e indianos, conforme reportado por Pandit et al. (2018). Dayou et al. (2019) utilizaram a mesma técnica para verificar o impacto na diversidade da microbiota intestinal devido ao estresse térmico em frangos de corte, observando um aumento na composição de Firmicutes, Tenericutes e Proteobacteria e redução dos filos Bacteroidetes e Cyanobacteria no grupo de aves submetidas ao estresse térmico, quando comparados ao grupo controle.

### 3.1. Composição da microbiota no trato gastrointestinal em aves

O trato gastrointestinal (TGI) das aves é formado pelo intestino delgado (duodeno, jejuno e íleo) com cerca de 150 cm, sendo responsável pela digestão do alimento e absorção dos nutrientes; e o intestino grosso (com 8 a 10 cm), composto pelos cecos, cólon e cloaca (Sousa et al., 2015). Todo o TGI das aves, como também o esôfago, papo, o proventrículo e a moela, abrigam comunidades microbianas (Figura 1) que desempenham papéis importantes no crescimento e desenvolvimento do animal (Yeoman et al., 2012).

**Figura 1:** Principais microrganismos ao longo do TGI.



Fonte: Yeoman et al. (2012), com adaptações

Stanley et al. (2014) realizaram o levantamento da microbiota presente no TGI de frangos de corte (Tabela 1). O papo é habitado principalmente por bactérias dos gêneros *Lactobacillus*, enquanto no proventrículo e na moela existem poucos microrganismos devido ao baixo pH, mas incluem entre eles os *Lactobacillus*, *Enterococcus*, *Enterobactérias* e coliformes (Rehman et al., 2007; Pickler et al., 2011). O intestino delgado é habitado principalmente por *Lactobacillus*, *Streptococcus*, *Enterococcus*, *Bifidobacterium*, *Bacterioides*, *Clostridium*, *Fusobacterium*, e coliformes, enquanto o intestino grosso é

ocupado por *Lactobacillus*, *Bacterioides*, *Proteobacteria*, *Bacillus*, *Clostridium* e *Bifidobacterium* (Pickler et al., 2011; Stanley et al., 2014).

Xiao et al. (2017) avaliaram a microbiota ao longo do TGI de frangos de corte e identificaram que o filo Proteobacteria foi predominante no duodeno; Firmicutes, o mais abundante no jejuno e cólon; Bacteroidetes foi o dominante no ceco e o filo Actinobacteria no íleo. Quanto aos gêneros presentes nas seções intestinais, os autores destacaram *Lactobacillus* como o gênero predominante no duodeno, jejuno e íleo, *Enterococcus* no cólon e *Bacterioides*, no ceco.

**Tabela 1.** Distribuição da microbiota bacteriana ao longo do TGI de frangos.

Segmento	pH	Quantidade	Microrganismo
Papo	5,5	$10^3$ a $10^5$	<i>Lactobacillus</i> .
Moela	3,5	$10^3$ a $10^5$	<i>Lactobacillus</i> , <i>Enterococcus</i> , <i>Enterobacterias</i> e coliformes.
Duodeno	6,0 a 6,5	$10^3$ a $10^5$	<i>Lactobacillus</i> , <i>Streptococcus</i> e coliformes.
Jejuno	7,0	$10^8$ a $10^9$	<i>Lactobacillus</i> , <i>Streptococcus</i> e <i>Proteobacterias</i> .
Íleo	7,0 a 8,0	$10^8$ a $10^9$	<i>Lactobacillus</i> , <i>Enterococcus</i> , <i>Bifidobacterium</i> , <i>Bacterioides</i> , <i>Streptococcus</i> , <i>Clostridium</i> , <i>Fusobacterium</i> e coliformes.
Ceco	7,0	$10^{10}$ a $10^{12}$	<i>Lactobacillus</i> , <i>Bacterioides</i> , <i>Proteobacteria</i> , <i>Bacillus</i> , <i>Clostridium</i> , <i>Bifidobacterium</i> , <i>Fecalibacterium</i> , <i>Ruminococcus</i> , <i>Eubacterium</i> e <i>Fusobacterium</i> .

Fonte: Adaptação de Pickler et al. (2011) e Stanley et al. (2014).

Waite & Tailor (2015) observaram que a comunidade bacteriana duodenal de aves consistiu principalmente de *Clostrídios*, *Streptococcus*, *Enterobacterias* e *Lactobacillus*. De acordo com Witzig et al. (2015) houve abundância de bactérias da família Lactobacillaceae no jejuno e íleo de frangos de corte alimentados com dietas contendo diferentes quantidades de cálcio, fósforo e fitase. Ainda, maior diversidade de microrganismos nos cecos, sendo

abundantes Ruminocacaceae, Bacteroidaceae e Clostridiales (Witzig et al., 2015). O ceco consiste no local-alvo dos estudos sobre a microbiota intestinal, pois abriga uma grande diversidade microbiana, incluindo anaeróbios ou agentes patogênicos como *Salmonella* sp., por exemplo (Park et al., 2013).

Sun et al. (2018) verificaram os filos Proteobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes e Actinobacteria predominantes nos cecos de aves criadas em regime fechado e aberto. Resultados similares foram descritos por Pandit et al. (2018), que ao avaliarem a microbiota cecal de frangos comerciais e não comerciais, identificaram que 21 dos 35 gêneros avaliados pertenciam ao filo Firmicutes, representando 11 diferentes famílias e gêneros, com destaque para sete gêneros Bacteroidetes e cinco gêneros Proteobacteria. As diferenças no protocolo de extração de ácido nucleico, iniciadores, abordagem de sequenciamento, fatores ambientais, tratamento/composição da dieta, raça e condições geográficas podem ser responsáveis pelas diferenças na composição bacteriana (Shang et al. (2018).

### **3.2. Composição da microbiota intestinal de aves de acordo com a idade**

A composição microbiana sofre diversas variações ao longo da vida do animal devido a alterações na densidade celular e na função metabólica (Shang et al., 2018), e essa dinâmica vem sendo objeto de estudo de muitos pesquisadores. Segundo Oakley et al. (2014) a diversidade e a riqueza de táxons aumentaram significativamente com o crescimento das aves, evidenciado pela presença do dobro de número de gêneros na microbiota dos cecos das aves de um para 42 dias de idade.

Best et al. (2017) verificaram uma predominância relativa do filo Proteobacteria nos primeiros três dias de idade, e do filo Firmicutes a partir do quarto dia de idade de patos criados em aviários. Para Oakley et al. (2014), Kogut & Oakley (2016), a riqueza e a diversidade no ceco aumentaram a partir da sexta semana e a composição taxonômica da comunidade mudou de Proteobacteria, Bacteroides e Firmicutes para quase inteiramente Firmicutes na terceira semana de idade.

Ding et al. (2017) analisaram a microbiota de frangos de corte na fase embrionária e após a eclosão, nas aves de quatro, 21 e 42 dias de idade. Os pesquisadores concluíram que os filos mais abundantes foram Proteobacteria, Firmicutes, Bacteroidetes e Actinobacteria em embriões. Ainda, observaram uma proporção decrescente de Proteobacteria e uma notável tendência crescente de Firmicutes, Actinobacteria e Bacteroidetes de quatro para 19 dias de desenvolvimento embrionário. Nas aves, com quatro, 21 e 42 dias de idade, os filos mais

abundantes foram Proteobacteria, Firmicutes e Bacteroidetes, seguidos por Actinobacteria, Cyanobacteria e Synergistetes. A proporção dos gêneros diferiu em cada fase do desenvolvimento do animal, sendo o gênero *Halomonas* (79%) o mais abundante na fase embrionária e *Lactobacillus* (67% e 35%) na fase após eclosão e fase adulta.

Ballou et al. (2016) avaliaram a microbiota cecal de frangos de corte (com um, três, sete, 14 e 28 dias de idade) e as alterações dessa microbiota, quando em contato com vacina contra *Salmonella* spp. ou com prebiótico. Houve baixa diversidade na microbiota dos frangos de um dia de idade, com uma predominância da família Enterobacteriaceae e gênero *Enterococcus*. No terceiro dia, a riqueza bacteriana foi observada com a presença de microrganismos da família Ruminococcaceae, no dia 14, e estendendo-se até o dia 28, Ruminococcaceae superam as Enterobacteriaceae. Os autores destacaram que a microbiota foi mais afetada pela idade do que pelos tratamentos, uma vez que todos os grupos apresentaram um declínio acentuado de Enterobacteriaceae com a idade.

Kumar et al. (2018) verificaram maior abundância do filo Bacteroidetes do que de Firmicutes nos cecos dos frangos de corte até 42 dias de idade. Contudo, as discrepâncias nos resultados são decorrentes dos diferentes raças, métodos de manejo, análise do perfil da microbiota e também da alimentação (Shang et al., 2018).

### **3.3. A influência da alimentação na microbiota intestinal**

A composição da microbiota intestinal e o sistema imunológico das aves também podem ser modulados pela alimentação, principalmente por meio do uso de suplementos e aditivos alimentares (Jha & Berrocoso, 2015; Feitosa et al., 2020). Os antibióticos foram utilizados durante muito tempo para esse fim, mas após a proibição de seu uso pela União Europeia em 2006, vêm sendo substituídos por promotores de crescimento alternativos como probióticos, prebióticos e aditivos fitogênicos que conferem benefícios à saúde geral do hospedeiro, ao desempenho e crescimento do animal além modular a microbiota intestinal com sucesso (Mendes et al., 2013; Wang et al., 2017).

Os probióticos são culturas únicas ou mistas de microrganismos vivos não patogênicos como *Lactobacillus bulgaricus*, *L. acidophilus*, *L. casei*, *L. lactis*, *L. salivarius*, *L. plantarum*, *Streptococcus thermophilus*, *Enterococcus faecium*, *E. faecalis*, *Bifidobacterium spp.*, *Aspergillus oryzae*, e *Saccharomyces cerevisiae* usados na alimentação das aves e trazem benefícios como exclusão competitiva, maturação e integridade intestinal, regulação do sistema imunológico, prevenção da inflamação, melhora do metabolismo e modulação da

microbiota intestinal (Yadav & Jha, 2019). Probióticos constituídos principalmente de *Bacillus* spp. promovem aumento do peso corporal das aves e *Pediococcus pentosaceus* promoveram aumento de AGCC (Wang et al., 2017). Os autores descobriram que a abundância de Bacteroidetes na microbiota cecal estava diretamente correlacionada com o conteúdo de propionato, butirato e isobutirato, enquanto a abundância de Firmicutes correlaciona positivamente a produção de acetato no ceco.

Os prebióticos são ingredientes alimentares não digeríveis que são responsáveis por alterar a composição e o metabolismo da microbiota intestinal seletivamente, que promovem a modulação da microbiota, uma vez que sua digestão é restrita a limitados táxons que passam a compor 30% do total da microbiota fecal (Mahmood & Guo, 2020). A fibra alimentar, formada principalmente por oligossacarídeos, incluindo inulina, frutooligossacarídeos, mananolanossacarídeos, galactooligossacarídeos, oligossacarídeos de soja, xilooligossacarídeos, pirodextrinas e lactulose, fornece substratos para o crescimento microbiano de bactérias específicas na digestão destes carboidratos de difícil digestão, permitindo que espécies microbianas capazes de utilizar esses substratos prosperem, suprimindo o desenvolvimento de bactérias patogênicas, o que por sua vez oferece melhorias no desempenho das aves e na utilização de energia (Deehan et al., 2017; Yadav & Jha, 2019).

Outro suplemento alimentar bastante utilizado na modulação microbiana são os aditivos fitogênicos. Eles são constituídos de substâncias derivadas de plantas, como ervas, especiarias, extratos, óleos essenciais, são comumente incluídos a rações para melhoria da qualidade e segurança dos alimentos, bem como para promoção da saúde e bem-estar dos animais, atuando como imunomoduladores, antioxidantes, antimicrobianos, estimulantes digestivos e substâncias que podem aumentar o desempenho e qualidade dos produtos animais (Stevanovic et al., 2018; Yang et al., 2018). Há relatos que aditivos fitogênicos como os óleos essenciais melhoram o desempenho dos animais através do aumento da palatabilidade da ração, do estímulo da secreção de enzimas endógenas e da função digestiva, da redução de infecções subclínicas, da sua ação ansiolítica e imunoreguladora e principalmente do controle da microflora intestinal devido a sua ação antimicrobiana (Catalan et al., 2012).

Segundo Zeng et al. (2015) o aumento da secreção de muco no intestino desencadeada por compostos de origem vegetal impede a possibilidade de adesão bacteriana e fúngica ao epitélio no intestino de aves. Alali et al., (2013) verificaram uma melhora considerável no desempenho de frangos com a adição de uma mistura de óleos essenciais (eucalipto, tomilho e limão) a água como resultado da redução da colonização de *Salmonella entérica*. Hosseini & Meimandipour, (2018) verificaram uma redução do número de bactérias aeróbicas e

coliformes totais, melhorando o desempenho dos frangos alimentados com óleo essencial de tomilho por meio da melhora do estado fisiológico e modulação da microbiota intestinal. Além disso, esses aditivos refletem o conceito “limpo”, pela redução do uso de compostos sintéticos; “verde”, uma vez que reduzem os impactos ambientais; e “ético”, pois promovem o bem estar animal (Stevanovic et al., 2018).

Esses, e outros aditivos promovem a modulação da microbiota intestinal das aves das mais diferentes formas, permitindo que microrganismos benéficos prosperem sobre outros (Yadav & Jha, 2019; Costa et al., 2020; Mahmood & Guo, 2020). Portanto, para entender melhor o papel da microbiota intestinal para o hospedeiro, é necessário compreender a capacidade funcional da microbiota intestinal nos diferentes estágios de desenvolvimento das aves, bem como os benefícios ou não de algumas espécies microbianas para o hospedeiro.

### **3.4. Papel da microbiota intestinal na avicultura**

Os três componentes para uma saúde intestinal benéfica ao animal referem-se a dieta, a mucosa intestinal e a microbiota bacteriana, que interagem para garantir uma funcionalidade adequada e como consequência na manutenção da saúde animal, bem estar e desempenho (Biasato et al., 2019).

O intestino é comumente colonizado por microrganismos comensais, simbióticos e patogênicos em uma proporção duas vezes maior que as células somáticas e germinais do hospedeiro (Sender et al., 2016) e fornece um ambiente propício para crescimento de uma microbiota diversificada, com diversas funções como o auxílio na digestão ou fermentação de alimentos para o hospedeiro, além de atuar na sinergia com o sistema imunológico a fim de reprimir bactérias patogênicas.

Entretanto, um desequilíbrio intestinal dessa microbiota, devido à condições de jejum alimentar ou hídrico prolongado, estresse ou infecções virais pode favorecer a proliferação de microrganismos patogênicos que podem ocasionar efeitos nocivos às aves (Alexandrino, et al., 2020), como uma interação prejudicial à digestão de certos alimentos, reduzem a absorção de nutrientes, aumentam a espessura da mucosa e a velocidade de passagem da digesta, interferem nas necessidades nutricionais do hospedeiro com aumento da velocidade de renovação dos enterócitos, diminuição da altura dos vilos e aumento da profundidade das criptas, proporcionando uma competição com o hospedeiro por nutrientes e metabólitos do processo digestivo como hexoses, aminoácidos, ácidos graxos, vitaminas e outros, além do

aumento de ocorrências inflamatórias, prejudicando o próprio desempenho da ave (Silva & Pinheiro, 2008; Yadav & Jha, 2019).

Carrasco et al. (2019) destacaram que apesar de muitos dados disponíveis sobre a microbiota intestinal e a saúde entérica estejam relacionados às alterações associadas a um estado doente, há exemplos claros da importância da microbiota na manutenção da saúde intestinal e da função intestinal normal.

### **3.4.1. Benefícios da microbiota intestinal**

Diversas interações entre microbiota e hospedeiro influenciam nas variações da diversidade microbiana, bem como na saúde das aves, uma vez que esses microrganismos têm papéis importantes e benéficos para o desenvolvimento animal (Borda-Molina et al., 2018). A integração cruzada entre microbiota e hospedeiro regula o grau de imunidade, relação simbiótica e produção de proteínas endógenas em resposta a antígenos patogênicos (Oviedo-Rondón & Hume, 2013).

Pan & Yu (2014) mostraram que aves livres de microrganismos em seu TGI, apresentaram o peso do intestino mais leve, vilosidades curtas e criptas rasas em contraste com as aves convencionais colonizadas, cujas vilosidades foram mais longas e criptas profundas. Segundo os autores, as bactérias, não só influenciaram na fisiologia intestinal, como também no metabolismo de ácidos graxos de cadeia curta (AGCC), de polissacarídeos, de aminoácidos e vitaminas.

No intestino das aves, as bactérias hidrolisam polissacarídeos produzindo AGCC como acetato, propionato e butirato, que são absorvidos e participarão de rotas metabólicas importantes no fornecimento de fontes de carbono e energia para as aves, além de melhorar a fisiologia intestinal aumentando a produção de mucina e melhorando os vilos e criptas (Tellez et al., 2006; Borda-Molina et al., 2018; Elnesr et al., 2020).

Nos cecos a microbiota produz AGCC, mas em proporções diferentes da produzida no intestino delgado, além de algumas vitaminas do complexo de vitaminas K e B, e fermentam a fração indigestível da dieta do hospedeiro (Dibner & Richards, 2005). As bactérias cecais também contribuem para o metabolismo de nitrogênio catalisando ácido úrico em amônia, que é absorvida e direcionada para síntese de aminoácidos (Denbow, 2014).

A comunidade microbiana também pode regular a produção de peptídeos. Alguns peptídeos antimicrobianos presentes na superfície do epitélio intestinal são expressos

constitucionalmente, enquanto outros são induzidos nas células hospedeiras por bactérias (Pan & Yu, 2014).

De maneira recíproca, o hospedeiro também beneficia às bactérias intestinais, não só pelo fornecimento de nutrientes, mas também por meio da produção de mucina pelas células caliciformes no intestino, que fornece uma importante fonte de carbono, nitrogênio e energia para bactérias (Tellez et al., 2006). As bactérias degradadoras de mucina exercem pressão de seleção sobre bactérias que não podem aderir à superfície da mucosa e, portanto, estão associadas à saúde intestinal (Pan e Yu, 2014).

De acordo com Mahmood & Guo (2020), a microbiota intestinal também modula o tamanho e a composição do pool de ácido biliar (AB), modificando suas propriedades de sinalização e ação subsequente nos receptores de AB. Além de seu papel na absorção lipídica, os AB também regulam a microbiota intestinal através da produção de peptídeos antimicrobianos induzida por receptores farnesóides-X (RFX). A ativação da RFX tem sido associada à inibição da inflamação e à melhoria da integridade intestinal, reduzindo a translocação bacteriana, fenômeno esse que mantém um controle sobre o crescimento bacteriano e preserva a integridade das células epiteliais (Mahmood & Guo, 2020).

É importante mencionar que o fígado não apenas é influenciado pela comunidade microbiana, mas influencia inversamente nos microrganismos intestinais via produção de AB e imunoglobulina A (IgA) e a sua secreção no intestino através do ducto biliar, desempenha um importante papel regulador no controle de populações microbianas (Brandl et al., 2017). Ainda, muitas das estruturas organizadas do intestino são locais de indução imunológica fornecendo condições necessárias para induzir respostas imunes apropriadas, por exemplo, produção de IgA pelas células plasmáticas (Brandl et al., 2017). Além disso, foi demonstrado que a microbiota regula a produção de células T e a expressão de citocinas (Oakley et al., 2014a).

Há também um tráfego celular considerável entre diferentes estruturas imunológicas do intestino e os locais sistêmicos, incluindo a medula óssea e o baço. Assim, a microbiota intestinal direciona a maturação do sistema imunológico do hospedeiro, provocando respostas específicas ao antígeno que são absorvidas pelas células dendríticas residentes (Adedokun & Olojede, 2019).

No entanto, como esses microrganismos não são invasivos, os fagócitos residentes não são totalmente ativados, mas estimulam uma resposta finamente equilibrada, induzindo a produção de IgA que controla a interação comensal do hospedeiro, afetando a expressão do gene comensal no lúmen e impedindo a adesão de bactérias comensais nas superfícies

epiteliais, em caso de uma infecção ou exposição a qualquer variante do estresse (Adedokun & Olojede, 2019).

Adicionalmente, a microbiota intestinal também compete com bactérias patogênicas por espaço, nutrientes ou mesmo por confronto físico ou químico, reduzindo a adesão de patógenos ao intestino (Chaucheyras-Durand e Durand, 2010; Oakley et al., 2014a; Pan & Yu, 2014) o que representa um importante benefício ao animal. Contudo, embora parte da microbiota mostre papéis benéficos na promoção de um ambiente intestinal estável, elas podem atuar como agentes patogênicos, produzindo metabólitos tóxicos quando a situação é desfavorável (Oviedo-Rondón & Hume, 2013).

### 3.4.2. Malefícios da microbiota intestinal

Mesmo se houver um equilíbrio geral positivo estabelecido entre a microbiota e o hospedeiro, a microbiota pode ser classificada em organismos comensais e patogênicos, sendo que esses últimos estão presentes em baixa concentração e podem permanecer no intestino por períodos mais prolongados sem nenhum efeito prejudicial (disbiose) ao hospedeiro (Oviedo-Rondón & Hume, 2013). A disbiose refere-se à interrupção da composição da microbiota intestinal que acompanha a inflamação intestinal e tem sido associada à desestabilização de funções fisiológicas (DiAngelo et al., 2009; Gao et al., 2017).

Na avicultura, a disbiose, a ruptura da barreira intestinal e a inflamação tornaram-se questões importantes, especialmente desde a proibição de promotores de crescimento antimicrobiano. Pensava-se que os problemas de saúde intestinal eram amplamente mantidos sob controle pelo uso generalizado desses antimicrobianos, no entanto, a proibição de seu uso na alimentação de aves pode levar a um aumento de doenças entéricas e enterite necrótica (Gao et al., 2017; Ducatelle et al., 2018).

A enterite necrótica e a coccidiose podem alterar a estrutura da microbiota intestinal, principalmente em membros da ordem Clostridiales e Lactobacillales além da redução bactéria produtoras de AGCC (Bortoluzzi et al., 2019). Além disso, bactérias patogênicas como *Eimeria* spp. e *Clostridium perfringens* e *Salmonella* spp. também podem causar alterações morfológicas reduzindo o comprimento das vilosidades intestinais (Golder et al., 2011).

Outras bactérias como *Campylobacter* (principalmente *Campylobacter jejuni* e *Campylobacter coli*), *Salmonella enterica*, *Escherichia coli* e *Clostridium perfringens* podem causar distúrbios significativo no desenvolvimento animal (Oakley et al., 2014a). Os ovos são

fontes de contaminação por *Salmonella* seja na casca ou conteúdo interno (Arnold et al., 2014). A presença significativa de *Salmonella typhimurium* e *S. infantis* foi detectada na fração interna do ovo no início da postura (Crabb et al., 2019) e *Salmonella enterica* pode causar doenças em galinhas, dependendo da idade, status imunológico e tipo de sorovar (Clavijo & Flórez, 2018). Algumas cepas de *E. coli* estão associadas a infecções intestinais, e infecções secundárias no trato respiratório causadas por agentes virais ou por *Mycoplasma gallisepticum*, além de ser um reservatório para disseminação de outras bactérias patogênicas como *Salmonella* sp. (Castellanos et al., 2017).

Adicionalmente, esses patógenos representam uma fonte de contaminação preocupante em alimentos de origem aviária, causando gastroenterite humana devido ao consumo de carne de aves e ovos (Brizio et al., 2015). *Salmonella spp.* são bactérias Gram-negativas pertencente a família Enterobacteriaceae que estão entre as mais importantes bactérias patogênicas humanas que frequentemente causam doenças transmitidas por alimento em todo o mundo segundo o Centro de Controle e Prevenção de Doenças (CDC, 2018).

#### **4. Considerações Finais**

Os principais resultados do desequilíbrio da microbiota intestinal em aves referem-se às lesões intestinais, as alterações na altura de vilosidades e na profundidade de criptas, a absorção reduzida de nutrientes e o favorecimento da colonização de micro-organismos patogênicos. A microbiota patogênica afeta a fisiologia e a saúde dos animais, bem como a sua produtividade. Quanto aos benefícios da microbiota na avicultura, no intestino, as bactérias favorecem na digestão e absorção de nutrientes, com grande contribuição no metabolismo de carboidratos, lipídeos e proteínas, auxiliam na morfologia e saúde intestinal (tamanho dos vilos e criptas), hidrolisam polissacarídeos produzindo ácidos graxos de cadeia curta, que serão absorvidos e participarão de rotas metabólicas importantes no fornecimento de fontes de carbono e energia para as aves. Na atualidade, as disbioses, a ruptura da barreira intestinal e a inflamação tornaram-se preocupações da avicultura industrial, uma vez que culminam no comprometimento fisiológico e produtivo das aves. Dessa forma, a manutenção da microbiota intestinal nos sistemas de criações atuais é de importância fundamental para melhoria do desempenho e qualidade sanitária das aves e, portanto, mais estudos na área poderão contribuir com conhecimentos relacionados ao comportamento e bem estar do animal.

## Agradecimentos

Os autores agradecem à Universidade Federal de Goiás (UFG), Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano (IF Goiano) e a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG), pelo apoio financeiro.

## Referências

Adedokun, S.A. & Olojede, O.C. (2019). Optimizing gastrointestinal integrity in poultry: the role of nutrients and feed additives. *Frontiers in Veterinary Science*, 5(348): 1-11.

Alali, W.Q., Hofacre, C.L., Mathis, G.F. & Faltys G. (2013). Effect of essential oil compound on shedding and colonization of *Salmonella enterica* serovar Heidelberg in broilers. *Poultry Sci.*, 92(3): 836–841.

Alexandrino, S.L.S.A., Costa, T.F., Nadya, G.D.S., Abreu, J.M., Silva, N.F., Sampaio, S.A., Christofoli, M., Cruz, L.C.F., Moura, G.F., Faria, P.P. & Minafra, C.S. (2020). Microbiota intestinal e os fatores que influenciam na avicultura. *Research, Society and Development*, 9(6): e87963098.

Apajalahti, J. & Vienola, K. (2016). Interaction between chicken intestinal microbiota and protein digestion. *Animal Feed Science and Technology*, 221: 323-330.

Arnold, M.E., Martelli, F., McLaren, I. & Davies, R.H. (2014). Estimation of the Rate of Egg Contamination from *Salmonella*-Infected Chickens. *Zoonoses and Public Health*, 61(1): 18-27.

Ballou, A.L., Ali, R.A., Mendoza, M.A., Ellis, J.C., Hassan, H.M., Croom, W.J. & Koci, M.D. (2016). Development of the chick microbiome: how early exposure influences future microbial diversity. *Frontiers in Veterinary Science*. 3: 1-12.

Best, A.A., Porter, A.L., Fraley, S.M. & Fraley, G.S. (2017). Characterization of gut microbiome dynamics in developing Pekin ducks and impact of management system. *Frontiers in Microbiology*, 4: 125.

Biasato, I., Ferrocino, I., Grego, E., Dabbou, S., Gai, F., Gasco, L., Cocolin, L., Capucchio, M.T. & Schiavone, A. (2019). Gut microbiota and mucin composition in female broiler chickens fed diets including yellow mealworm (*Tenebrio molitor*, L.). *Animals*, 9(5), 213: 1-15.

Biswas, A. & Kobayashi, K.S. (2013). Regulation of intestinal microbiota by the NLR protein family. *International Immunology*, 25: 207-214.

Borda-Molina, D., Seifert, J. & Camarinha-Silva, A. (2018). Current perspectives of the chicken gastrointestinal tract and its microbiome. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 16: 131-139.

Bortoluzzi, C., Vieira, B.S., Hofacre, C., & Applegate, T.J. (2019). Effect of different challenge models to induce necrotic enteritis on the growth performance and intestinal microbiota of broiler chickens. *Poultry science*, 98(7): 2800-2812.

Brandl, K., Kumar, V. & Eckmann, L. (2017). Gut-liver axis at the frontier of host-microbial interactions. *American Journal of Physiology-Gastrointestinal and Liver Physiology*, 312(5): G413-G419.

Brizio, A.P.D.R., Marin, G., Schittler, L. & Prentice, C. (2015). Visible contamination in broiler carcasses and its relation to the stages of evisceration in poultry slaughter. *International Food Research Journal*, 22(1): 59-63.

Burt, D.W. (2005). Chicken Genome: Current Status And Future Opportunities. *Genome Research*, 15: 1692-1698.

Carrasco, J.M.D, Casanova, N.A. & Miyakawa, M.E.F. (2019). Microbiota, gut health and chicken productivity: what is the connection?. *Microorganisms*, 7(374): 1-15.

Castellanos, L.R., Donado-Godoy, P., León, M., Clavijo, V., Arevalo, A., Bernal, J.F., Timmerman, A.J., Mevius, D.J., Wagenaar, J.A. & Hordijk, J. (2017). High heterogeneity of

*Escherichia coli* sequence types harbouring ESBL/AmpC genes on IncII plasmids in the Colombian poultry chain. *Plos One*, 12(1): e0170777.

Catalan, A.A.S., Gopinger, E., Lopes, D.C.N., Gonçalves, F.M., Roll, A.A.P., Xavier, E.G., Avila, V.S. & Roll, V.F.B. (2012). Aditivos fitogênicos na nutrição animal: *Panax ginseng*. *Revista Portuguesa de Ciências Veterinárias*, 107: 581-582.

Celi, P., Verlhac, V., Pérez, C. E., Schmeisser, J. & Kluentner A.M. (2019). Biomarkers of gastrointestinal functionality in animal nutrition and health. *Animal Feed Science and Technology*, 250: 9-31.

Centers for Disease Control and Prevention – CDC. (2018). Food Net Fast Home Page. Disponível em: <<https://www.cdc.gov/foodnet/foodnet-fast.html>>.

Chaucheyras-Durand, F. & Durand, H. (2010). Probiotics in animal nutrition and health. *Benef. Microbes*, 1(1): 3-9.

Clavijo, V.M. & Flórez, J.V. (2018). The gastrointestinal microbiome and its association with the control of pathogens in broiler chicken production: A review. *Poultry Science*, 97(3): 1006-1021.

Costa, T.F., Gouveia, A.B.V.S., Nunes, F.C., Sampaio, S.A., Silva, N.G.D., Abreu, J.M., Almeida Júnior, E.M., Costa, K.O., Feitosa, T.J.O., Paulo, L.M., Souza, C.S., Minafra-Rezende, C.S., Santos, F.R. & Minafra, C.S. (2020). Aditivos fitogênicos: óleos essenciais para frangos de corte – revisão. *Research, Society and Development*, 9(3): e14932325.

Crabb, H.K., Gilkerson, J.R. & Browning, G.F. (2019). Only the age of the chicken is contaminated by *Salmonella enterica* in eggs? *Food Microbiology*, 77: 1–9.

Dayou, S., Lin, B., Qian, Q., Shanshan, Z., Meimei, Y., Shining, G., Qiuhong, L. & Cui L. (2019). Impact of gut microbiota structure in heat-stressed broilers. *Poultry Science*, 98 (6): 2405-2413.

Deehan, E.C., Duar, R.M., Armet, A.M., Perez-Munoz, M.E., Jin, M. & Walter, J. (2017). Modulation of the gastrointestinal microbiome with nondigestible fermentable carbohydrates to improve human health. *Microbiol Spectr*, 5.

Denbow, D.M. (2014). Gastrointestinal anatomy and physiology. In: Scanes, C. (Ed.), *Sturkie's Avian Physiology*. 6<sup>th</sup> ed., Academic Press, New York, 337-366.

DiAngelo, J.R., Bland, M., Bambina, S., Cherry, S. & Birnbaum, M. (2009). The immune response attenuates growth and nutrient storage in *Drosophila* by reducing insulin signaling. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106(49): 20853-20858.

Dibner, J.J. & Richards, J.D. (2005). Antibiotic growth promoters in agriculture: history and mode of action. *Poultry Science*, 84(4): 634-643.

Ding, J., Dai, R., Yang, L., He, C., Xu, K., Liu, S., Zhao, W., Xiao, L., Luo, L., Zhang, Y. & Meng, H. (2017). Inheritance and establishment of gut microbiota in chickens. *Frontier in Microbiology*, 8: 1967.

Ducatelle, R., Goossens, E., Meyer, F.D., Eeckhaut, V., Antonissen, G., Haesebrouck, F. & Van Immerseel, F. (2018). Biomarkers for monitoring intestinal health in poultry: present status and future perspectives. *Veterinary Research*, 49(43): 1-9.

Elnesr, S.S., Alagawany, M., Elwan, H.M., Fathi, M.A. & Farag, M.R. (2020). Effect of sodium butyrate on intestinal health of poultry – a Review. *Annals of Animal Science*, 20(1): 29-41.

Feitosa, T.J.O., Silva, C.E., Souza, R.G., Lima, C.D.S., Gurgel, A.C., Oliveira, L.L.G., Nóbrega, J.G.S., Carvalho Júnior, J.E.M., Melo, F.O., Santos, W.B.M., Feitoza, T.O., Costa, T.F., Brandão, P.A. & Minafra, C.S. (2020). Microbiota intestinal das aves de produção: revisão bibliográfica. *Research, Society and Development*, 9(5): e42952779.

Figueira, S.V., Mota, B.P., Leonídio, A.R.A., Nascimento, G.M. & Andrade, M.A. 2014. Microbiota intestinal das aves de produção. *Enciclopédia Biosfera*, 10(18): 2181-2208.

Gao, P., Hou, Q., Kwok, L.Y., Huo, D., Feng, S. & Heping, Z. (2017). Effect of feeding *Lactobacillus plantarum* P-8 on the faecal microbiota of broiler chickens exposed to lincomycin. *Science Bulletin*, 62(2): 105-113.

Golder, H.M., Geier, M.S., Forder, R.E.A., Hynd, P.I. & Hughes, R.J. (2011). Effects of necrotic enteritis challenge on intestinal micro-architecture and mucin profile. *British Poultry Science*, 52(4): 500-506.

Hosseini, S.A. & Meimandipour, A. (2018). Feeding broilers with thyme essential oil loaded in chitosan nanoparticles: an efficient strategy for successful delivery. *British Poultry Science*. 59(6): 669-678.

Jha, R. & Berrococo, J.D. (2015). Dietary fiber utilization and its effects on physiological functions and gut health of swine. *Animal*. 9(9): 1441–52.

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

Kogut, M.H., & Oakley, B.B. (2016). Spatial and temporal changes in the broiler chicken cecal and fecal microbiomes and correlations of bacterial taxa with cytokine gene expression. *Frontiers in Veterinary Science*, 3: 1-12.

Kumar, S., Chen, C., Indugu, N., Werlang, G.O., Singh, M., Kim, W.K. & Thippareddi, H. (2018). Effect of antibiotic withdrawal in feed on chicken gut microbial dynamics, immunity, growth performance and prevalence of foodborne pathogens. *Plos One*, 13: e0192450.

Li, K., Bihan, M., Yooseph, S. & Methé, B.A. (2012). Analyses of the microbial diversity across the human microbiome. *PLOS One*, 7(6): e32118.

Loddi, M.M. (2001). Probióticos e prebióticos na nutrição de aves. *Revista CFMV*, 23: 51-56.

Lunedo, R., & Pedroso, A.A. (2017). Microbiota intestinal. In: Macari, M. & Maiorka, A. *Fisiologia das aves comerciais*. (Cap. 29) Jaboticabal-SP: Funep/Fapesp/Facta.

Mahmood, T. & Guo, Y. (2020). Dietary fiber and chicken microbiome interaction: Where will it lead to?. *Animal Nutrition*, 6: 1-8.

Maiorka, A., Dahlke, F. & Morgulis, M.S.F.A. (2006). Broiler adaptation to post-hatching period. *Ciência Rural*, 36(2): 701-708.

Mahmood, T. & Guo, Y. (2020). Dietary fiber and chicken microbiome interaction: Where will it lead to? *Animal Nutrition*, 6(1): 1-8.

Makki, K., Deehan, E.C., Walter, J. & Bäckhed, F. (2018). The impact of dietary fiber on gut microbiota in host health and disease. *Cell Hotspot Microb*, 23: 705-715.

Mendes, F. R., Leite, P. R. de S. da C., Ferreira, L. L., Lacerda, M. J. R. & Andrade, M. A. (2013). Utilização de antimicrobianos na avicultura. *Revista Eletrônica Nutritime*, 197, 10(2): 2352 – 2389.

Menezes, L.D.M., Lima, A.L., Pena, E.C., Silva, G.R., Klein, R.W.T., Silva, C.A., Assis, D.C.S., Figueiredo, T.C. & Cançado, S.V. (2018). Caracterização microbiológica de carcaças de frangos de corte produzidas no estado de Minas Gerais. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, 70 (2): 623-627.

Oakley, B.B., Buhr, R.J., Ritz, C.W., Kiepper, B.H., Berrang, M.E., Seal, B.S. & Cox, N.A. (2014b). Successional changes in the chicken cecal microbiome during 42 days of growth are independent of organic acid feed additives. *Veterinary Research*, 10: 282.

Oakley, B.B., Lillehoj, H.S., Kogut, M.H., Kim, W.K., Maurer, J.J., Pedroso, A., Lee, M.D., Collett, S.R., Johnson, T.J. & Cox, N.A. (2014a). The chicken gastrointestinal microbiome. *FEMS Microbiology Letters*, 360: 100-112.

Ocejo, M., Oporto, B. & Hurtado, A. (2017). 16S rRNA amplicon sequencing characterization of caecal microbiome composition of broilers and free-range slow-growing chickens throughout their productive lifespan. *Scientific Reports*, 9: 2506.

Oliveira, A.V.B., Silva, R.A., Araújo, A.S. Brandão, P.A. & Costa, F.B. (2011a). Padrões microbiológicos da carne de frango de corte – referencial teórico. *Rev. Verde*, 6: 1-16.

Oliveira, E.B., Deminicis, R.G.S., Lima, M.R., Costa, F.G.P., Nascimento, D.S. & Ribeiro, T. S. (2017b). Impact of intestinal health at poultry. *Open Access Journal of Science*, 1(5): 136-137.

Oviedo-Rondón, E.O. & Hume, M.E. (2013). Equilibrium in the gut ecosystem for productive healthy birds. In: *Proceedings of the Arkansas Nutrition Conference*. Rogers, AR, USA (pp. 1-18).

Oviedo-Rondón, E.O. (2009). Molecular methods to evaluate effects of feed additives and nutrientes in poultry gut microflora. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 38: 209-225.

Pan, D. & Yu, Z. (2014). Intestinal microbiome of poultry and its interaction with host and diet. *Gut Microbes*, 5(1): 108-119.

Pandit, R.J., Hinsu, A.T., Patel, N.V., Koringa, P.G., Jakhesara, S.J., Thakkar, J.R., Shah, T.M., Limon, G., Psifidi, A., Guitian, J., Hume, D.A., Tomley, F.M., Rank, D.N., Raman, M., Tirumurugaan, K.G., Blake, D.P. & Joshi, C.G. (2018). Microbial diversity and community composition of caecal microbiota in commercial and indigenous Indian chickens determined using 16s rDNA amplicon sequencing. *Microbiome*, 6(1): 115.

Park S.H., Hanning I., Perrota A., Bench B.J., Alm E. & Ricke S.C. (2013). Modifying the gastrointestinal ecology in alternatively raised poultry and the potential for molecular and metabolomic assessment. *Poultry Science*, 92(2):546-561.

Pickler, L., Santin, E. & Silva, A.V.S. (2011). Alternativas aos antibióticos para equilibrar a microbiota gastrointestinal de frangos. *Archives of Veterinary Science*, 16(3): 1-13.

Prodanov, C.C. & Freitas, E.C. (2013). *Metodologia do trabalho científico: métodos e técnicas da pesquisa e do trabalho acadêmico*. (2.ed., 276p.) Novo Hamburgo-RS: Feevale.

Rehman, H.U., Vahjen, W., Awad W.A. & Zentek, J. 2007. Indigenous bacteria and bacterial metabolic products in the gastrointestinal tract of broiler chickens. *Archives of Animal Nutrition*, 61: 319-35.

Sender, R., Fuchs, S. & Milo, R. (2016). Revised Estimates For The Number Of Human And Bacteria Cells In The Body. *Plos Biology*, E1002533: 1-14.

Shang, Y., Kumar, S., Oakley, B. & Kim, W.K. (2018). Chicken gut microbiota: importance and detection technology. *Frontiers in Veterinary Science*, 5: 254.

Silva, C.R. & Pinheiro, A.L.B.C. (2008). Utilização De Probióticos Como Melhoradores De Desempenho Em Aves. *Revista Eletrônica Nutritime*, 5(6): 690-706.

Sousa, D.C., Oliveira, N.L.A., Santos, E.T., Guzzi, A., Dourado, L.R.B. & Ferreira, G.J.B.C. 2015. Caracterização morfológica do trato gastrointestinal de frangos de corte da linhagem Cobb 500<sup>®</sup>. *Pesquisa Veterinária Brasileira*, 35(1): 61-68.

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

Stevanovic, Z.D., Bošnjak-Neumüller, J., Pajic-Lijakovic, I., Raj, J. & Vasiljevic, M. (2018). Essential Oils as Feed Additives—Future Perspectives. *Molecules*, 23: 1717.

Sun, J., Wang, Y., Li, N., Zhong, H., Xu, H., Zhu, Q. & Liu, Y. 2018. Comparative analysis of the gut microbial composition and meat flavor of two chicken breeds in different rearing patterns. *BioMed Research International*, 4343196: 1-13.

Tellez, G., & Higgins, S.E., Donoghue, A.M. & Hargis, B.M. (2006). Digestive physiology and the role of microorganisms. *Journal of Applied Poultry Research*, 15(1): 136-144.

Waite, D.W. & Taylor, M. (2015). Exploring the avian gut microbiota: current trends and future directions. *Frontiers in Microbiology*, 6: 673.

Wang, Q., Garrity, G.M., Tiedje, J.M. & Cole, J.R. (2007). Naive Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy. *Applied Environmental Microbiology*, 73(16): 5261-7.

Wang, Y., Sun, J., Zhong, H., Li, N., Xu, H., Zhu, Q. & Liu, Y. (2017). Effect of probiotics on the meat flavour and gut microbiota of chicken. *Sci Rep.*, 7(1): 6400.

Wei, S., Morrison, M. & Yu, Z. (2013). Bacterial census of poultry intestinal microbiome. *Poultry Science*, 92 (3): 671-683.

Witzig, M., Camarinha-Silva, A., Green-Engert, R., Hoelzle, K., Zeller, E., Seifert, J., Hoelzle, L.E. & Rodehutsord, M. (2015). Spatial variation of the gut microbiota in broiler chickens as affected by dietary available phosphorus and assessed by T-RFLP analysis and 454 pyrosequencing. *Plos One*, 10(12): e0145588.

Xiao, Y., Xiang, Y., Zhou, W., Chen, J., Li, K. & Yang, H. (2017). Microbial community mapping in intestinal tract of broiler chicken. *Poultry Science*, 96: 1387-1393.

Yadav, S. & 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(2): 1-11.

Yang, X., Xin, H., Yangbo, Y. & Yang, X. (2018). Impact of essential oils and organic acids on the growth performance, digestive functions and immunity of broiler chickens. *Animal Nutrition*, xxx: 1-6.

Yarza, P., Yilmaz, P., Pruesse, E., Glockner, F.O., Ludwig, W. & Schleifer, K.H. (2014). Uniting the classification of cultured and uncultured bacteria and archaea using 16S rRNA gene sequences. *Nature Reviews Microbiology*, 12(9): 635-645.

Yeoman, C.J., Chia, N., Jeraldo, P., Sipos, M., Goldenfeld, N.D. & White, B.A. (2012). The microbiome of the chicken gastrointestinal tract. *Animal Health Research Reviews*, 13(1): 89-99.

Zambello, A.V., Soares, A.G., Tauil, C.E., Donzelli, C.A., Fontana, F. & Chotolli, W. P. (2018). *Metodologia da pesquisa e do trabalho científico*. (1.ed., 94p.). Organizador: Thiago Mazucato. Penápolis-SP: FUNEPE.

Zeng, Z., Zhang, S., Wang, H. & Paio, X. (2015). Essential oil and aromatic plants as feed additives in non-ruminant nutrition: a review. *J. Anim. Sci. Biotechnol.*, 6: 7–15.

Zhou, X., Jiang, X., Yang, C., Ma, B., Lei, C., Xu, C., Zhang, A., Yang, X., Xiong, Q., Zhang, P., Men, S., Xiang, R. & Wang, H. (2016). Cecal microbiota of Tibetan chickens from five geographic regions were determined by 16S rRNA sequencing. *Microbiology Open*, 5(5): 753-762.

### **Porcentagem de contribuição de cada autor no manuscrito**

Marcela Christofoli – 30%

Christiane Silva Souza – 5%

Thiago Ferreira Costa – 5%

Samantha Leandro de Sousa Andrade Alexandrino – 5%

Priscila Paula de Faria - 5%

Cintia Silva Minafra-Rezende – 5%

Fabiana Ramos dos Santos - 5%

Cibele Silva Minafra – 20%

Paulo Sérgio Pereira - 20%