

## Tavuklarda Sindirim Sistemi Mikrobiyotası ve Önemi

Kürşat TETİK<sup>1,a,\*</sup>, Barış SAREYYÜPOĞLU<sup>2,b</sup>

<sup>1</sup>Ankara Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Veteriner Mikrobiyoloji Anabilim Dalı, Ankara, Türkiye.

<sup>2</sup>Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi, Veteriner Mikrobiyoloji Anabilim Dalı, Ankara, Türkiye.

<sup>a</sup>ORCID: 0000-0001-9449-2525, <sup>b</sup>ORCID: 0000-0002-2212-2610

Geliş Tarihi: 07.07.2022

Kabul Tarihi: 15.12.2022

**Özet:** Tavukların gastrointestinal kanalı, besinlerin sindirilmesinde, emiliminde, bağışıklık sisteminin gelişmesinde ve patojen mikroorganizmaların uzaklaştırılmasında hayati rol oynayan mikrobiyotayı barındırır. Dokuz yüzden fazla bakteri türünü içeren mikrobiyotanın; tavuğun yaşı, cinsiyeti, sindirim sisteminde bulunduğu yer ve tükettiği yemden etkilendiği düşünülmektedir. Son yıllarda bu konu hakkında yapılan araştırmalar, mikrobiyotanın konağın sağlık ve hastalık durumu üzerine büyük öneme sahip olduğunu göstermiştir. Sindirim sistemi mikrobiyotasının fonksiyonunun daha iyi anlaşılması, gelecekte kanatlı sağlığı ve üretiminin iyileştirilmesi için yeni fırsatlar sağlayacaktır. Bu makalede, tavuk gastrointestinal mikrobiyotasının oluşumu, fonksiyonu, çeşitliliği ve mikrobiyotayı etkileyen faktörler hakkında genel bilgiler mevcut literatürden yararlanılarak derlenmiştir.

**Anahtar Kelimeler:** Bağırsak sağlığı, Mikrobiyom, Mikrobiyota, Tavuklar.

### Digestive System Microbiota in Chickens and Its Importance

**Abstract:** The gastrointestinal tract of chickens harbors the microbiota, which plays a vital role in the digestion and absorption of nutrients, the development of the immune system, and the exclusion of pathogenic microorganisms. This microbiota, containing more than 900 bacterial species, is thought to be affected by the age and sex of the chicken, its location in the digestive system, and the feed consumed by the chicken. Research on this subject in recent years has shown that microbiota significantly impacts the host's health and disease status. A better understanding of the function of the digestive microbiota will provide new opportunities for improving poultry health and production in the future. This article reviews general information about the formation, function, and diversity of the chicken gastrointestinal microbiota and the factors affecting the microbiota, referring to the existing literature.

**Keywords:** Gut health, Microbiome, Microbiota, Chickens.

### Giriş

Mikrobiyota, insan ve hayvanlarda belirli bir sistemi ve/veya bölgeyi kolonize eden kommensal, simbiyotik ve patojenik mikroorganizmaları içeren mikrobiyal topluluklar olarak tanımlanır. Bu mikroorganizmaların tamamının genomu ise mikrobiyom olarak bilinmektedir (Sender ve ark., 2016). Tavuk mikrobiyotası içerisinde mantarlar, virüsler, protozoonlar ve arkealar da tanımlanmış olmasına rağmen, bakterilerin daha yoğun bulunduğu bildirilmiştir (Sood ve ark., 2020). ABD'de Ulusal Sağlık Enstitüsü (National Institutes of Health, NIH) ve Ulusal İnsan Genom Araştırma Enstitüsü (National Human Genome Research Institute, NHGRI) tarafından 2008 yılında başlatılan "İnsan Mikrobiyom Projesi" ve kısa süre sonra Avrupa'da başlatılan "İnsan Bağırsağı Metagenomiği Projesi" (METAGENOMICS OF THE HUMAN INTESTINAL TRACT, MetaHIT) konunun önemini göstermeleri açısından oldukça anlamlıdır. Aslında, özellikle rumen ve bağırsak florasının incelendiği çalışmalar nedeniyle, veteriner hekimlikte aynı kapsamdaki araştırmaların geçmişi daha köklüdür (Diker, 2017). Yakın zamana

kadar kümes hayvanlarının mikrobiyotası üzerine yapılan araştırmalar, mikrobiyotanın sadece küçük bir kısmını kültüre edebilen geleneksel mikrobiyolojik tekniklere dayanmaktaydı. Son yirmi yılda ise, DNA dizi analizleri, kütle spektrometresi ve biyoinformatik alanındaki teknik ilerlemeler ve gerçekleştirilen araştırmalar neticesinde, sindirim sistemi mikrobiyotasının, konağın sağlığı ve hastalık durumu üzerinde büyük bir öneme sahip olduğu anlaşılmıştır (Kuda ve ark., 2017).

**Tavuklarda Sindirim Sistemi Mikrobiyotasının Oluşumu ve Gelişimi:** Sindirim sistemi kolonizasyonunun civcivlerin kuluçkadan çıktıktan hemen sonra başladığı ve kuluçka ortamının mikrobiyal çeşitlilik üzerinde büyük bir etkisi olduğu düşünülmektedir. Tavukların yaşamının 1. gününde sekumda; streptokoklar ve enterobakteriler, 3. gününde ise laktobasiller, streptokoklar, enterokoklar ve koliformlar gibi birçok bakterinin gastrointestinal sistemin farklı kısımlarından izole edilebildiği bildirilmiştir (Aruwa ve ark., 2021). Ayrıca tavuk ve hindilerde gerçekleştirilen bir araştırma, kanatlı

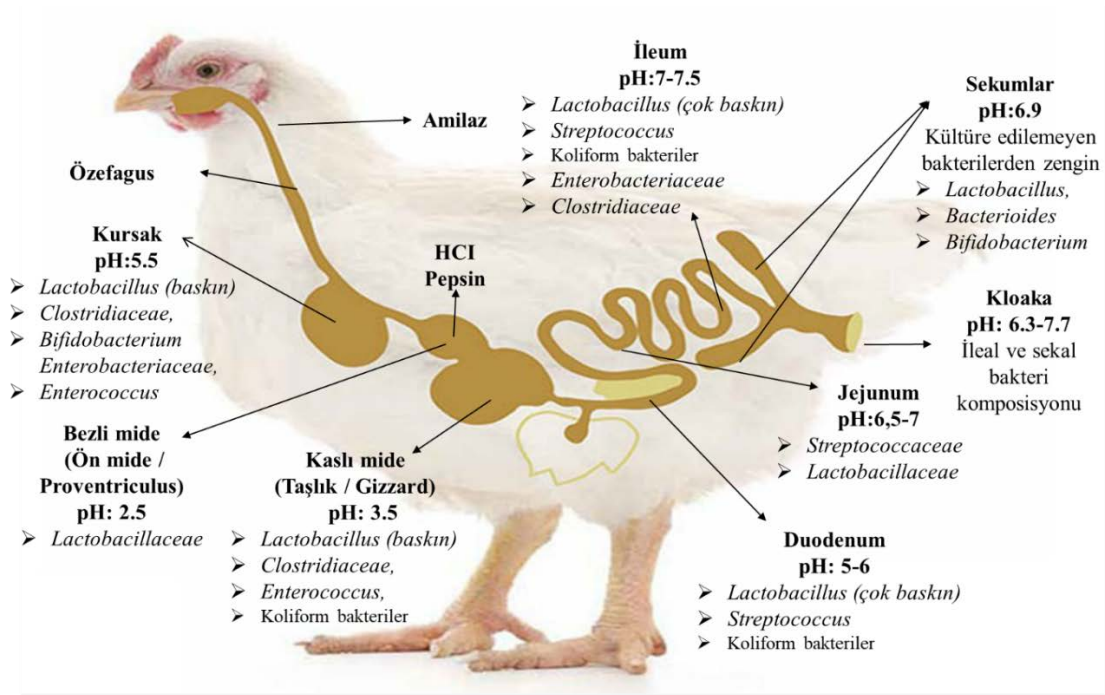
hayvan türleri arasında mikrobiyota çeşitliliğinde büyük farklılıklar olduğunu göstermiştir (Stanley ve ark., 2013). Bu çeşitlilik, insan ve diğer hayvanların mikrobiyotasında da bulunmuştur. Bu durum hem konakçıya hem de çevresel faktörlere bağlanmıştır (Simpson ve ark., 2000). Hayvansal üretim sistemleri arasında kümes hayvanları, yavruların annelerinden ayrılması nedeni ile farklılık göstermektedir. Bu nedenle, yumurtadan çıkan civcivlerin mikrobiyotalarının gelişimi üzerinde ebeveyn etkisinin belirgin bir şekilde azaltılmış olduğu düşünülmektedir. Bunun dışında, ticari kuluçkahanelerde yumurtadan çıkan civcivler, kuluçka çalışanları, altlık, yem ve taşıma kutuları gibi çevresel kaynaklara bağlı olarak çeşitli mikroorganizmalarla karşılaşır. Bu sebeplerle araştırmacılar tavuk mikrobiyotasının geniş çapta değişen profillere sahip olmasını, civcivlerin yaşamlarının ilk saatlerinde kanatlı kaynaklı olmayan mikroorganizma çeşitliliğine maruz kalması ve azaltılmış ebeveyn etkisine bağlı olduğunu düşünmektedir (Stanley ve ark., 2013).

**Mikrobiyotanın Bileşimi:** Genel olarak tavuklardaki mikrobiyota yaş, cinsiyet, yem içeriği gibi çeşitli faktörlere göre değişir ve bu nedenle, yayımlanan çalışmalarda taksonomik kompozisyon profilleri büyük ölçüde farklılık göstermiştir. Ayrıca, mikrobiyom konağın ömrü boyunca birçok değişikliğe uğrar. Tek bir şube, cins veya türün konak mikrobiyotası üzerindeki hakimiyetinin geçici olduğu bildirilmiştir (Marmion ve ark., 2021). Wei ve ark. (2013), mikrobiyotayı 13 şube olarak sınıflandırmış ve *Firmicutes* (%70), *Bacteroidetes* (%12.3) ve *Proteobacteria* (%9.3) şubelerine eşdeğer olan 915 operasyonel taksonomik birimin (OTU) varlığını belirlemişlerdir. Bu 915 OTU içerisinde genel olarak *Clostridium*, *Ruminococcus*, *Lactobacillus* ve *Bacteroides*'in baskın olduğu 117 cins tanımlanmıştır (Clavijo ve Flórez, 2018). *Firmicutes* şubesinde etanol üreten *Ethanoligenes* cinsinin yüksek prevalansa sahip olduğu gösterilmiştir. *Proteobacteria* şubesinde *Desulfohalobium* cinsinin de baskın olduğu tespit edilmiştir (Sood ve ark., 2020).

**Sindirim Sistemi Konumuna Göre Mikrobiyota Kompozisyonu:** Tavuk sindirim sisteminin bölümleri farklı bakteri çeşitliliğine sahiptir. Bu nedenle araştırmacılar her bir bölümün ayrı ekosistem olarak düşünülmesini önermiştir (Sekelja ve ark., 2012; Stanley ve ark., 2014). Bölümler arasındaki bakteri kompozisyonu; bireysel genetik, çevresel koşullar, yem ve antimikrobiyallerin kullanımı gibi faktörlere bağlı olarak değişim gösterdiği için tipik mikrobiyal profilleri tanımlamanın zor olduğu bildirilmiştir (Stanley ve ark., 2014). Tavuk sindirim sisteminde yem, ağızda amilaz, lipaz gibi enzimler ile sindirime tabi tutulur ve özofagustan geçerek kursağa aktarılır. Kursak, özofagusun genişlemesi ile oluşan yemlerin

depolandığı organdır. Burada yem ıslatılarak yumuşatılır ve proventrikulusa geçer. Proventrikulusta, hidroklorik asit ve pepsin gibi sindirim enzimleri ile parçalanarak taşılığa iletilir. Taşlık, öğütülen, çözünmeyen tahılları biriktirir ve sindirim enzimleri aracılığı ile proteinlerin sindirimini tamamlayarak ince bağırsağa aktarır. İnce bağırsak yemin sindirimi ve emilimini sağladıktan sonra, yemin fermente edildiği ve her 24 saatte bir boşaltılan bir çift tüp olan sekum'a açılır. Burada polisakaritler gibi ince bağırsakta sindirilmeyen yemin sindirimi sağlanır. Sindirim kanalının son kısmını oluşturan kalın bağırsakta son posa emilerek kloakadan dışarı atılır (Clavijo ve Flórez, 2018; Lu ve ark., 2003; Noy ve ark., 1995; Stanley ve ark., 2014; Uni ve ark., 1999). Tavuk sindirim sistemi profilleri **Şekil 1**'de özetlenmiştir. **Kursakta**, başta Gram pozitif fakültatif anaerobik bakteriler, özellikle de *Lactobacillus* türleri (en yaygın türler; *Lactobacillus salivarius*, *L. fermentum*, *L. reuteri* ve *L. acidophilus*) olmak üzere  $10^8$  ila  $10^9$  cfu/g (1 g'da koloni oluşturan bakteri sayısı) kadar yoğunlukta mikrobiyota barındığı bildirilmiştir (Rehman ve ark., 2007). **Taşlık**, *Lactobacillus* spp. (etik piliçlerde önemli sayıda *L. aviarius* ve *L. salivarius*) ve *Enterococcus* spp.'nin yoğun olduğu bir kompozisyonu içermektedir (Bjerrum ve ark., 2005). **İnce bağırsakta**, en yoğun bakteri konsantrasyonları başlıca *Lactobacillus*, *Enterococcus* ve çeşitli *Clostridiaceae*'dir (Clavijo ve Flórez, 2018). İleum mikrobiyotası, ince bağırsak bölümleri arasında en çok incelenen bölümdür. *Lactobacillus* cinsinin baskın grubu oluşturduğu (%70) ve ardından *Clostridium* (%11), *Streptococcus* (%6.5) ve *Enterococcus* (%6.5) cinslerinin bulunduğu bildirilmiştir (Lu ve ark., 2003). Kanatlılarda **sekum**, kalın bağırsağın en büyük taksonomik çeşitlilik ve yoğunluğa sahip olan bölümüdür. Şüphesiz, sindirim kanalında yemine uzun süre (12 ila 20 saat) tutulduğu organdır. Bu organı mikrobiyota için önemli bir niş yapan diğer özellikler, su emiliminin en yoğun olduğu sindirim bölümü olması, üre düzenlemesinden sorumlu olması ve karbonhidatların fermantasyonunu gerçekleştirmesidir. Sekum mikrobiyotasının zenginliği, ince bağırsakta bakteriyel sindirime dirençli olan selüloz, nişasta ve polisakarid bakımından zengin yem maddelerinin sindirimi ile ilişkilendirilmektedir (Goldstein, 1989). Sekumda, en yoğun grubu *Clostridium* türleri (%65) oluştururken, bunu *Fusobacterium* (%14), *Lactobacillus* (%8) ve *Bacteroides* (%5) cinslerinin izlediği bildirilmiştir (Lu ve ark., 2003).

**Mikrobiyotada Bulunan Patojenler:** Tavuk mikrobiyotası, zoonoz hastalıklara neden olan bakteriyel toplulukları barındırır ve bunlardan en önemlileri *Campylobacteriosis* ve *Salmonellosis*'e



Şekil 1. Tavuk Sindirim Sistemi Profilleri (Stanley ve ark., 2014).

neden olan etkenleri içermektedir. Salmonellalar dünyada en sık görülen gıda kaynaklı hastalık etkenleridir. Bu nedenle, hayvan kaynaklı serotipler insanlar için potansiyel patojenler olarak kabul edilmektedir (Yapıcıer ve Sareyyüpoğlu, 2022). Salmonellaların tavuk bağırsak mikrobiyomunda küçük bir takson olduğu ve kümes hayvanlarında dağılımında sporadik bir yerleşim gösterdiği bildirilmiştir (Liljebelke ve ark., 2005). *Salmonella*, kanatlı hayvan türlerinde hastalığa neden olabilmektedir. Ancak hastalığa duyarlılık; konağın yaşına, bağışıklık durumuna ve hastalığa neden olan *Salmonella* serotipi veya suş tipine bağlıdır (Barrow, 1991). Bir başka patojen olan *Campylobacter* türleri (çoğunlukla *C. jejuni* ve *C. coli*) bağırsaklarda  $10^7$  cfu /g'a kadar hemen hemen tüm tavuk bağırsaklarında bulunmuştur ve bu nedenle de genellikle tavuklar için patojenik olmadığı öne sürülmüştür (Stern ve ark., 1995). Ancak yapılan daha güncel bir çalışmada etkenin tavuk sağlığını etkilediği ve aynı zamanda gıda kaynaklı önemli bir patojen olduğu gösterilmiştir (Humphrey ve ark., 2014). Öte yandan, *Escherichia coli*, tüm yaşam döngüsü boyunca sağlıklı tavukların bağırsaklarında bol miktarda bulunan bir  $\gamma$ -proteobakteridir. Bazı *E. coli* suşları, kümeslerdeki yüksek amonyak miktarına bağlı olarak *Mycoplasma gallisepticum* kaynaklı solunum yolu infeksiyonlarını takiben kanatlılarda ikincil fırsatçı enfeksiyonlara neden olabilir. Ayrıca yumurtacı tavuklarda, yumurta peritoniti veya salpenjit gibi patolojik değişikliklere neden olduğu bildirilmiştir (Landman ve ark., 2013). Tavuklardan izole edilen bazı APEC (Avian Pathogenic *E. coli*) suşları, insan ekstra-intestinal *E. coli*

patotipleriyle ortak virülans özellikleri olan P-pili, S-pili, CNF toksini, Ibe proteinleri veya K1 kapsülüne sahip olabilir. Ancak bu özellikler kanatlı izolatları arasında sporadik olarak bulunmuştur (Dziva ve ark., 2013). Bu virülans genlerine sahip APEC suşları, *E. coli* referans koleksiyonu B2 grubuna ait insan bağırsak *E. coli* suşları ile filogenetik olarak ilişkili görünmektedir. Bu durum, bazı APEC'lerin zoonotik olabileceğini düşündürmektedir (Ewers ve ark., 2007). Patojenler arasında yer alan clostridial popülasyon; *Clostridium perfringens*, *C. septicum* ve *C. colinum* gibi bazı türleri içerir. Bu türlerden *C. perfringens*'in tavuklarda nekrotik enterite neden olduğu ve insan patotiplerinin sahip olmadığı yeni bir toksin tipini içerdiği rapor edilmiştir (Keyburn ve ark., 2010).

**Tavuklarda Sindirim Sistemi Mikrobiyotasının Rolü ve Önemi:** Tavuk sindirim sistemi içerisinde yer alan karmaşık ve çeşitli mikrobiyal topluluklar, alınan yemin parçalanmasına ve sindirilmesine yardımcı olurlar. Yapılan çalışmalarda kanatlı mikrobiyotasının içeriği ile yemden yararlanma oranının ilişkili olduğu ifade edilmiştir (Huang ve ark., 2021). Bu nedenle, tavuk ile bakteriyel mikrobiyomu arasındaki etkileşimler kapsamlı bir şekilde birçok araştırma grubu tarafından incelenmiştir. Bunun sonucunda mikrobiyotanın; besin değişimi, immünolojik modülasyon, sindirim sistemi fizyolojisi ve patojenlerin dışlanması üzerine çeşitli etkileşimleri olduğu gösterilmiştir (Pan ve Yu, 2014).

**Besin Değişimi:** Tavukların sindirim sistemi mikrobiyotası, önemli olan besin bileşenleriyle hem doğrudan hem de dolaylı olarak etkileşimde

bulunurlar. Bu önemli besinler; kısa zincirli yağ asitleri (asetik asit, bütirik asit ve propiyonik asit), organik asitler (laktik asit, formik asit), antimikrobiyal bileşikler (bakteriyosinler) ve vitaminleri (K vitamini ve B vitamin gruplarını) içerir (Pan ve Yu, 2014). Tavuk sindirim sistemi bakterilerinin çoğu polisakaritleri, oligosakaritleri ve disakaritleri birincil şekerler halinde hidrolize ederek asetat, butirat ve propiyonat gibi kısa zincirli yağ asitleri üretir. Ayrıca kan akışını düzenler, enterositlerin büyümesini ve çoğalmasını uyarır ve bağırsaklardaki mukozal bağışıklığı etkileyen müsin üretimini düzenler (Tellez ve ark., 2006). Bununla birlikte, azot metabolizmasına da katkıda bulunur. Tavuk sindirim sistemi, karşılıklı olarak bağırsak bakterilerine besin sağlayabilir. Örneğin, goblet hücrelerinin bağırsakta ürettiği müsin, benzer şekilde kommensal bakteriler ve patojenler için önemli bir karbon, azot ve enerji kaynağıdır (Tellez ve ark., 2006).

**Mikrobiyota ve Bağışıklık Sistemi:** Bağırsaklarla ilişkili bağışıklık sistemi, sağlam bir mukozal katman, sıkıca birbirine bağlanmış bağırsak epitel hücreleri, salgılanan antikorlar (immünoglobulin A) ile antimikrobiyal peptitleri içerir. Yararlı bir mikrobiyal topluluğun, normal fizyolojik homeostazı koruduğu ve konakçı bağışıklık sisteminin düzenlenmesinde önemli bir rol oynadığı bildirilmiştir (Sommer ve Bäckhed, 2013). Tavukların bağışıklık sistemi hem doğal hem de kazanılmış bağışıklık ile etkili olur. Doğal bağışıklık bağırsak mukozasının enfeksiyona karşı birinci savunma hattı olup bakterilerin bağırsak epiteline girmesini önleyen bir bariyer görevi üstlendiği bilinmektedir (Carter ve ark., 2009). Kazanılmış bağışıklık sistemi ile ilgili olarak; kommensal bakterilerin bağışıklık tepkisini düzenlediği ve yardımcı T hücrelerini uyararak mukozal membranda koruma sağladığı öne sürülmektedir (Oakley ve ark., 2014). Fakat bu mekanizmalar henüz tam olarak açıklığa kavuşturulmamıştır. Ayrıca mikrobiyotanın sitokin ve kemokinlerin üretimine rehberlik ettiği, B-hücre yanıtını ve IgA üretimini modüle ettiği düşünülmektedir (Macpherson ve Uhr, 2004).

**Mikrobiyotanın Sindirim Sistemine Etkisi:** Yumurtadan çıkan civcivlerin sindirim sistemleri, yaşamın ilk saatlerinden itibaren mikroorganizmalar tarafından kolonize edilir. İlk yerleşen mikroorganizmalar zaman içinde istikrarlı ve farklı bir popülasyonun oluşması için temel bir ortam sağlar. Başlangıçta tavukların sindirim sistemi fakültatif aeroblar tarafından kolonize edilir ve daha sonra anaeroblar ile yer değiştirir. Aerobik bakterilerin çoğalması ve oksijen tüketimi, bağırsak ekosisteminde zorunlu anaerobların üreme ve kolonizasyonunu destekleyen indirgeyici koşulları sağlar (Aruwa ve ark., 2021). Tavuk bağırsağının iç yüzeyi kalsiform epitel hücreleri tarafından

salgılanan bir mukoza tabakası ile kaplanmıştır. Yapılan bir çalışmada, geleneksel olarak yetiştirilen tavukların mukozalarındaki müsin miktarının, düşük bakteri yüküne sahip ticari tavuklarınkine göre daha yüksek olduğu bildirilmiştir. Bu durum, bağırsak mikrobiyotasının mukoza tabakasının oluşumunu düzenlemede etkili olduğunun göstergesidir (Mitsuhiro ve Jun-ichi, 1994). Bu hipotezi destekleyen diğer çalışmalar Chambers ve Gong (2011) tarafından derlenmiştir. Ayrıca patojen protozoon ve bakteriler morfolojik değişikliklere neden olmaktadır. Örneğin, *Eimeria* spp. ve *C. perfringens* ile birlikte enfekte olmuş tavuklarda, bağırsak villi uzunluğunun önemli ölçüde azaldığı görülmüştür ve aynı etki *Salmonella typhimurium* ile enfekte olmuş tavuklarda da görülmüştür (Golder ve ark., 2011).

**Mikrobiyota ve Patojenlerin Dışlanması:** Yarışmalı dışlama, aynı kaynak için rekabet eden iki türün istikrarlı bir şekilde bir arada bulunamayacağını belirtmektedir. Bu nedenle, rakiplerden biri her zaman diğerine üstünlük kurarak onu dışlar. Mikrobiyota, kolonileşen patojenik bakterilerle rekabet eder ve bağırsaktaki patojenlerin adhezyonu ve kolonizasyonunu azaltabilir. Bu azalma, ortamın fiziksel işgali, belirli bir alandaki kaynaklar için rekabet, doğrudan fiziksel veya kimyasal etkileşimin farklı mekanizmaları sonucu olabilir. Örneğin mikrobiyotadaki etkenler tarafından bakteriyosin üretimi özellikle patojenler tarafından kolonizasyon sürecine müdahale ile ilişkilendirilmiştir (Razmyar ve ark., 2017). Bu korumaya yol açan işlemin kodu çözülmemiş olmasına rağmen rekabetçi dışlama işlemi, etlik tavuklarda *Salmonella*'nın bağırsak kolonizasyonunu önlemede en etkili yaklaşımlardan biri olmaya devam etmektedir (Chambers ve Gong, 2011).

#### Mikrobiyotayı Etkileyen Faktörler

**Tavuğun Yaşı:** Tavukların yaşı, sindirim sistemi bakteri kompozisyonunu etkileyen en önemli faktörlerden biridir. Mikrobiyotanın gelişimi ve zamansal dalgalanmalarının izlendiği bir çalışmada, 1 günlük civcivlerde ileum ve sekumda bakteri yoğunluklarının  $10^8$ - $10^{10}$  cfu/g olduğu, 3. günde  $10^{11}$  cfu/g 'a ulaştığı ve sonraki 30 günlük izleme boyunca da nispeten sabit kaldığı bildirilmiştir (Apajalahti ve ark., 2004). Benzer bir çalışma, ileum mikrobiyotasının kuluçka ve büyüme aşamaları (0-16 haftalık) sırasında kademeli olarak değiştiğini, yumurtlama aşamasına (17 haftalık) geçtikten sonra değişimin daha yoğun olduğunu, yine sekum mikrobiyotasının, yumurtlama aşamasına (16-25 haftalık) geçtikten sonra büyük ölçüde değiştiğini göstermektedir (Ngunjiri ve ark., 2019). Genel olarak tavuklarda ileri yaşlarda mikrobiyota bileşiminde

daha stabil bakteri taksonlarının oluştuğu görülmektedir (Shang ve ark., 2018).

**Cinsiyet:** Kanatlılarda cinsiyet farklı üretim sisteminin bir parçasıdır. Çünkü yumurtacı tavuk sürüleri dişilerden oluşurken, etlik piliç sürülerinde erkekler ve dişiler genellikle birlikte yetiştirilir. Erkek ve dişi piliçlerin bakteri topluluklarındaki farklılıkların büyümeyle ilgili olmayan faktörlerden etkilendiği düşünülmektedir (Kers ve ark., 2018). Deneysel bir çalışmada, büyüme hızında 21. güne kadar hiçbir farklılık gözlenmezken, 3. günde bağırsak mikrobiyota bileşiminde farklılıklar tespit edilmiştir (Lumpkins ve ark., 2008). PCR ile güçlendirilmiş 16S ribozomal RNA (rRNA) gen fragmanlarının denatüre gradyan jel elektroforezi (DGGE) ile saptandığı bağırsak mikrobiyota toplulukları, erkek ve dişiler arasında %30'dan daha az benzerlik göstermiştir (Lumpkins ve ark., 2008). Dişi ve erkek piliçlerin (22 ve 42 günlük) kantitatif PCR (qPCR) kullanılarak karşılaştırıldığı başka bir çalışmada, sekumlarında *Lactobacillus salyarius*, *L. cripatus*, *L. aviarius* ve *E. coli* yoğunluğu bakımından farklılıklar tespit edilmiştir (Torok ve ark., 2013).

**Beslenme:** Tavukların beslenmelerinde yer alan yem maddeleri mikrobiyotanın oluşumu ve gelişimini düzenler. Bu nedenle mikrobiyotanın oluşumunda beslenmenin büyük etkiye sahip olduğu düşünülmektedir. Protein, yağ, nişasta gibi sindirilebilirliği düşük yem kullanımı veya bu maddelerin sindirilebilirliğini artıracak enzim ilavesi, ısıl işlemler gibi önlemlerin alınmamış olması sağlıklı mikrobiyota gelişimini olumsuz etkilemektedir (Marmion ve ark., 2021). Tam olarak sindirilememiş yemler, patojen bakterilerin gelişmesini ve kolonizasyonunu artırmaktadır. Bunun sonucu olarak, yemden yararlanma oranı düşmekte, büyümede gerileme görülmekte ve konakçı enfeksiyonlara karşı duyarlı hale gelmektedir. Örneğin soya yağı içeren diyetlerle beslenen tavukların, hayvansal kaynaklı yağlarla beslenen tavuklardan daha düşük *C. perfringens* yoğunluğuna sahip olduğu görülmüştür (Clavijo ve Flórez, 2018; Luo ve ark., 2016).

**Antibiyotikler:** Kümes hayvanı yemlerine subterapötik seviyelerde antibiyotiklerin dahil edilmesinin, yem verimliliğini ve büyüme performansını arttırdığı ve *C. perfringens* dahil enterik bakteriyel patojenlerin seviyelerini azalttığı gösterilmiştir (Neumann ve Suen, 2015). Bu amaçla, basitrasın metilen disalisilat ve salinomisin gibi iyonoforlar dahil olmak üzere klasik antibiyotik takviyelerin yaygın olarak kullanıldığı rapor edilmiştir (Johansen ve ark., 2007). Bununla birlikte, antibiyotik kalıntılarının insan sağlığı üzerindeki etkisi ve antibiyotiğe dirençli bakterilerin ortaya çıkması konusundaki halk sağlığı endişeleri nedeniyle, birçok ülke kanatlı yemlerinde belirli antibiyotiklerin

kullanımını aşamalı olarak kaldırarak bu riskleri azaltmak için adımlar atmıştır (Agunos ve ark., 2019). Son yıllarda, yeni nesil dizileme teknolojisi kullanılarak gerçekleştirilen 16S rRNA araştırmaları, mikrobiyota profillerindeki değişiklikleri ayırt etmekte önemli derecede kolaylıklar sağlamıştır. Yapılan son çalışmalar, antibiyotik takviyeli yemlerin gastrointestinal sistemde yararlı bakterilerin çoğunluğunu oluşturan *Lactobacillus*, *Bifidobacteria* ve *Streptococcus* gibi Gram pozitif bakterilerin miktarında önemli azalmalara yol açtığı gösterilmiştir (Broom, 2017). Bu azalma sonrasında *Salmonella* ve *Campylobacter* benzeri Gram negatif bakterilerin miktarı artmıştır. Bu durumun bağırsaklarda rölatif sayısı azalan kommensal bakterilerin patojenler ile rekabet eksikliğinden kaynaklandığı düşünülmektedir (Kumar ve ark., 2019).

**Probiyotikler:** Probiyotikler, yeterli miktarlarda uygulandığında konakçı sağlığına yarar sağlayan canlı mikroorganizmalar olarak tanımlanmıştır (Smith, 2014). Örneğin bazı mikroorganizmalar, yem liflerini ve diğer besin maddelerini konakçı için hazır hale getirerek, daha verimli bir şekilde sindirilebilmesini sağlar (Mahmood ve Guo, 2020). *Lactobacillus* konakçı için yararlı olan substratların sindirimi veya fermentasyonu sırasında, antimikrobiyal özellikteki laktik asitleri üretebilir. Bu üretimi doğal mikrobiyota veya mikrobiyota ortamının stabilizasyonu sayesinde başarılılar. *Lactobacillus acidophilus*'tan salgılanan bakteriyosinlerin, patojenlerin hücrelere bağlanma ve kolonizasyonunu rekabetçi bir şekilde önleyerek patogenezi azalttığı bilinmektedir (Alvarez-Sieiro ve ark., 2016). Ayrıca *Lactobacillus* takviyeli yemle beslenen tavuklarda *Salmonella* ve enteropatojenik *E. coli* (EPEC) popülasyonunda azalma ve antikor üretiminde artış olduğu bildirilmiştir (Brisbin ve ark., 2010).

**Prebiyotikler:** Prebiyotikler, konağın sağlığını geliştirmek için sindirim sisteminde faydalı mikrobiyal aktiviteyi uyaran ve büyümeyi teşvik eden cansız besin maddeleri olarak tanımlanmaktadır. Probiyotiklerle karşılaştırıldığında; üretilmesi daha ucuz, konakta istenmeyen yan etki riskleri daha düşük ve üretim sürecinin daha kolay olduğu bildirilmektedir (Clavijo ve Flórez, 2018). Çeşitli bitkilerde yaygın olarak bulunan inülin, ilgili hidrolizatları ve oligofruktoz, prebiyotiklerin klasik örneklerini temsil ettiği bildirilmiştir (Ricke, 2015). Tavuklarda prebiyotiklerle ilgili çeşitli çalışmalarda, *Salmonella*, *E. coli* ve *Eimeria* spp. gibi patojenlerin inhibisyonunda mannan oligosakkaritlerinin (maya hücre duvarları) etkili olduğu ve oligofruktozların performansı artırdığı bildirilmiştir (Stanley ve ark., 2014). Mannan oligosakkaritleri ve lignin ile beslenen tavuklar üzerine yapılan bir çalışma; sekumdaki yararlı bakteri popülasyonunun, jejunumdaki villus yüksekliğinin ve goblet hücrelerinin sayısında artış

olduğunu bildirmiştir. Ayrıca altlıktaki *E. coli* popülasyonunda azalma tespit edilmiştir (Baurhoo ve ark., 2007). Oligofruktozların kullanımı ile ilgili yapılan bir çalışmada, *Bifidobacterium* ve *Lactobacillus*'un üremesini arttırdığı, ince bağırsakta ve sekal sindirimde *Escherichia coli*'yi inhibe ettiği ancak büyüme performansı, sindirim enzimi aktiviteleri, bağırsak mikrobiyotası veya morfoloji üzerinde önemli bir etkisi olmadığı gösterilmiştir (Xu ve ark., 2003).

## Sonuç

Son yıllarda sindirim sistemi mikrobiyotasının taksonomik yapısı ve bağırsak sağlığına katkılarını anlamada önemli ilerlemeler kaydedilmiştir. Yapılan çalışmalar, sindirim sistemi mikrobiyal ekosisteminin dinamiklerinin açığa çıkartılması açısından önemlidir. Tanımlama ve karakterizasyon teknolojilerinde devam eden gelişmelerle birlikte kanatlı mikrobiyomunun yeni üyelerinin keşfedilmesi muhtemeldir. Gelecekteki çalışmalarda mikrobiyomun rolüne ilişkin anlayışımızı arttırmak amacıyla, omik (Genomik, Transkriptomik, Proteomik, Metabolomik ve Metagenomik) yaklaşımların uygulanması anlamlı olacaktır. Bu alanda yapılan çalışmalar neticesinde tavukların çevre, yem ve fizyolojik değişikliklere bağlı olarak bağırsak mikrobiyotasının nasıl yönetileceği konusu daha iyi anlaşılacaktır.

## Çıkar çatışması

Yazarlar bu yazı için gerçek, potansiyel veya algılanan çıkar çatışması olmadığını beyan etmişlerdir.

## Etik izin

Bu çalışma "Hayvan Deneyleri Etik Kurullarının Çalışma Usul ve Esaslarına Dair Yönetmelik" Madde 8 (k) gereği HADYEK iznine tabi değildir. "Etik Beyan Formu" yazarlarca imzalanarak sisteme yüklenmiştir. Ayrıca yazarlar Araştırma ve Yayın Etiğine uyulduğunu beyan etmişlerdir.

## Benzerlik Oranı

Makalenin benzerlik oranının sisteme yüklenen raporda belirtildiği gibi %5 olduğunu beyan ederiz.

## Açıklama

Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Mikrobiyoloji Anabilim Dalı Doktora seminerinden özetlenmiştir.

## Yazar Katkıları

Fikir/Kavram: KT, BS  
Tasarım: KT  
Denetleme/Danışmanlık: BS  
Veri Toplama ve/veya İşleme: KT  
Analiz ve/veya Yorum: KT, BS  
Kaynak Taraması: KT  
Makalenin Yazımı: KT  
Eleştirel İnceleme: BS

## Kaynaklar

- Agunos A, Gow SP, Léger DF, Carson CA, Deckert AE, Bosman AL, Reid-Smith RJ, 2019: Antimicrobial use and antimicrobial resistance Indicators-Integration of Farm-Level surveillance data from broiler chickens and turkeys in British Columbia, *Front Vet Sci*, 6, 131.
- Alvarez-Sieiro P, Montalbán-López M, Mu D, Kuipers OP, 2016: Bacteriocins of lactic acid bacteria: extending the family. *Appl Microbiol Biotechnol*, 100 (7), 2939-2951.
- Apajalahti J, Kettunen A, Graham, H, 2004: Characteristics of the gastrointestinal microbial communities, with special reference to the chicken. *Worlds Poult Sci J*, 60 (2), 223-232.
- Aruwa CE, Pillay C, Nyaga MM, Sabiu S, 2021: Poultry gut health-microbiome functions, environmental impacts, microbiome engineering and advancements in characterization technologies. *J Anim Sci Biotechnol*, 12 (1), 1-15.
- Barrow P, 1991: Experimental infection of chickens with *Salmonella enteritidis*. *Avian Pathol*, 20 (1), 145-153.
- Baurhoo B, Phillip L, Ruiz-Feria C, 2007: Effects of purified lignin and mannan oligosaccharides on intestinal integrity and microbial populations in the ceca and litter of broiler chickens. *Poult Sci*, 86 (6), 1070-1078.
- Bjerrum L, Pedersen K, Engberg R, 2005: The influence of whole wheat feeding on *Salmonella* infection and gut flora composition in broilers. *Avian Dis*, 49 (1), 9-15.
- Brisbin JT, Gong, J, Parvizi P, Sharif, S, 2010: Effects of lactobacilli on cytokine expression by chicken spleen and cecal tonsil cells. *Clin Vaccine Immunol*, 17 (9), 1337-1343.
- Broom LJ, 2017: The sub-inhibitory theory for antibiotic growth promoters. *Poult Sci*, 96 (9), 3104-3108.
- Carter AJ, Adams MR, Woodward MJ, La Ragione RM, 2009: Control strategies for *Salmonella* colonization of poultry: The probiotic perspective. *Food Sci Technol*, 5, 103-115.
- Chambers JR, Gong, J, 2011: The intestinal microbiota and its modulation for *Salmonella* control in chickens. *Food Res Int*, 44(10), 3149-3159.
- Clavijo V, Flórez MJV, 2018: The gastrointestinal microbiome and its association with the control of pathogens in broiler chicken production: a review. *Poult Sci*, 97 (3), 1006-1021.
- Diker KS, 2017: Hayvanlarda mikrobiyom-hayvan mikrobiyomu. *Vet Hekim Der Derg*, 88 (2), 122-132.
- Dziva F, Hauser H, Connor TR, van Diemen PM, Prescott G, Langridge GC, Mellata, M, 2013: Sequencing and

- functional annotation of avian pathogenic *Escherichia coli* serogroup O78 strains reveal the evolution of *E. coli* lineages pathogenic for poultry via distinct mechanisms. *Infect Immun*, 81(3), 838-849.
- Ewers C, Li G, Wilking H, Kießling S, Alt K, Antão EM, Homeier T. (2007). Avian pathogenic, uropathogenic, and newborn meningitis-causing *Escherichia coli*: how closely related are they? *Int J Med Microbiol*, 297 (3), 163-176.
- Golder H, Geier M, Forder R, Hynd P, Hughes R, 2011: Effects of necrotic enteritis challenge on intestinal micro-architecture and mucin profile. *Br Poult Sci*, 52 (4), 500-506.
- Goldstein DL, 1989: Absorption by the cecum of wild birds: is there interspecific variation? *J Exp Zool*, 252 (S3), 103-110.
- Huang Y, Lv H, Song Y, Sun C, Zhang Z, Chen S, 2021: Community composition of cecal microbiota in commercial yellow broilers with high and low feed efficiencies. *Poult Sci*, 100 (4), 100996.
- Humphrey S, Chaloner G, Kemmett K, Davidson N, Williams N, Kipar A, Wigley, P, 2014: *Campylobacter jejuni* is not merely a commensal in commercial broiler chickens and affects bird welfare. *MBio*, 5 (4), e01364-01314.
- Johansen CH, Bjerrum L, Pedersen K, 2007: Impact of salinomycin on the intestinal microflora of broiler chickens. *Acta Vet Scand*, 49 (1), 1-8.
- Kers JG, Velkers FC, Fischer EA, Hermes GD, Stegeman JA, Smidt H, 2018: Host and environmental factors affecting the intestinal microbiota in chickens. *Front Microbiol*, 9, 235.
- Keyburn AL, Bannam TL, Moore RJ, Rood JJ, 2010: NetB, a pore-forming toxin from necrotic enteritis strains of *Clostridium perfringens*. *Toxins*, 2 (7), 1913-1927.
- Kuda T, Yokota Y, Shikano A, Takei M, Takahashi H, Kimura B, 2017: Dietary and lifestyle disease indices and caecal microbiota in high fat diet, dietary fibre free diet, or DSS induced IBD models in ICR mice. *J Funct Foods*, 35, 605-614.
- Kumar S, Shang Y, Kim WK, 2019: Insight into dynamics of gut microbial community of broilers fed with fructooligosaccharides supplemented low calcium and phosphorus diets. *Front Vet Sci*, 6, 95.
- Landman W, Heuvelink A, Van Eck J, 2013: Reproduction of the *Escherichia coli* peritonitis syndrome in laying hens. *Avian Pathol*, 42 (2), 157-162.
- Liljebjelke KA, Hofacre CL, Liu T, White DG, Ayers S, Young S, Maurer JJ, 2005: Vertical and horizontal transmission of *Salmonella* within integrated broiler production system. *Foodborne Pathog Dis*, 2 (1), 90-102.
- Lu J, Idris U, Harmon B, Hofacre C, Maurer JJ, Lee MD, 2003: Diversity and succession of the intestinal bacterial community of the maturing broiler chicken. *Appl Environ Microbiol*, 69 (11), 6816-6824.
- Lumpkins B, Batal A, Lee M, 2008: The effect of gender on the bacterial community in the gastrointestinal tract of broilers. *Poult Sci*, 87 (5), 964-967.
- Luo Q, Cui H, Peng X, Fang J, Zuo Z, Deng J, Deng Y, 2016: Dietary high fluorine alters intestinal microbiota in broiler chickens. *Biol Trace Elem Res*, 173 (2), 483-491.
- Macpherson AJ, Uhr T, 2004: Induction of protective IgA by intestinal dendritic cells carrying commensal bacteria. *Science*, 303 (5664), 1662-1665.
- Mahmood T, Guo Y, 2020: Dietary fiber and chicken microbiome interaction: Where will it lead to? *Anim Nutr*, 6 (1), 1-8.
- Marmion M, Ferone M, Whyte P, Scannell A, 2021: The changing microbiome of poultry meat; from farm to fridge. *Food Microbiol*, 99, 103823.
- Mitsuhiro F, Jun-ichi O, 1994: Nutritional and physiological characteristics in germ-free chickens. *Comp Biochem Physiol*, 109 (3), 547-556.
- Neumann A, Suen G, 2015: Differences in major bacterial populations in the intestines of mature broilers after feeding virginiamycin or bacitracin methylene disalicylate. *J Appl Microbiol*, 119 (6), 1515-1526.
- Ngunjiri JM, Taylor KJ, Abundo MC, Jang H, Elaish M, Kc M, Johnson TJ, 2019: Farm stage, bird age, and body site dominantly affect the quantity, taxonomic composition, and dynamics of respiratory and gut microbiota of commercial layer chickens. *Appl Environ Microbiol*, 85 (9), e03137-03118.
- Noy Y, Sklan D (1995). Digestion and absorption in the young chick. *Poult Sci*, 74 (2), 366-373.
- Oakley BB, Lillehoj HS, Kogut MH, Kim WK, Maurer JJ, Pedroso A, Cox, NA, 2014: The chicken gastrointestinal microbiome. *FEMS Microbiol Lett*, 360 (2), 100-112.
- Pan D, Yu Z, 2014: Intestinal microbiome of poultry and its interaction with host and diet. *Gut Microbes*, 5 (1), 108-119.
- Razmyar J, Peighambari SM, Zamani AH, 2017: Detection of a newly described bacteriocin, perfrin, among *Clostridium perfringens* isolates from healthy and diseased ostriches and broiler chickens in Iran. *Avian Dis*, 61 (3), 387-390.
- Rehman HU, Vahjen W, Awad WA, Zentek J, 2007: Indigenous bacteria and bacterial metabolic products in the gastrointestinal tract of broiler chickens. *Arch Anim Nutr*, 61 (5), 319-335.
- Ricke S, 2015: Potential of fructooligosaccharide prebiotics in alternative and nonconventional poultry production systems. *Poult Sci*, 94 (6), 1411-1418.
- Sekelja M, Rud I, Knutsen S, Denstadli V, Westereng B, Naes T, Rudi K, 2012: Abrupt temporal fluctuations in the chicken fecal microbiota are explained by its gastrointestinal origin. *Appl Environ Microbiol*, 78 (8), 2941-2948.
- Sender R, Fuchs S, Milo R, 2016: Revised estimates for the number of human and bacteria cells in the body. *PLoS Biol*, 14 (8), e1002533.
- Shang Y, Kumar S, Oakley B, Kim WK, 2018: Chicken gut microbiota: importance and detection technology. *Front Vet Sci*, 5, 254.
- Smith JM, 2014: A review of avian probiotics. *J Avian Med Surg*, 28 (2), 87-94.
- Simpson JM, McCracken VJ, Gaskins HR, Mackie RI, 2000: Denaturing gradient gel electrophoresis analysis of 16S ribosomal DNA amplicons to monitor changes in fecal bacterial populations of weaning pigs after introduction of *Lactobacillus reuteri* strain MM53. *Appl Environ Microbiol*, 66 (11), 4705-4714.

- Sommer F, Bäckhed F, 2013: The gut microbiota—masters of host development and physiology. *Nat Rev Microbiol*, 11 (4), 227-238.
- Sood U, Gupta V, Kumar R, Lal S, Fawcett D, Rattan S, Lal R, 2020: Chicken gut microbiome and human health: past scenarios, current perspectives, and futuristic applications. *Indian J Microbiol*, 60 (1), 2-11.
- Stanley D, Geier MS, Hughes RJ, Denman SE, Moore RJ, 2013: Highly variable microbiota development in the chicken gastrointestinal tract. *PLoS One*, 8 (12), e84290.
- Stanley D, Hughes RJ, Moore RJ, 2014: Microbiota of the chicken gastrointestinal tract: influence on health, productivity and disease. *Appl Microbiol Biotechnol*, 98 (10), 4301-4310.
- Stern N, Clavero M, Bailey J, Cox N, Robach M, 1995: *Campylobacter* spp. in broilers on the farm and after transport. *Poult Sci*, 74 (6), 937-941.
- Tellez G, Higgins S, Donoghue A, Hargis B, 2006: Digestive physiology and the role of microorganisms. *J Appl Poult Res*, 15 (1), 136-144.
- Torok V, Dyson C, McKay A, Ophel-Keller K, 2013: Quantitative molecular assays for evaluating changes in broiler gut microbiota linked with diet and performance. *Anim Prod Sci*. 53 (12), 1260-1268.
- Uni Z, Noy Y, Sklan D, 1999: Posthatch development of small intestinal function in the poult. *Poult Sci*, 78 (2), 215-222.
- Wei S, Morrison M, Yu Z, 2013: Bacterial census of poultry intestinal microbiome. *Poult Sci*, 92 (3), 671-683.
- Xu Z, Hu C, Xia M, Zhan X, Wang M, 2003: Effects of dietary fructooligosaccharide on digestive enzyme activities, intestinal microflora and morphology of male broilers. *Poult Sci*, 82 (6), 1030-1036.
- Yapıcıer ÖŞ, Sareyyüpoğlu B, 2022: Prevalence and rapid identification of *Salmonella Infantis* in broiler production in Turkey. *Ankara Univ Vet Fak Derg*, 69 (1), 1-8.
- \*Yazışma Adresi:** Kürşat TETİK  
Ankara Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Veteriner Mikrobiyoloji Anabilim Dalı, Ankara, Türkiye.  
**e-mail:** kursatt.tetik@gmail.com