

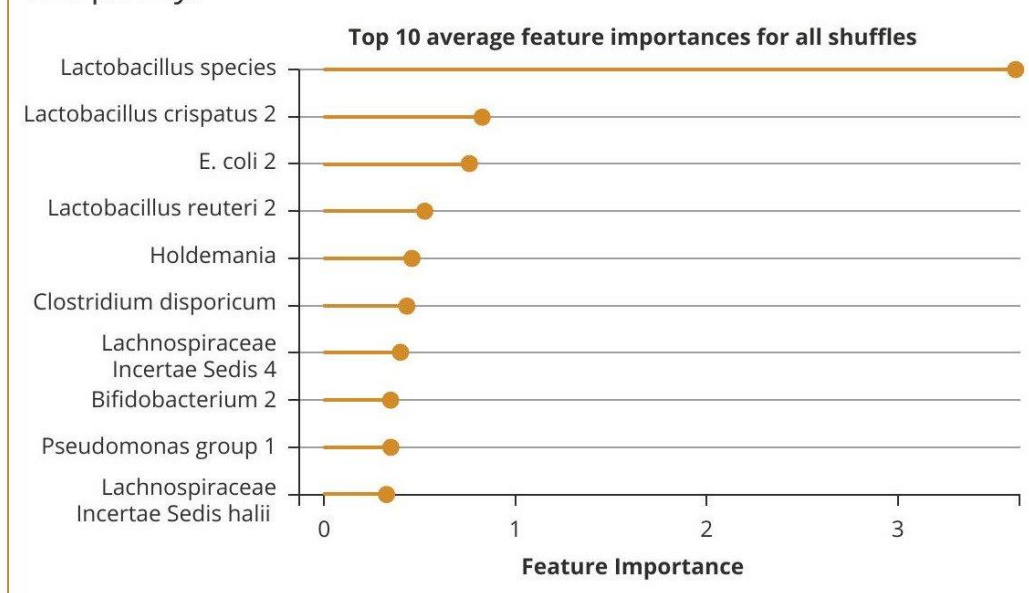
Connecting broiler breeder microbiota to performance

Unravelling the microbiota of birds is a field of study that has gained a lot of interest in recent times. By understanding the key microbial players and their fluctuation in flocks, the research offers a foundation for developing targeted strategies to optimise bird health, welfare and performance in commercial conditions.

BY ANNE GODERIS, JEAN DE OLIVEIRA, HENK ENTING AND HSUAN CHEN, CARGILL

Intestinal microbiota play a crucial role in chicken health and production performance. The maturation of chicken microbiota includes rapid successional changes, developing from a simple to a more complex and diverse composition based on gradual colonisation of the intestinal tract. Large-scale field trials have demonstrated that well-performing broiler flocks have more stable and mature microbiota at an earlier age. Their microbiota is further characterised by a lesser abundance of proteobacteria and a more balanced ratio between lactate-producing and lactate-utilising bacteria, resulting in better production of short chain fatty acids. Delaying or disrupting this development pattern caused by poor chick quality, for example, results in a poorer performance and increased pathogen and food safety risks. Different interventions, such as probiotics, prebiotics, postbiotics, phytogenic compounds, organic acids and appropriate dietary fibre sources, with low levels of fermentable protein, have been shown to promote early microbiota maturation in broiler chickens. They can also result in a better ratio between lactate-producing and lactate-consuming bacteria in the hindgut, leading to increased production of short-chain fatty acids.

Figure 1 – Top ten biomarkers, in order of importance, for the model to distinguish between breeder flocks performing well and poorly.



Complex interactions

Unravelling the interaction between environmental and host factors and their impact on chickens' gut microbiota is a complex task. There is more than 109 bacteria/gram ileal

content and more than 1011 bacterial/gram cecal content. Analysis of the gut microbiota with molecular approaches has identified bacterial populations of over 600 species from more than 100 genera. Furthermore, the relationship between different bacteria and between bacteria and other factors impacting them may also be non-linear in nature. At Cargill we have spent more than ten years working on the development of a practical non-invasive microbiota analysis platform, called Galleon, to extract actionable insights from big microbiome data such as this. Chicken cloaca samples are collected in the field with swabs, the microbiota are quantified using a micro-array chip with pre-selected DNA populations (biomarkers) which are then analysed using statistics and non-linear AI (artificial intelligence) models. Using this combination of technologies, Cargill's Galleon Microbiome Intelligence base provides poultry producers with practical and actionable information on the gut microbiome status of their flocks to help improve animal health, performance, preharvest food safety and, ultimately, return on investment.

Link to performance Recent work with Galleon in broiler breeders showed that their gut microbiota composition is also linked to performance. These specific concepts related to broiler performance may also be important in breeders. In the field case study presented, Galleon was used to investigate the difference in the microbiota composition of high and low-performing broiler breeder flocks (153 vs 140 saleable chicks/hen) both receiving the same feed and raised with similar management practices. The low-performing breeder flocks were associated with a greater presence of *Lactobacillus*, *Enterococcus* and *Clostridium perfringens*. The AI model also confirmed *Lactobacillus* as the most important biomarker to distinguish between high-and low-performing breeder flocks (Figure 1), with a significantly higher abundance of *Lactobacillus* species in less-well performing farms (Figure 2). This may indicate an imbalance between lactate-producing and lactate-consuming bacteria in the hindgut of broiler breeders which may result in reduced performance, similar to what is often seen with Galleon in the field in poorly performing broiler farms.



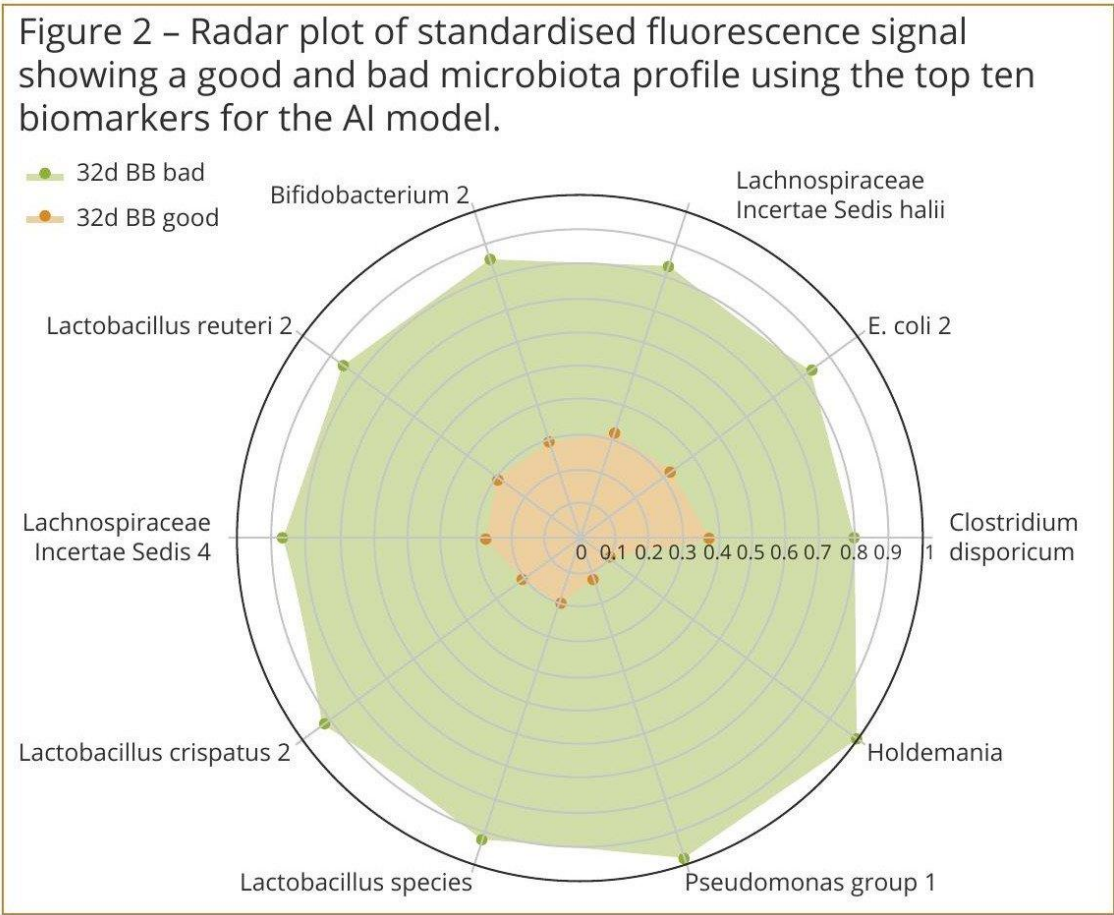
Unravelling the interaction between environmental and host factors and their impact on chickens' gut microbiota is a complex task.

PHOTO: LEX SALVERDA

Since broiler breeders are adult animals, their intestinal microbiota are expected to be mature and stable, and more resilient to different stressors. However, an unstable and less

FINANSOWANE Z FUNDUSZU PROMOCJI MIĘSA DROBIOWEGO

mature intestinal microbiota is more sensitive to stressors and the disruption of normal developmental patterns. This may result in a greater pathogen risk and an imbalanced ratio between lactate-producing and lactate-utilising bacteria with too high a concentration of *Lactobacillus* species. This may lead to an accumulation of lactate in ceca which is detrimental to several butyrate-producing bacteria. Specific dietary interventions can restore this microbiome balance and improve performance. More work is planned to unravel the link between the gut microbiota of broiler breeders and the performance of their offspring, also to evaluate nutrition and additive strategies to optimise microbiota in broiler breeders and achieve a better overall performance.



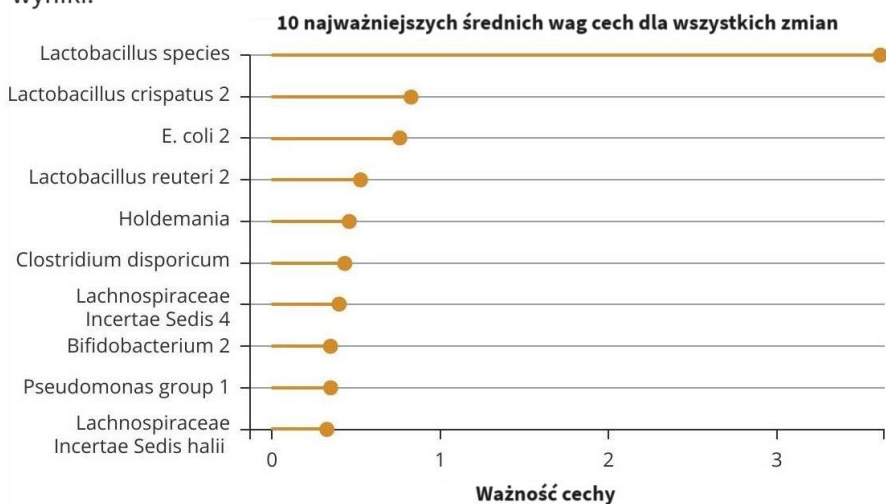
Powiązanie mikrobioty brojlerów z ich wydajnością

Odkrywanie mikrobioty ptaków to dziedzina badań, która w ostatnim czasie zyskała duże zainteresowanie. Dzięki zrozumieniu kluczowych czynników mikrobiologicznych i ich fluktuacji w stadach, badania te stanowią podstawę do opracowania ukierunkowanych strategii optymalizacji zdrowia, dobrostanu i wydajności ptaków w warunkach komercyjnych.

ANNE GODERIS, JEAN DE OLIVEIRA, HENK ENTING I HSUAN CHEN, CARGILL

Mikrobiota jelitowa odgrywa kluczową rolę w zdrowiu kurcząt i wydajności produkcji. Dojrzewanie mikrobioty kurcząt obejmuje szybkie zmiany sukcesyjne, rozwijające się od prostego do bardziej złożonego i zróżnicowanego składu opartego na stopniowej kolonizacji przewodu pokarmowego. Przeprowadzone na dużą skalę badania terenowe wykazały, że dobrze prosperujące stada brojlerów mają bardziej stabilną i dojrzałą mikrobiotę w młodszym wieku. Ich mikrobiota charakteryzuje się ponadto mniejszą liczebnością proteobakterii i bardziej zrównoważonym stosunkiem między bakteriami produkującymi i wykorzystującymi mleczany, co skutkuje lepszą produkcją krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych. Opóźnienie lub zakłócenie tego wzorca rozwoju, spowodowane na przykład niską jakością piskląt, skutkuje gorszą wydajnością i zwiększonym ryzykiem związanym z patogenami i bezpieczeństwem żywności. Wykazano, że różne interwencje, takie jak probiotyki, prebiotyki, postbiotyki, związki fitogeniczne, kwasy organiczne i odpowiednie źródła białka pokarmowego, o niskim poziomie fermentowalnego białka, promują wczesne dojrzewanie mikrobioty u kurcząt brojlerów. Mogą one również skutkować lepszym stosunkiem między bakteriami produkującymi i zużywającymi mleczany w jelicie tylnym, co prowadzi do zwiększonej produkcji krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych.

Rysunek 1 - Dziesięć najważniejszych biomarkerów, w kolejności ważności, dla modelu rozróżniającego stada hodowlane osiągające dobre i słabe wyniki.



Złożone interakcje

Wyjaśnienie interakcji między czynnikami środowiskowymi i gospodarza oraz ich wpływu na mikrobiotę jelitową kurcząt jest złożonym zadaniem. Istnieje ponad 109 bakterii/gram treści jelita krętego i ponad 1011 bakterii/gram treści jelita ślepego. Analiza mikrobioty jelitowej za pomocą metod molekularnych pozwoliła zidentyfikować populacje bakterii obejmujące ponad 600 gatunków z ponad 100 rodzajów. Co więcej, związek między różnymi bakteriami oraz między

bakteriami a innymi czynnikami wpływającymi na nie może mieć również charakter nieliniowy. W firmie Cargill spędziliśmy ponad dziesięć lat pracując nad rozwojem praktycznej, nieinwazyjnej platformy analizy mikrobioty o nazwie Galleon, aby wydobyć przydatne informacje z obszernych danych mikrobiomu, takich jak te. Próbki kloaki kurczaka są pobierane w terenie za pomocą wymazów, mikrobiota jest określana ilościowo za pomocą mikromacierzy z wcześniej wybranymi populacjami DNA (biomarkerami), które są następnie analizowane za pomocą statystyk i nieliniowych modeli AI (sztucznej inteligencji). Korzystając z tego połączenia technologii, baza Galleon Microbiome Intelligence firmy Cargill zapewnia producentom drobiu praktyczne i przydatne informacje na temat stanu mikrobiomu jelitowego ich stad, aby pomóc poprawić zdrowie zwierząt, wydajność, bezpieczeństwo żywności przed zbiorami i ostatecznie zwrot z inwestycji.

Związek z wydajnością Niedawne prace z użyciem Galleon u hodowców brojlerów wykazały, że skład ich mikroflory jelitowej jest również powiązany z wydajnością. Te specyficzne koncepcje związane z wydajnością brojlerów mogą być również ważne dla hodowców. W przedstawionym studium przypadku Galleon został wykorzystany do zbadania różnicy w składzie mikrobioty wysokowydajnych i niskowydajnych stad hodowlanych brojlerów (153 vs 140 piskląt na sprzedaż), otrzymujących tę samą paszę i hodowanych przy użyciu podobnych praktyk zarządzania. Nisko wydajne stada hodowlane były związane z większą obecnością bakterii *Lactobacillus*, *Enterococcus* i *Clostridium perfringens*. Model AI potwierdził również, że *Lactobacillus* jest najważniejszym biomarkerem pozwalającym odróżnić stada hodowlane o wysokiej i niskiej wydajności (rysunek 1), ze znacznie wyższą liczebnością gatunków *Lactobacillus* w mniej wydajnych gospodarstwach (rysunek 2). Może to wskazywać na brak równowagi między bakteriami produkującymi i zużywającymi mleczany w jelitach tylnych brojlerów, co może skutkować obniżoną wydajnością, podobnie jak to często obserwuje się w przypadku Galleon w terenie w słabo prosperujących fermach brojlerów.

Związek z wydajnością

Niedawne prace z użyciem Galleon u hodowców brojlerów wykazały, że skład ich mikroflory jelitowej jest również powiązany z wydajnością. Te specyficzne koncepcje związane z wydajnością brojlerów mogą być również ważne dla hodowców. W przedstawionym studium przypadku Galleon został wykorzystany do zbadania różnicy w składzie mikrobioty wysokowydajnych i niskowydajnych stad hodowlanych brojlerów (153 vs 140 piskląt na sprzedaż), otrzymujących tę samą paszę i hodowanych przy użyciu podobnych praktyk zarządzania. Nisko wydajne stada hodowlane były związane z większą obecnością bakterii *Lactobacillus*, *Enterococcus* i *Clostridium perfringens*. Model AI potwierdził również, że *Lactobacillus* jest najważniejszym biomarkerem pozwalającym odróżnić stada hodowlane o wysokiej i niskiej wydajności (rysunek 1), ze znacznie wyższą liczebnością gatunków *Lactobacillus* w mniej wydajnych gospodarstwach (rysunek 2). Może to wskazywać na brak równowagi między bakteriami produkującymi i zużywającymi mleczany w jelitach tylnych brojlerów, co może skutkować obniżoną wydajnością, podobnie jak to często obserwuje się w przypadku Galleon w terenie w słabo prosperujących fermach brojlerów.



FOT: LEX SALVERDA

Wyjaśnienie interakcji między czynnikami środowiskowymi i gospodarza oraz ich wpływu na mikrobiotę jelitową kurcząt jest złożonym zadaniem.

Ponieważ brojlery są dorosłymi zwierzętami, oczekuje się, że ich mikrobiota jelitowa będzie dojrzała i stabilna oraz bardziej odporna na różne czynniki stresogenne. Jednak niestabilna i mniej dojrzała mikroflora jelitowa jest bardziej wrażliwa na czynniki stresogenne i zakłócenia normalnych wzorców rozwojowych. Może to skutkować większym ryzykiem patogenów i nie zrównoważonym stosunkiem między bakteriami produkującymi i wykorzystującymi mleczany, ze zbyt wysokim stężeniem gatunków *Lactobacillus*. Może to prowadzić do gromadzenia się mleczanu w jelicie ślepym, co jest szkodliwe dla kilku bakterii produkujących maślan. Konkretnie interwencje dietetyczne mogą przywrócić równowagę mikrobiomu i poprawić wydajność. Planowane są dalsze prace mające na celu odkrycie związku między mikrobiotą jelitową brojlerów a wydajnością ich potomstwa, a także ocenę strategii żywieniowych i dodatków w celu optymalizacji mikrobioty u brojlerów i osiągnięcia lepszej ogólnej wydajności.

Rysunek 2 - Wykres radarowy znormalizowanego sygnału fluorescencji pokazujący dobry i zły profil mikrobioty przy użyciu dziesięciu najlepszych biomarkerów dla modelu AI.

