

¿Se puede mejorar la salud intestinal de los pollos modulando su microbiota digestiva? Papel de la metagenómica

La salud intestinal no es sólo un microorganismo, es una comunidad entera que interactúa con el intestino y otros órganos.

Fanny Calenge. 2019 Proceedings of the 22nd European Symposium on Poultry Nutrition, 65
[ISBN: 978-83-942760-6-5](#)

Las tecnologías de secuenciación masiva han permitido incrementar el conocimiento de la microbiota intestinal tanto en humanos como en animales de producción y de experimentación. Este ecosistema microbiano es considerado como un simbiote, ya que realiza funciones esenciales para su hospedador a través de un diálogo funcional complejo. La salud intestinal, depende principalmente de la composición y funciones de la microbiota intestinal a través de la regulación de la digestión y la inmunidad innata y adaptativa. En producción avícola, se utilizan de forma habitual estrategias nutricionales, basadas en la utilización de diferentes ingredientes y aditivos en el pienso, para mejorar la salud intestinal de los pollos. Sin embargo, se desconoce en profundidad el mecanismo de acción, más allá de su efecto sobre la composición de la microbiota. Los enfoques metagenómicos, permiten conocer el potencial funcional de la microbiota intestinal, siendo una herramienta fundamental para descifrar las complejas interacciones funcionales entre los efectos estudiados y la salud intestinal. El acceso al metagenoma intestinal del pollo, en primer lugar, nos permitirá realizar un profundo análisis de diversidad, es decir describir los microbios presentes en el pollo, en condiciones de producción. Además, nos permitirá establecer la relación con los diferentes factores que influyen en el ecosistema de la microbiota intestinal. Son necesarias más investigaciones para entender qué se puede considerar una microbiota saludable a nivel funcional y para comprender cómo las diferentes estrategias afectan a la compleja interferencia molecular entre microbiota-hospedador, en particular durante la colonización intestinal temprana por microorganismos. Finalmente, tendremos que relacionar las características individuales de la microbiota con los marcadores específicos de la salud intestinal, los fenotipos de interés relacionados con el hospedador y los genotipos del hospedador. Esto nos permitirá identificar los elementos funcionales clave y los potenciales biomarcadores para predecir la capacidad de reacción que tienen los animales frente a diferentes desafíos de salud. Para alcanzar este hito, se necesita una investigación multidisciplinaria basada en un enfoque de integración de datos multi-ómicos. Esta investigación nos permitirá definir estrategias nutricionales de prevención o curación, que optimicen la microbiota intestinal, en particular la salud intestinal, actuando sobre el holobionte, es decir, tanto en el hospedador como en su microbiota intestinal.

Improving gut health by modulating the digestive microbiota of chickens? How metagenomics can help

Gut health is not just a microorganism, it is a whole community that interacts with the intestine and other organs.

Fanny Calenge. 2019 Proceedings of the 22nd European Symposium on Poultry Nutrition, 65
[ISBN: 978-83-942760-6-5](#)

High throughput sequencing technologies led to a tremendous progress in the knowledge of gut microbiota in human as well as in livestock and model animal species. Now considered as a symbiont, this microbial ecosystem realizes essential functions for its host through a complex functional dialog. Gut health in particular depends on the composition and functions of the gut microbiota through the regulation of digestion and innate and adaptive immunity. Nutritional strategies making use of feed composition and additives have been used for a long time in poultry production to improve chicken gut health, but their mode of action is generally poorly understood beyond their effect on microbiota composition. Metagenomic approaches, by giving access to the functional potential of the gut microbiota, might become a decisive tool to decipher the complex functional interactions at stake in these effects on gut health. The access to the chicken intestinal metagenome will first allow us to perform in-depth diversity analyses to describe the microbes present in chicken production conditions in relation to the many factors influencing the intestinal microbiota ecosystem. Research is needed to understand what can be considered a healthy microbiota at the functional level and to understand how the different tools available to influence it interfere with the complex host-microbiota molecular crosstalk, in particular during the early intestinal colonisation by micro-organisms. Finally, we will have to relate individual microbiota characteristics with fine descriptors of gut health, related host phenotypes of interest, and host genotypes, to identify key functional elements and putative biomarkers predicting the ability of animals to cope with different kinds of health challenges. Only a multidisciplinary research relying on a multi-omics data integration approach will allow us to take up this challenge. This research will allow us to fine-tune prevention or healing nutritional strategies to optimize the gut microbiota and the related phenotypes, in particular gut health, by acting on the holobiont, i.e. both on the host and its gut microbiota.
