

Análisis molecular del microbioma cecal y traqueal en pollos de carne sometidos a condiciones de estrés por calor y suplementados con prebióticos y probióticos

Distintos clados bacterianos se encuentran en los microbiomas cecal y traqueal, y aunque existe solapación entre ellos, se evidenció un núcleo central dominado por *Lactobacillus*.

MU Sohail, ME Hume, JA Byrd, DJ Nisbet, MZ Shabbir, A Ijaz, y H Rehman, 2015. Avian Pathology Vol. 44 (2): 67–74

El microbioma comensal del tracto gastrointestinal es importante para la nutrición, la salud y la inmunidad del hospedador. Existe poca información disponible, en aves de producción, sobre el papel de estos microorganismos comensales en otras superficies mucosas distintas a la del tracto gastrointestinal. La superficie de la mucosa traqueal presenta lugares que potencian la defensa de primera línea y la inmunidad en pollos de carne, especialmente en pollos sometidos a condiciones de estrés. El presente estudio tiene como objetivo explicar los efectos que tiene la suplementación con prebióticos mananoligosacáridos (MOS) y con una mezcla de probióticos (PM) en el microbioma cecal y traqueal de pollos de carne criados bajo condiciones crónicas de estrés por calor (HS; $35 \pm 2^\circ\text{C}$). Se utilizaron pollos de 1 día de edad, que fueron distribuidos en 5 tratamientos: control termoneutral (TN-CONT), control con altas temperaturas (HS-CONT), HS-MOS, HS-PM y HS simbióticos (suplementados con MOS y PM). A los 42 días de edad se recogieron muestras de digesta cecal e hisopos traqueales y se procedió a realizar la extracción de DNA de las muestras, una PCR (PCR-DGGE) y una pirosecuenciación. Los dendrogramas de PCR-DGGE mostraron diferencias significativas (49.5% de coeficiente de similitud) entre los microbiomas cecal y traqueal. La pirosecuenciación del microbioma traqueal evidenció 9 filos, 17 clases, 34 órdenes, 68 familias y 12 géneros, mientras que a nivel cecal fueron identificados 11 filos, 19 clases, 34 órdenes, 85 familias y 165 géneros. Una distancia métrica UniFrac no ponderada reveló un patrón de concentración distinto (análisis de similitud, $P=0.007$) entre el microbioma cecal y traqueal. El género más abundante, tanto a nivel traqueal como cecal; fue *Lactobacillus*. Además, este género, fue más abundante en los grupos HS que en el grupo TN-CONT. Se encontraron distintos clados bacterianos en los microbiomas cecal y traqueal y, aunque se detectó solapación entre algunos grupos de bacterias, se evidenció un núcleo central dominado por *Lactobacillus*. No se observaron efectos positivos de las suplementaciones en presencia de abundantes bacterias probióticas.

Molecular analysis of the caecal and tracheal microbiome of heat-stressed broilers supplemented with prebiotic and probiotic

Distinct bacterial clades occupied the caecal and tracheal microbiomes, although some bacterial groups overlapped, demonstrating a core microbiome dominated by *Lactobacillus*.

MU Sohail, ME Hume, JA Byrd, DJ Nisbet, MZ Shabbir, A Ijaz, and H Rehman, 2015. Avian Pathology Vol. 44 (2): 67–74

The gastrointestinal tract commensal microbiome is important for host nutrition, health and immunity. Little information is available regarding the role of these commensals at other mucosal surfaces in poultry. Tracheal mucosal surfaces offer sites for first-line health and immunity promotion in broilers, especially under stress-related conditions. The present study is aimed at elucidating the effects of feed supplementations with mannanoligosaccharides (MOS) prebiotic and a probiotic mixture (PM) on the caecal and tracheal microbiome of broilers kept under chronic heat stress (HS; $35 \pm 2^\circ\text{C}$). Day-old chickens were randomly divided into five treatment groups: thermoneutral control (TN-CONT), HS-CONT, HS-MOS, HS-PM and HS synbiotic (fed MOS and PM). Caecal digesta and tracheal swabs were collected at day 42 and subjected to DNA extraction, followed by polymerase chain reaction denaturing gradient gel electrophoresis (PCR-DGGE) and pyrosequencing. The PCR-DGGE dendrograms revealed significant (49.5% similarity coefficients) differences between caecal and tracheal microbiome. Tracheal microbiome pyrosequencing revealed 9 phyla, 17 classes, 34 orders, 68 families and 125 genera, while 11 phyla, 19 classes, 34 orders, 85 families and 165 genera were identified in caeca. An unweighted UniFrac distance metric revealed a distinct clustering pattern (analysis of similarities, $P = 0.007$) between caecal and tracheal microbiome. *Lactobacillus* was the most abundant genus in trachea and caeca and was more abundant in caeca and trachea of HS groups compared with the TN-CONT group. Distinct bacterial clades occupied the caecal and tracheal microbiomes, although some bacterial groups overlapped, demonstrating a core microbiome dominated by *Lactobacillus*. No positive effects of supplementations were observed on abundance of probiotic bacteria.
