

PECSENYECSIRKE TÁPOK BÚZAKORPA KIEGÉSZÍTÉSÉNEK HATÁSA A VAKBÉL-MIKROBIOM ÖSSZETÉTELÉRE ÚJ GENERÁCIÓS SZEKVENÁLÁSI MÓDSZER ALKALMAZÁSÁVAL

SUCH NIKOLETTA – FARKAS VALÉRIA – PÁL LÁSZLÓ – KOLTAY ILONA ANNA –
MEZŐLAKI ÁKOS – MOHAMED ALI RAWASH – HUSVÉTH FERENC – DUBLECZ KÁROLY
– MOLNÁR ANDOR

ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők új generációs szekvenálási módszerrel vizsgálták a takarmány búzakorpa kiegészítésének hatását a brojlercsirkék vakbél mikrobiom összetételére. Összesen 192 Ross 308 genotípusú napos kakassal két kezelési csoportot alakítottak ki 4 ismétlésben, fülként 24 állattal. Az állatok kukorica-szója alapú kontroll (C) és búzakorpával (BK) kiegészített takarmányt fogyasztottak *ad libitum*. A hízulás 37. napján fülként két-két állatot levágtak, majd a vakbélartalomból mintát gyűjtöttek a baktériumösszetétel elemzéséhez. A mikrobiális összetételt 16S rRNS (V3-V4 régiók) gén alapú Illumina MiSeq szekvenálással határozták meg. Mindkét csoportban az uralkodó törzsek a *Bacteroidetes* (57,5%–59,0%), *Firmicutes* (30,8%–37,2%), *Verrucomicrobia* (0,0%–5,9%) és a *Proteobacteria* (0,5%–2%) voltak. A *Ruminococcaceae* család relatív bősége kisebb volt a ($p < 0,034$) BK csoportban (11,8%) mint a C csoportban (6,8%). Mindkét kezeléskor az uralkodó nemzetség a *Bacteroides* (49,3%–44,9%), az *Oscillospira* (3,3%–1,9%), a *Faecalibacterium* (2,3%–1,0%) és az *Akkermansia* (1,9%–5,9%) volt. Az *Oscillospira* nemzetség szignifikánsan kisebb relatív gyakorisággal fordult elő ($p < 0,021$) a BK, mint a C csoportban. Következtetésként megállapítható, hogy a búzakorpa-kiegészítés befolyásolta a brojlercsirke vakbél-mikrobiomot a vágási életkorban.

SUMMARY

Such, N. - Farkas, V. - Pál, L. - Koltay, I. A. - Mezőlaki, Á. - Rawash, M. A. - Husvéth, F. - Dublec, K. - Molnár, A.: THE EFFECTS OF WHEAT BRAN SUPPLEMENTATION ON THE CAECAL MICROBIOME OF BROILER CHICKENS USING NEXT GENERATION SEQUENCING

It is known that the intestinal microflora plays an important role in the metabolic processes, health, growth performance and digestion of the host animal. The present study investigated the effects of wheat bran supplementation on chicken caecal microbiota composition using a new generation sequencing technique. In total, 192 male Ross 308 one-day-old chickens were divided into two dietary treatment groups using four replicate pens and 24 chickens per pens. A corn-soybean based control diet (C) and wheat bran (WB) supplemented diets were formulated and fed *ad libitum*. The wheat bran content of the starter, grower and finisher diets were 3, 6 and 6%, respectively. The average particle size of wheat bran was 1.11 mm. On day 37 of life, two chickens per pen were slaughtered and caecal chymus samples were collected for microbiota analysis. Individual samples taken were homogenised, then immediately snap-frozen and stored at -80°C until further processing. For laboratory analyses samples of chicken from one pen were pooled and 16S rRNA (V3-V4 region) gene targeted Illumina MiSeq sequencing was used for microbiota analysis. Statistical analysis was performed with Statistical Analysis of Metagenomic Profile (STAMP) packages. The read number was with an average of 152.329 reads per control, and 140.349 reads per WB sample group. Results were assigned to five taxonomic levels (phylum, class, order, family and genus). The predominant phyla in both treatment groups were *Bacteroidetes* (57.5%-59.0%), *Firmicutes* (30.8%-37.2%), *Verrucomicrobia* (0.0%-5.9%) and *Proteobacteria* (0.5%-2%), respectively. Relative abundance of *Ruminococcaceae* family was lower ($p < 0.034$) in the WB group (11.8%) compared to the C (6.8%) group. Predominant genera in both treatment groups were *Bacteroides* (49.3%-44.9%), *Oscillospira* (3.3%-1.9%), *Faecalibacterium* (2.3%-1.0%) and *Akkermansia* (1.9%-5.9%). The relative abundance of *Oscillospira* genus were significantly lower ($p < 0.021$) in the WB than in the C group. In conclusion, wheat bran supplementation substantially influenced caecal microbiome of broiler chickens at slaughter age and the results provide information for future dietary intervention programs of the chicken microbiome.

BEVEZETÉS

Az antibiotikumokat a 20. század egyik legnagyobb jelentőségű felfedezésének tekintik (Davies és Davies, 2010). Alkalmazásuk az állattenyésztésben már több mint 60 éve létezik a termelékenységet jelentős mértékben javító hatása miatt világszerte (Knapp és mtsai, 2010; Angelakis és mtsai, 2013). Használatuk azonban vita tárgyát képezi, az EU-ban már betiltották a hozamfokozóként történő alkalmazást, a terápiás használat azonban továbbra is világszerte engedélyezett. Sajnos azonban jellemző, hogy profilaktikus használatuk még mindig gyakori (Van Immerseel és mtsai, 2017). Kiváltásuk, valamint az állatállományok immunitásának és takarmány-hasznosításának javítása érdekében a környezetbarát és közegészségügyi szempontból biztonságos takarmány-adalékanyagok kutatása az állattenyésztés egyik fő kihívásává vált a 21. században (Wang és mtsai, 2017). Az utóbbi években számos közlemény jelent meg a háziyúk termelését és egészségi állapotát befolyásoló mikrobiom összetételéről és összefüggéseiről (Farkas és mtsai, 2019). Valószínűleg ez a leginkább tanulmányozott szimbiotikus rendszer napjainkban (Rosenberg és Rosenberg, 2008). A gyomor és bélrendszer mikrobiom jelentős hatással van a gazdaszervezetre, pl. az emésztőrendszer fejlődésére, továbbá egyes élettani, biokémiai és immunológiai folyamatokra. A közelmúltig ez a bonyolult kapcsolatrendszer nehezen vizsgálható és alig megismerhetőnek tűnt. Az ezredfordulót követően azonban az újgenerációs szekvencia-meghatározási technológia egy új kutatási területet hozott létre, az úgynevezett metagenomikát. Ennek segítségével összetett mikrobiális közösségek széleskörű vizsgálatára nyílt lehetőség, anélkül, hogy a közösség egyes tagjait izolálni, laboratóriumban tenyészteni kellene. A módszer információt nyújt a mikrobák együttműködéséről és a közösségi szintű anyagcsere-folyamatokról is (Farkas és mtsai, 2019). Régóta ismert és elfogadott tény, hogy a bél mikrobiom összetételében bekövetkező változások legfőbb oka a takarmány változtatása lehet. Ilyen például a gabonarost arányának növelése is (Torok és mtsai, 2011). A táplálékban lévő rostalkotók emészthetetlenek az emberi és állati szervezet által termelt enzimek számára, de a mikrobák képesek azokat bontani és energiaforrásként felhasználni, vagyis prebiotikus hatással rendelkeznek. A prebiotikumokat a brojlercsirke nevelésben széles körben használják a bél egészségének javítására és a teljesítmény serkentésére (De Maesschalck és mtsai, 2015).

A prebiotikus hatású étkezési rostokról ismert, hogy sokféle módon javítják mind az ember, mind az állatok gyomor-bélrendszerei egészségét. Javíthatják az emésztőcsövön keresztüli áthaladási időt, és rosttípustól függően stimulálhatják az eubiotikus baktériumok szaporodását és aktivitását (Vermeulen és mtsai, 2018). Magas oldható rosttartalmú gabonaféléket korábban csak kismértékben alkalmazták antinutritív, viszkozitás növelő hatásuk miatt, azonban a xilanáz és glükánáz enzimek használatának elterjedésével etetésük biztonságossá vált (Józsefiak és mtsai, 2007). A gabonafélékben található oldható arabinoxilán és béta-glükán a gyomor-bél traktusban a baktériumok fermentációjának fő prekursorai. A folyamat végtermékei a rövid szénláncú zsírsavak, mint például a vajsav (Hamer és mtsai, 2008). A vajsav mennyiségének növekedése a bélben javítja a hisztomorfológiai képet, a táplálóanyagok felszívódását és a termelési paramétereket (Schneeman, 2002). A búzakorpa könnyen elérhető rostforrás, amely magas arabinoxilán-tartalommal

rendelkezik (Stevenson és mtsai, 2012). A mikrobiális fermentációra kifejtett hatása mellett, illetve azzal összefüggésben kimutatták, hogy az arabinoxilán csökkenti az enterális patogének kolonizációját (Zhang és mtsai, 2004). Jelen tanulmány célkitűzése az volt, hogy a brojlersírkék takarmányához adott búzakarpa kiegészítés hatását vizsgálja a vakbél mikrobiom összetételére.

ANYAG ÉS MÓDSZER

Összesen 192 Ross 308 genotípusú napos kakast osztottunk két takarmányozási, egy kontroll (C), és egy búzakarppal kiegészített (BK) takarmányt fogyasztó csoportba, kezelésként 4 ismétléssel (24 állat fülkénként). A naposcsibéket automata, számítógéppel vezérelt optimális környezeti feltételeket biztosító zárt helyiségben helyeztük el, 10 csibe/m² sűrűségben. A csoportos tartás szecsckázott búzaszalma mélyalommal ellátott, horganyzott lemezből és huzalból készített fülkékben történt. A dercés formátumú kísérleti takarmányokat úgy alakítottuk, hogy azonos energia- és fehérjetartalommal rendelkezzenek, valamint, hogy

1. táblázat

A kísérleti tápok összetétele (g/kg)

Összetétel (1)	Indító (2) (1 - 10 nap)		Nevelő (3) (11 - 24 nap)		Befejező (4) (25 - 37 nap)	
	C (5)	BK (6)	C	BK	C	BK
Kukorica (7)	466	434	534	469	589	524
Búzakarpa (8)	0	30	0	60	0	60
Extrahált szójadara (9)	338	333	361	352	310	300
Napraforgó olaj (10)	63	70	62	76	60	74
Takarmánymész (11)	19	19	15	15	15	15
Monokalcium-foszfát (12)	15	15	14	14	13	13
Napraforgó (13)	80	80	0	0	0	0
L-Lizin	5	5	2	2	2	2
DL-Metionin	4	4	3	3	3	3
L-Threonin	1	1	1	1	0	1
Valin	1	1	0	0	0	0
NaCl	3	3	3	3	3	3
NaHCO ₃	1	1	1	1	1	1
Premix	4	4	4	4	3,5	3,5
Fitáz	0	0	0,1	0,1	0,1	0,1
NSP bontó enzim (14)	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1
Összes (15)	1000	1000	1000	1000	1000	1000

C: kontroll takarmány; BK: búzakarppal kiegészített takarmány

Table 1. Composition of experimental diets (g/kg as fed)

composition (1); starter (2); grower (3); finisher (4); control group (5); wheat bran supplemented group (6); maize (7); wheat bran (8); extracted soybean meal (9); sunflower oil (10); limestone (11); MCP (12); sunflower (13); NSP digesting enzyme, beta 1-4, endo-xylanase - Econase XT, AB Vista, Marlborough (14); total (15)

megfeleljenek a választott genotípus igényeinek a tenyésztő ajánlása alapján (Aviagen, 2019). A takarmányhoz minden kezelés esetében NSP bontó enzimet tartalmazó Econase XT (AB Vista Ltd., Marlborough) adalékot adtunk. A tápok három fázisban etettük: indító (1. naptól 10. napig), nevelő (11. naptól a 24. napig) és befejező (25. naptól a 37. napig) (1.-2. táblázat.).

Az állatoknak *ad libitum* hozzáférést biztosítottunk a takarmányhoz és az ivóvízhez a kísérlet teljes ideje alatt. A BK kezelésbe tartozó csibék indító, nevelő és befejező tápjához külön-külön 3, illetve 6-6% búzakorpat kevertünk, a C kezelés állataival etetett takarmány búzakorpa kiegészítést nem tartalmazott.

2. táblázat

A kísérleti tápok mért táplálóanyag-tartalma (%)

Táplálóanyag (1)	Indító (2) (1 - 10 nap)		Nevelő (3) (11 - 24 nap)		Befejező (4) (25 - 37 nap)	
	C (5)	BK (6)	C	BK	C	BK
AME _n (MJ/kg) (7)	12,1	12,2	13,1	13,0	13,0	13,1
Szárazanyag (8)	88,8	89,0	88,5	88,8	88,2	88,8
Nyersfehérje (9)	22,9	23,0	20,7	21,2	18,8	19,1
Nyerszsír (10)	8,3	9,2	9,1	10,1	8,9	10,0
Nyersrost (11)	4,0	4,6	3,8	4,2	3,6	4,3
Nyershamu (12)	6,7	6,8	5,6	5,9	5,4	5,7
Ca	1,07	1,08	0,94	0,94	0,89	0,89
P	0,80	0,81	0,67	0,71	0,66	0,70
Keményítő (13)	30,5	29,4	36,9	33,6	38,7	36,4

C: kontroll takarmány; BK: búzakorpával kiegészített takarmány

Table 2. Analysed nutrient content of experimental diets (%)

nutrient (1); starter (2); grower (3); finisher (4); control group (5); wheat bran supplemented group (6); calculated value (7); dry matter (8); crude protein (9); crude fat (10); crude fiber (11); ash (12); starch (13)

Laboratóriumi mérés alapján a kiegészítéshez felhasznált búzakorpa összes arabinoxilán tartalma 90,3 mg/g, míg a vízzel extrahálható arabinoxilán-tartalom 10,8 mg/g volt. A búzakorpa frakció méretét az alábbi módon határoztuk meg: 100 g búzakorpat áteresztettünk egy szitakészleten, amelynek lyukméretezése 3150, 2000, 1000, és 500 μ m volt. A szitakészletet 10 percig Retch vibrációs rázógépen ráztuk (Senselektro Kft. Budapest). Meghatároztuk a szitákon fennmaradt búzakorpa tömegét és kiszámítottuk a tömeg alapú átlagos részecskeméretet, amely 1,11 mm volt.

A nevelés 37. napján ketrecenként 2-2 állatot CO₂-os kábítást követően levágunk és a vakbélből béltartalom mintát vettünk. A mintákat egyedi homogenizálást követően -80°C-on tároltuk a további vizsgálatokig.

A bakteriális DNS kivonásához 15 mg mintát AquaGenomic Kit-tel (MoBiTec GmbH, Göttingen, Németország) kezeltünk. A további tisztítás KAPA PureBeads (Roche, Bazel, Svájc) felhasználásával, a gyártó protokolljainak megfelelően történt.

Az amplifikáláshoz a *Klindworth és mtsai* (2013) szerint leírt, bakteriális 16s rRNS gén V3-V4 régiójára tervezett primereket használtunk. Az elkészült, minőségellenőrzött és qPCR-rel kvantifikált könyvtárak szekvenálása Illumina Miseq platformon (Xenovea Kft. Szeged) valósult meg.

A nyers szekvenciák analíziséhez a Quantitative Insights Into Microbial Ecology (QIIME) 1.9.1. verziószámú szoftverét használtuk (*Caporaso és mtsai*, 2010). Az operatív taxonómiai egységek (OTUs) klaszterezését nyílt referencia-stratégia segítségével végeztük, az OTU-k csoportosítása 97%-os hasonlósági szinten történt a Greengenes adatbázis felhasználásával. A taxonómiai azonosítást Ribosomal Database Project (RDP) Naïve Bayes-i osztályozóval (Naïve Bayesian Classifier) 0,8-as konfidencia küszöbértékkel történt (*Wang és mtsai*, 2017).

A mikrobiális diverzitást a minták között (alfa-diverzitás) és a mintacsoportok között (béta-diverzitás) QIIME program segítségével értékeltük. A minták fajgazdagságának (alfa-diverzitás) elemzéséhez az ún. ritkítási görbét és különböző diverzitási indexeket (Simpson, Shannon) használtuk.

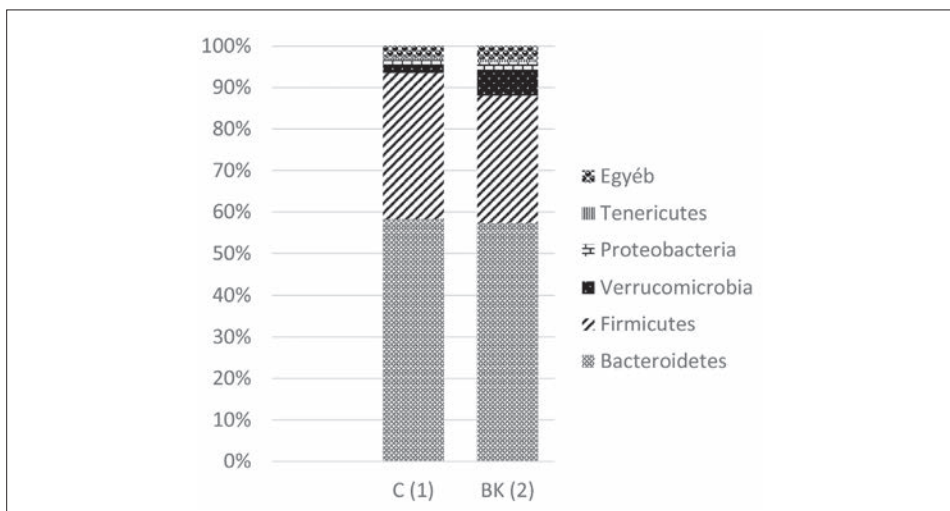
A vizsgált minták taxonómiai analízise során az eredményeket - relatív gyakoriság értékek - öt taxonómiai szinten elemeztük (törzs, osztály, rend, család, nemzetség). A minták mikrobiális összetételének - különböző taxonómiai szinteken történő - statisztikai elemzése STAMP (Statistical Analysis of Metagenomics Profiles) programcsomag segítségével történt. A mintacsoportok közötti szignifikáns különbségek vizsgálatához Welch's t-tesztet használtuk ($p < 0,05$).

EREDMÉNYEK

A nyolc minta szekvenálása 1.159.278 minőség-ellenőrzött szekvenciát eredményezett, ami 1.020 OTUba került besorolásra. A vizsgált mintákban összesen 7 törzset, 29 osztályt, 43 rendet, 57 családot és 37 nemzetséget találtunk. Az ACE, Shannon és Simpson indexek alkalmazásával hasonló fajgazdagságot figyeltünk meg mindkét kezelés esetében ($p > 0,05$). A két takarmányozási csoportban sok volt a közös OTU (955), míg az egyedi OTU-kból a C csoportban 16, a BK csoportban pedig 44 volt található. A béta diverzitás elemzése során a mikrobiális közösség összetétele nem különbözött egymástól sem a súlyozatlan ($p < 0,84$), sem a súlyozott ($p < 0,68$) UniFrac (Unique fraction metric) analízis szerint.

A két kezelésben részesült csoport vakbéltartalmában 7 baktériumtörzset azonosítottunk, amelyek közül a legnagyobb mennyiségben a *Bacteroidetes*, *Firmicutes*, *Proteobacteria* és *Verrucomicrobia* jelentek meg.

A felsorolt négy törzs a vizsgált baktériumpopuláció több mint 96%-át képviselte. A *Verrucomicrobia* törzs a búzakupát fogyasztó csoportban jelentősen nagyobb arányban volt jelen, mint a kontrollcsoportban (1,8%-6,1%), de a nagy szórás miatt ez az eredmény nem mutatott szignifikanciát. A *Firmicutes:Bacteroidetes* törzsek aránya 0,579 és 0,656 között mozgott, míg a BK csoportban e paraméter tekintetében numerikusan kisebb számot lehetett megfigyelni ($p > 0,1$). Az 1. ábra azt mutatja, hogy a mikrobiom összetétele a vakbéltartalomban nem különbözött szignifikánsan törzs szinten a két takarmányozási csoport között. Osztály, valamint rend szinten sem kaptunk statisztikailag igazolható különbséget. A *Ruminococcaceae* család relatív bősége kisebb volt a ($p < 0,034$) BK csoportban (11,8%) mint a C csoportban (6,8%). A *Bacteroidaceae*, a [*Barnesiellaceae*], és

1. ábra A baktériumok törzs szintű azonosítása a pecsenyecsirkék vakbél tartalmában

C: kontroll takarmány; BK: búzakorpával kiegészített takarmány

Figure 1. Relative abundances (%) of the most abundant bacterial phyla in the caecum of broiler chickens (day 37 of life) received control or wheat bran supplemented diet

control group (1); wheat bran supplemented group (2)

3. táblázat

A nyolc leggyakoribb baktérium nemzetség relatív gyakorisága a pecsenyecsirkék vakbél tartalmában

Nemzetség (1)	Kontroll (2)		Búzakorpa (3)		p-érték
	Relatív bőség (%)	SD(4)(%)	Relatív bőség (%)	SD(4)(%)	
Bacteroides	49,30	2,93	44,90	8,56	0,234
Oscillospira	3,30 ^a	0,96	1,90 ^b	0,51	0,021
Faecalibacterium	2,30	1,03	1,00	0,72	0,052
Akkermansia	1,90	3,26	5,90	4,50	0,911
[Ruminococcus]	1,70	0,31	1,50	0,46	0,259
Ruminococcus	1,30	0,75	0,90	0,26	0,220
Parabacteroides	0,00	0,00	2,80	5,31	0,804
Sutterella	0,00	0,00	1,20	1,32	0,901

^{a,b} Azonos sorban az eltérő betűvel jelzett értékek szignifikáns különbséget jelölnek

Table 3. The relative abundance (>1%) of the 8 most abundant bacterial genera in caecal content of broiler chickens at day 37 of life

genus (1); control group (2); wheat bran supplemented group (3); standard deviation (4)

a *Ruminococcaceae* relatív gyakorisága több mint 10%-ot ért el, ez volt a három legnagyobb mennyiségben kimutatott család. A *Lachnospiraceae*, *Rikenellaceae*, *Unclassified Clostridiales* és *Verrucomicrobiaceae* család relatív előfordulása pedig több mint 1% volt. A 8 minta 37 azonosított nemzetséget tartalmazott. Azokat a nemzetségeket, amelyek relatív gyakorisága egy csoportban meghaladta a 0,1%-ot, a 3. táblázat mutatja be.

Az előzőekben említett családok mindkét csoport teljes baktériumpopulációjának több mint 53%-át képviselték. Nemzetség szinten a *Bacteroides*, *Oscillospira* és *Faecalibacterium* relatív gyakorisága volt a legnagyobb a C csoportban, míg a *Bacteroides*, *Akkermansia* és *Parabacteroides* domináltak a BK csoportban. Az *Oscillospira* nemzetség relatív gyakorisága a BK csoportban nagyobb volt, mint a C csoport vakbél-tartalmában ($p=0,021$), a *Faecalibacterium* ($p=0,052$) és a *Butyricicoccus* ($p=0,054$) nemzetségek az előzőekben említettekhez hasonló trendet mutattak.

MEGBESZÉLÉS

A búzakorpa arabinoxilán-tartalmáról bizonyították, hogy prebiotikus hatást fejt ki (Broekaert és mtsai, 2011), mert különféle baktériumokban szubsztrátként szolgál a rövid szénláncú zsírsavak szintéziséhez (Gibson és mtsai, 2017). Ezenkívül a búzakorpa javíthatja a bél-barrier funkciót, ezzel védve a gazdaszervezetet a kórokozókkal szemben (Chen és mtsai, 2013). Korábbi kutatások eredményei szerint, a búzakorpa-kiegészítés kedvezően befolyásolja a brojlercsirkék mikrobiomjának összetételét (Li és mtsai, 2017; Van Immerseel és mtsai, 2017; Vermeulen és mtsai, 2017;). Ezeket a vizsgálatokat azonban rácspadozaton, vagy faforgács alommal végezték, míg kísérletünk során búzaszalmát alkalmaztunk erre a célra. Vermeulen és mtsai (2017) szerint a csökkentett méretű búzakorpa-frakció elősegíti a diverzebb bél-mikrobiom létrejöttét. Feng és mtsai (2020) kísérlete során a takarmány 5% búzakorpa kiegészítése a termelési paramétereket ugyan nem befolyásolta, de növelte a bifidobaktériumok arányát. Vizsgálatunkban a búzakorpa-kiegészítés nem befolyásolta a vakbél-mikrobiom összetételét törzs szinten, valamint a *Firmicutes*/*Bacteroidetes* arány sem változott. A *Parabacteroides* és *Sutterella* nemzetség esetében látható, hogy ezen nemzetségek a búzakorpa etetés hatására jelentek meg a vakbél-tartalomban. Gyakoriságuk növekedése azonban statisztikailag nem volt kimutatható, mivel nem minden mintára volt jellemző ez a változás. A *Parabacteroides*-ről emelt szintű rostetetés hatására több vizsgálatban is leírták a megnövekedett mennyiségét (Holscher, 2017), ecetsav és borostyánkősav termelésükről, valamint szaccharolitikus aktivitásukról ismertek (Holscher és mtsai, 2015). A *Sutterella* nemzetség szintén a glükózanyagcserében betöltött szerepéről ismert (Wang és mtsai, 2020). Néhány butiráttermelő baktérium előfordulása azonban tendencia jelleggel csökkent, az *Oscillospira* nemzetség arányában azonban szignifikáns csökkenést figyeltünk meg a búzakorpa-kiegészítést követően. Az *Oscillospira* nemzetség a IV. *Clostridia* klaszterbe tartozik, a *Firmicutes* törzs tagja (Konikoff és Gophna, 2016). Egy korábbi vizsgálat eredményei szerint a humán bélrendszerben a növényi étrend hatására csökkent az *Oscillospira* relatív bősége, szemben a hús alapú étrenddel. Feltételezhető, hogy az *Oscillospira* fajok nem

komplex rostbontók, hanem a gazdaszervezet által termelt mucinból felszabaduló cukrokat, vagy más fajok, - például a *Bacteroides* - tagjai által kiválasztott fermentációs termékeket hasznosítják (Zhang és mtsai, 2019). Erre utalhat a numerikusan emelkedett *Bacteroides* gyakoriság a C csoportban. Ezt a feltevést alátámasztja egy tojótyúkokkal végzett vizsgálat is, amelyben markáns különbség mutatkozott a szóját és a rovarfehérjét fogyasztó takarmányozási csoportok vakbél-mikrobiom között. Utóbbi takarmánykomponens alkalmazása esetében ugyanis az *Oscillospira* megnövekedett arányát figyelték meg. Az *Oscillospiráról* ismert, hogy emberben gátolhatja a *Clostridium difficile* által okozott fertőző betegséget (Konikoff és Gophna, 2016; Thitaram és mtsai, 2016). Jelenléte több okból is előnyt jelenthet a gazdaszervezet számára, ezért egyre inkább szorgalmazzák probiotikumként való alkalmazását. Egyes humán táplálkozással összefüggő tanulmányok szerint e törzs- és érendszeri betegségben szenvedők egészségi állapotának alakulásában is szerepet játszik. A mikrobiom közösségek UniFrac elemzése alapján az *Oscillospira* szignifikáns korrelációban áll az alacsonyabb testtömeggel, elhízás hatására ugyanis csökkenhet az aránya a mikrobiomban (Goodrich és mtsai, 2014). Marono és mtsai (2017) megállapították, hogy az *Oscillospira* nemzetség aránya a mikrobiomban szorosan korrelál a butirát és az összes illózsírsav termeléssel együtt járó mikrobiális folyamatok intenzitásával.

Érdekes, hogy vizsgálatunkban két, butiráttermeléséről ismert nemzetség – a *Butyricicoccus* és a *Faecalibacterium* (Moens és mtsai, 2014) – relatív gyakorisága is tendenciaszerű csökkenést mutatott a búzakorpát fogyasztó csoportban. Ennek ellenére humán vizsgálatokban azt tapasztalták, hogy a gyulladásos bélbetegségben szenvedő betegeknek kisebb arányban lehetett kimutatni a *Butyricicoccus* nemzetséget (Eeckhaut és mtsai, 2013), és csökkent az *Oscillospira* nemzetség aránya is. Eeckhaut és mtsai (2016) baromfival végzett takarmányozási kísérletében a *Butyricicoccus* negatív korrelációban állt a vakbélben a zoonotikus betegségek gyakori okozójának számító *Campylobacter* kolonizációjával, így a kiválasztott törzs a jövőben potenciálisan értékes probiotikum lehet (Ramírez-Farias és mtsai, 2009). A *Faecalibacterium* nemzetség tagjai a kommenzalista baktériumok közé sorolhatóak, az állatok és az ember gyomor-bél traktusában általánosan jelen vannak. Ebben a nemzetségben az *F. prausnitzii* az egyetlen azonosított faj, amit a bél egészségi állapotának egyik mutatójaként tartanak számon, valamint aktívan hozzájárul a bél mikrobiom homeosztázisának fenntartásához (Benevides és mtsai, 2017).

A fent említett számos pozitív hatást bemutató tanulmánnyal szemben, Teirlinck és mtsai (2009) a rostetetés esetleges negatív hatásairól számoltak be. Az emésztetetlen takarmánykomponensek következtében kialakuló nyálkahártya sérülések olyan gyulladásos folyamatokhoz vezethetnek, ami negatív hatást gyakorol a csirke emésztés-élettani folyamataira. Emiatt a búzakorpa-kiegészítés megválasztásakor is érdemes körültekintően eljárni, különös tekintettel a részecskeméret meghatározására. Az élettani folyamatok pontos leírásához, valamint az optimális dózis és szemcseméret meghatározásához további kutatások szükségesek.

KÖVETKEZTETÉSEK

A kísérlet eredményei alapján megállapítható, hogy a búzakorpa-kiegészítés befolyásolta a brojlercsirkék vakbél-mikrobiom összetételét vágási korban.

A vakbél-mikrobiom elemzésének eredményei arra utalnak, hogy a búzakorpa prebiotikumként való felhasználása brojlercsirke esetében nem minden esetben jelenti az illózsírsav termelésért felelős baktériumcsoportok felszaporodását. Ezek az eredmények új információkat szolgáltatnak a jövőbeli takarmányozási programokhoz, az állatok egészségét, a termelés intenzitását és a humán szempontból lényeges zoonotikus betegségek elkerülését illetően. További kutatásokra van azonban szükség a búzakorpa baromfi takarmányozásban betöltött szerepének és annak a bélbaktériumokra gyakorolt hatásának pontosabb megértéséhez.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Az innovációs és technológiai minisztérium ÚNKP-19-3 kódszámú új nemzeti kiválóság programjának szakmai támogatásával, valamint az EFOP-3.6.3-VEKOP-16-2017-00008 projekt támogatásával készült. A projekt az európai unió támogatásával, az európai szociális alap társfinanszírozásával valósult meg.



IRODALOMJEGYZÉK

- Angelakis, E. – Merhej, V. – Raoult, D. (2013): Related actions of probiotics and antibiotics on gut microbiota and weight modification. *Lancet Infect. Dis.*, 13. 889-899.
- Aviagen (2019): Ross 308 Broiler management handbook. Aviagen group, Huntsville, AL USA
- Benevides, L. – Sriti, B. – Rebeca, M. – Véronique, R. – Muriel, T. – Sylvie, M. – Florian, C. – Harry, S. – Luis, G. B. H. – Mark, M. – Philippe, L. – Vasco, A. A. – Chatel, J. M. – Siomar, S. (2017): New insights into the diversity of the genus *faecalibacterium*. *Front. Microbiol.*, 8. 1790.
- Broekaert, W. F. – Courtin, C. M. – Verbeke, K. – Van de Wiele, T. – Verstraete, W. – Delcour, J. A. (2011): Prebiotic and other health-related effects of cereal-derived arabinoxylans, arabinoxylan-oligosaccharides, and xylooligosaccharides. *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.*, 51. 178-194.
- Caporaso, J. G. – Kuczynski, J. – Stombaugh, J. – Bittinger, K. – Bushman, F. D. – Costello, E. K. – Fierer, N. – Peña, A. G. – Goodrich, J. K. – Gordon, J. I. – Huttley, G. A. – Kelley, S. T. – Knights, D. – Koenig, J. E. – Ley, R. E. – Lozupone, C. A. – McDonald, D. – Muegge, B. D. – Pirrung, M. – Reeder, J. – Sevinsky, J. R. – Turnbaugh, P. J. – Walters, W. A. – Widmann, J. – Yatsunenkov, T. – Zaneveld, J. – Knight, R. (2010): QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nat. Methods*, 7. 335-336.
- Chen, H. – Mao, X. – He, J. – Yu, B. – Huang, Z. – Yu, J. – Zheng, P. – Chen, D. (2013): Dietary fibre affects intestinal mucosal barrier function and regulates intestinal bacteria in weaning piglets. *Br. J. Nutr.*, 110. 1837-1848.
- Davies, J. – Davies, D. (2010): Origins and evolution of antibiotic resistance. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.*, 74. 417-433.
- De Maesschalck, C. – Eeckhaut, V. – Maertens, L. – De Lange, L. – Marchal, L. – Nezer, C. – De Baere, S. – Croubels, S. – Daube, G. – Dewulf, J. – Haesebrouck, F. – Ducatelle, R. – Taminiau, B. – Van Immerseel, F. (2015): Effects of xylo-oligosaccharides on broiler chicken performance and microbiota. *Appl. Environ. Microbiol.*, 81. 5880-5888.
- Eeckhaut, V. – Machiels, K. – Perrier, C. – Romero, C. – Maes, S. – Flahou, B. – Steppe, M. – Haesebrouck, F. – Sas, B. – Ducatelle, R. – Vermeire, S. – Van Immerseel, F. (2013): *Butyricoccus pullicaecorum* in inflammatory bowel disease. *Gut*, 62. 1745-1752.

- Eeckhaut, V. – Wang, J. – Van Parys, A. – Haesebrouck, F. – Joossens, M. – Falony, G. – Raes, J. – Ducatelle, R. – Van Immerseel, F. (2016): The probiotic *Butyricicoccus pullicaecorum* reduces feed conversion and protects from potentially harmful intestinal microorganisms and necrotic enteritis in broilers. *Front. Microbiol.*, 7. 1416.
- Farkas, V. – Molnár, A. – Menyhárt, L. – Márton, A. – Csitári, G. – Pál, L. – Such, N. – Koltay, I. A. – Rawash, M. A. – Mezölaki, Á. – Dublec, K. (2019): New research results on the bacterial communities of the digestive tract in domestic chickens. (In Hungarian, with English summary) *Magyar Állatorvosok Lapja*, 141. 485-494.
- Feng, Y. – Wang, L. – Khan, A. – Zhao, R. – Wei, S. – Jing, X. (2020): Fermented wheat bran by xylanase-producing *Bacillus cereus* boosts the intestinal microflora of broiler chickens. *Poult. Sci.*, 99. 263-271.
- Gibson, G. R. – Hutkins, R. – Sanders, M. E. – Prescott, S. L. – Reimer, R. A. – Salminen, S. J. – Scott, K. – Stanton, C. – Swanson, K. S. – Cani, P. D. – Verbeke, K. (2017): Expert consensus document: The international scientific association for probiotics and prebiotics (ISAPP) consensus statement on the definition and scope of prebiotics. *Nat. Rev. Gastroenterol. Hepatol.*, 14. 491–502.
- Goodrich, J. K. – Waters, J. L. – Poole, A. C. – Sutter, J. L. – Koren, O. – Blekman, R. – Beaumont, M. – Van Treuren, W. – Knight, R. – Bell, J. T. – Spector, T. D. – Clark, A. G. – Ley, R. E. (2014): Human genetics shape the gut microbiome. *Cell*, 159. 789-799.
- Hamer, H. M. – Jonkers, D. – Venema, K. – Vanhoutvin, S. – Troost, F. J. – Brummer, R. J. (2008): Review article: the role of butyrate on colonic function. *Aliment. Pharmac. Ther.*, 27. 104–119.
- Holscher, H. D. – Caporaso, J. G. – Hooda, S. – Brulc, J. M. – Fahey, G. C. – Swanson, K. S. (2015): Fiber supplementation influences phylogenetic structure and functional capacity of the human intestinal microbiome: follow-up of a randomized controlled trial. *Am. J. Clin. Nutr.*, 101. 55–64.
- Holscher, H. D. (2017) Dietary fiber and prebiotics and the gastrointestinal microbiota. *Gut Microb.*, 8. 172-184.
- Józefiak, D. – Rutkowski, A. – Jensen, B. B. – Engberg, R. M. (2007): The effect of α -glucanase supplementation of barley- and oat-based diets on growth performance and fermentation in broiler chicken gastrointestinal tract. *Br. Poult. Sci.*, 47. 57-64.
- Klindworth, A. – Pruesse, E. – Schweer, T. – Peplies, J. – Quast, C. – Horn, M. – Glöckner, F. O. (2013): Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. *Nucleic Acids Res.*, 41. e1.
- Knapp, C. W. – Dolfing, J. – Ehler, P. A. – Graham, D. W. (2010): Evidence of increasing antibiotic resistance gene abundances in archived soils since 1940. *Environ. Sci. Technol.*, 15. 580-587.
- Konikoff, T. – Gophna, U. (2016): *Oscillospira*: a central, enigmatic component of the human gut microbiota. *Trends Microbiol.*, 24. 523-524.
- Li, B. – Leblois, J. – Taminiau, B. – Williams, L. – Beckers, Y. – Bindelle, J. – Everaert, N. (2017): The effect of inulin and/or wheat bran in the diet during early life on intestinal health of chicks. 21st ESPN 8.-11. may Salou/Vila-Seca, Spain
- Marono, S. – Loponte, R. – Lombardi, P. – Vassalotti, G. – Pero, M. E. – Russo, F. – Gasco, L. – Parisi, G. – Piccolo, G. – Nizza, S. – Di Meo, C. – Attia, Y. A. – Bovera, F. (2017): Productive performance and blood profiles of laying hens fed *Hermetia illucens* larvae meal as total replacement of soybean meal from 24 to 45 weeks of age. *Poult. Sci.*, 96. 1783–1790.
- Moen, F. – Rivière, A. – Selak, M. – Vuyst, L. D. (2014): Inulin-type fructan degradation capacity of interesting butyrate-producing colon bacteria and cross-feeding interactions of *Faecalibacterium prausnitzii* DSM 17677T with *bifidobacteria*. *Arch. Public Health*, 72. Suppl1 O6.
- Ramirez-Farias, C. – Slezak, K. – Fuller, Z. (2009): Effect of inulin on the human gut microbiota: stimulation of *Bifidobacterium adolescentis* and *Faecalibacterium prausnitzii*. *Br. J. Nutr.*, 101. 541–550.

- Rosenberg-Zilber, I. – Rosenberg, E. (2008): Role of microorganisms in the evolution of animals and plants: the hologenome theory of evolution. *FEMS Microbiol. Rev.*, 32. 723-735.
- Schneeman, B. O. (2002): Gastrointestinal physiology and functions. *Br. J. Nutr.*, 88. 159–163.
- Stevenson, L. – Phillips, F. – O'Sullivan, K. – Walton, J. (2012): Wheat bran: its composition and benefits to health, a European perspective. *Int. J. Food Sci. Nutr.*, 63. 1001–1013.
- Teirlinck, E. – Bjerrum, L. – Eeckhaut, V. – Huygebaert, G. (2009): The cereal type in feed influences gut wall morphology and intestinal immune cell infiltration in broiler chickens. *Brit. J. Nutr.*, 102. 1453-1461.
- Thitaram, S. N. – Frank, J. F. – Siragusa, G. R. – Bailey, J. S. – Dargatz, D. A. – Lombard, J. E. – Haley, C. A. – Lyona, S. A. – Fedorka-Cray, P. J. (2016): Antimicrobial susceptibility of *Clostridium difficile* isolated from food animals on farms. *Int. J. Food Microbiol.*, 227. 1-5.
- Torok, V. A. – Hughes, R. J. – Mikkelsen, L. L. – Perez-Maldonado, R. – Balding, K. – MacAlpine, R. – Percy, N. J. – Ophel-Keller, K. (2011): Identification and characterization of potential performance-related gut microbiotas in broiler chickens across various feeding trials. *Appl. Environ. Microbiol.*, 77. 5868-5878.
- Van Immerseel, F. – Vermeulen, K. – Ornust, L. – Eeckhaut, V. – Ducatelle, R. (2017): Nutritional modulation of microbial signals in the distal intestinal and how they can affect broiler health. 21st ESPN 8.-11. may Salou/Vila-Seca, Spain
- Vermeulen, K. – Verspreet, J. – Courtin, C. M. – Haesebrouck, F. – Baeyen, S. – Haegeman, A. – Van Immerseel, F. (2018): Reduced particle-size wheat bran is efficiently colonized by a lactic acid-producing community and reduces levels of *Enterobacteriaceae* in the cecal microbiota of broilers. *Appl. Environ. Microbiol.*, 84. e01343-18.
- Vermeulen, K. – Verspreet, J. – Courtin, F. – Haegeman, B. S. – Ducatelle, R. – Van Immerseel, F. (2017): Reduced particle size wheat bran is butyrogenic and lowers *Salmonella* colonization, when added to poultry feed. *Vet. Microbiol.*, 198. 64-71.
- Wang, C. – Zhang, H. – Liu, H. – Zhang, H. – Bao, Y. – Di, J. – Hu, C. (2020): The genus *Sutterella* is a potential contributor to glucose metabolism improvement after Roux-en-Y gastric bypass surgery in T2D. *Diabetes Res. Clin. Pract.*, 162. 108116.
- 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. 6400.
- Zhang, P. – Wampler, J. S. – Bhunia, A. K. – Burkholder, K. M. – Patterson, J. A. – Whistler, R. L. (2004): Effects of arabinoxylans on activation of murine macrophages and growth performance of broiler chicks. *Cereal Chem.*, 81. 511-514.
- Zhang, Z. – Li, D. – Tang, R. (2019): Changes in mouse gut microbial community in response to the different types of commonly consumed meat. *Microorganisms*, 7. 76.

Érkezett: 2020. április

A szerzők címe: Such N. – Farkas V. – Pál L. – Fábíán B. – Koltay I.A. – Mezőlaki Á. – M. A. Rawash – Husvéth F. – Dublec K. – Molnár A.
Magyar Agrár és Élettudományi Egyetem, Kaposvári Campus,
Élettani és Takarmányozástani Intézet, Takarmányozási és Takarmányozás-
élettani Tanszék

Authors' address: Hungarian University of Agriculture and Life Sciences,
Kaposvár Campus, Institute of Physiology and Nutrition, Department of Nutrition
and Nutrition Physiology
H-8360 Keszthely, Deák Ferenc u. 16.
such.nikoletta.amanda@phd.uni-szie.hu