

Česká zemědělská univerzita v Praze

Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů

Katedra mikrobiologie, výživy a dietetiky



**Fakulta agrobiologie,
potravinových a přírodních zdrojů**

**Bakterie mléčného kvašení v trávicím traktu
hospodářských zvířat a jejich potenciální probiotické
vlastnosti**

Bakalářská práce

**Lenka Rybová
Výživa a potraviny**

Mgr. Radko Pechar, Ph.D.

© 2024 ČZU v Praze

Čestné prohlášení

Prohlašuji, že svou bakalářskou práci „Bakterie mléčného kvašení v trávicím traktu hospodářských zvířat a jejich potenciální probiotické vlastnosti“ jsem vypracovala samostatně pod vedením vedoucího bakalářské práce a s použitím odborné literatury a dalších informačních zdrojů, které jsou citovány v práci a uvedeny v seznamu literatury na konci práce. Jako autorka uvedené bakalářské práce dále prohlašuji, že jsem v souvislosti s jejím vytvořením neporušila autorská práva třetích osob.

V Praze dne 28. 4. 2024

Poděkování

Ráda bych touto cestou poděkovala a vyjádřila velké díky vedoucímu mé práce Mgr. Radkovi Pecharovi, Ph.D. za přínosné rady, cenné informace a bezproblémovou komunikaci. Dále bych také chtěla poděkovat své konzultantce Ing. Ivě Mrvíkové, která mě velmi ochotně provedla problematikou tohoto tématu a vždy pro mě měla odpověď. Velké díky patří i mé rodině za velkou podporu a trpělivost v náročných chvílích.

Bakterie mléčného kvašení v trávicím traktu hospodářských zvířat a jejich potenciální probiotické vlastnosti

Souhrn

Bakalářská práce se věnuje problematice bakterií mléčného kvašení v trávicím traktu hospodářských zvířat a jejich potenciálními probiotickým vlastnostmi.

Práce se zabývá anatomii a fyziologií trávicího traktu hospodářských zvířat, dále se soustřeďuje na mikrobiotu osidlující jednotlivé úseky trávicího traktu hospodářských zvířat a na skladbu a funkci střevní mikrobioty. Pozornost je dále věnována bakteriím mléčného kvašení, včetně nové taxonomické úpravy důležité skupiny mikroorganismů – laktobacilů. Podrobně jsou v práci shrnuty informace o skladbě mikrobioty jednotlivých zástupců hospodářských zvířat a objasněny pojmy probiotikum, prebiotikum a synbiotikum, spolu s výčtem potenciálních pozitivních vlastností bakterií, zvláště pak bakterií mléčného kvašení, případně také bifidobakterií v trávicím traktu těchto zvířat. Zmíněny jsou také otázky týkající se adherence bakterií v prostředí trávicího traktu, a nesmírně aktuální tematika antibiotické rezistence a jejího možného přenosu bakteriemi.

Klíčová slova: probiotika, bakterie mléčného kvašení, mikrobiota trávicího traktu, adherence, antibiotická rezistence

Lactic acid bacteria in the gastrointestinal tract of farm animals and their potential probiotic properties

Summary

This bachelor's thesis focuses on lactic acid bacteria in the digestive tract of livestock and their potential probiotic properties.

The thesis deals with the anatomy and physiology of the digestive tract of livestock, it also focuses on the microbiota inhabiting individual sections of the digestive tract of livestock and the composition and function of the gut microbiota. Attention is also paid to lactic acid bacteria, including a new taxonomic treatment of an important group of microorganisms - lactobacilli. Information on the composition of the microbiota of individual representatives of livestock is summarised in detail and the concepts of probiotic, prebiotic and synbiotic are explained, together with a list of potential positive properties of bacteria, especially lactic acid bacteria and possibly also bifidobacteria in the digestive tract of these animals. Issues relating to the adherence of bacteria in the gastrointestinal tract environment and the extremely topical issue of antibiotic resistance and its possible transmission by bacteria are also mentioned.

Keywords: probiotics, lactic acid bacteria, microbiota of gastrointestinal tract, adherence, antibiotic resistance

Obsah

1 Úvod	- 8 -
2 Cíl práce	- 9 -
3 Literární rešerše	- 10 -
3.1 Hospodářská zvířata a jejich trávicí trakt	- 10 -
3.1.1 Vymezení pojmu Hospodářské zvířata	- 10 -
3.1.2 Domestikace.....	- 10 -
3.1.3 Anatomie a fyziologie trávicího traktu hospodářských zvířat	- 11 -
3.1.3.1 Velcí, malí přežvýkavci a jelenovití.....	- 12 -
3.1.3.2 Koně a osli.....	- 14 -
3.1.3.3 Prasata	- 15 -
3.1.3.4 Králíci.....	- 15 -
3.1.3.5 Drůbež.....	- 16 -
3.1.3.6 Běžci.....	- 17 -
3.1.3.7 Ryby	- 18 -
3.1.3.8 Včely, čmeláci.....	- 18 -
3.1.3.9 Jedlý hmyz	- 19 -
3.1.4 Mikrobiota trávicího traktu hospodářských zvířat.....	- 20 -
3.2 Bakterie mléčného kvašení	- 22 -
3.2.1 Systematika a bakterie mléčného kvašení	- 24 -
3.2.2 Charakterizace bakterií mléčného kvašení	- 25 -
3.3 Bakterie mléčného kvašení v trávicím traktu hospodářských zvířat....	- 27 -
3.3.1 Velcí, malí přežvýkavci a jelenovití	- 27 -
3.3.2 Koně a osli	- 29 -
3.3.3 Prasata	- 30 -
3.3.4 Králíci	- 31 -
3.3.5 Drůbež.....	- 31 -
3.3.6 Běžci	- 33 -
3.3.7 Ryby.....	- 33 -
3.3.8 Včely, čmeláci	- 34 -
3.3.9 Jedlý hmyz	- 35 -
3.4 Potenciální probiotické vlastnosti bakterií mléčného kvašení	- 37 -
3.4.1 Koncept probiotik a prebiotik.....	- 37 -
3.4.2 Bakterie mléčného kvašení a jejich potenciální probiotické vlastnosti	- 43 -
4 Závěr	- 48 -
5 Literatura	- 49 -

6	Seznam použitých zkratk a symbolů	- 60 -
7	Seznam tabulek a obrázků	- 61 -
7.1	Seznam tabulek.....	- 61 -
7.2	Seznam obrázků.....	- 61 -

1 Úvod

Skladba mikroorganismů osídlujících trávicí trakt zvířat i člověka má významný vliv na zdravotní stav hostitele. Ideální mikrobiotu v současné době neznáme, každý organismus je jedinečný a má odlišné požadavky. V trávicím traktu hospodářských zvířat žije rozmanitá sestava mikroorganismů, mezi jejíž významné členy patří také bakterie mléčného kvašení. Ty mají často značný vliv na zdraví a produkci svých hostitelů. Můžeme je označit jako probiotika, tedy živé pozitivní mikroorganismy.

V tomto přehledu jsem se zaměřila na hospodářská zvířata, která jsou definována ve veterinárním zákoně č. 166/1999 Sb. Byli vybráni zástupci určitých skupin, kteří mají většinou, dle mého názoru, v ČR majoritní zastoupení. Po úvaze byli jako zástupci zvěře ve farmovém chovu vybráni jelenovití na základě výčtu zvířat z mysliveckého zákona č. 449/2001 Sb. (449/2001 Sb. Zákon o myslivosti 2001).

2 Cíl práce

Cílem bakalářské práce bylo zhodnocení stávajícího stavu poznání a formulování aktuálních otázek (adherenční schopnosti bakterií mléčného kvašení, problematika přenosu antibiotické rezistence) / perspektiv.

3 Literární rešerše

3.1 Hospodářská zvířata a jejich trávicí trakt

3.1.1 Vymezení pojmu Hospodářské zvířata

Hospodářskými zvířaty se rozumí zvířata u kterých je sledován konkrétní hospodářský užitek. Jsou využívána převážně k chovu, výkrmu, práci a jiným hospodářským účelům. Hospodářským užitekem je nejčastěji mléko, maso, tuk, vejce, med, kožešina, kosti, paznehty, rohy, parohy či přírodní vlákna. Jedná se zejména o skot, prasata, ovce, kozy, koně, osli a jejich křížence, drůbež, běžce, králíky, zvěř ve farmovém chovu, ryby a jiné vodní živočichy, včely, čmeláky a hmyz určený k lidské spotřebě nebo k výrobě zpracované živočišné bílkoviny (166/1999 Sb. Veterinární zákon 1999).

3.1.2 Domestikace

Domestikace je evoluční proces, během něhož se změnilo mnoho znaků chování divokých zvířat na stávající, domestikované jedince (Mignon-Grasteau et al. 2005). Je to děj řízený výhradně člověkem za účelem metabolických a morfologických změn, které jsou nějakým způsobem pro člověka žádané. Často jsou tyto změny doprovázeny adaptací chování na lidské prostředí. Změní se tím chování zvířete, např. snížením reaktivity na změny v okolním prostředí (Price 1984). Zvířata jsou poté určitým způsobem na člověku závislá, zvláště, pokud jde o zajištění potravy a úkrytu. Domestikaci bychom ale neměli zaměňovat s ochočením, to je podmíněná změna chování jedince, zatímco domestikace je trvalá genetická modifikace vyšlechtěné linie. Tato modifikace vede k dědičné predispozici ke spojení s člověkem (Driscoll et al. 2009).

Za změnu morfologických vlastností můžeme považovat např. konkrétní druhotné pohlavní znaky získané vynuceným výběrem reprodukčních jedinců (Driscoll et al. 2009) nebo rychlý růst organismu/těla u hospodářských zvířat. Příkladem metabolických změn může být schopnost spolehlivé reprodukce, odolnost vůči stresu (např. u laboratorních zvířat) a také změna skladby mikrobiomu v trávicím traktu (TT). Chování zvířat je formováno k poslušnosti u zemědělských zvířat a jedinečným behaviorálním vlastnostem u společenských (Reese et al. 2021).

Domestikovaná zvířata zažila podstatné změny ve stravě, prostředí a sociálních interakcích, které pravděpodobně významně formovaly jejich střevní mikrobiotu. Při porovnání domestikovaných koní a divokých koní Převalského se ukázalo, že divoká zvířata mají odlišné složení a celkově rozmanitější střevní mikrobiální společenstva. Dosud však nebyl proveden žádný obecný průzkum, který by charakterizoval globální vliv domestikace na střevní mikrobiotu (Reese et al. 2021). Je obtížné zpětně vysledovat jak k těmto změnám skutečně došlo, také proto, že u některých druhů již divoké protějšky neexistují. Domestikace pravděpodobně stále probíhá a populace domácích zvířat se stále vyvíjejí (Mignon-Grasteau et al. 2005).

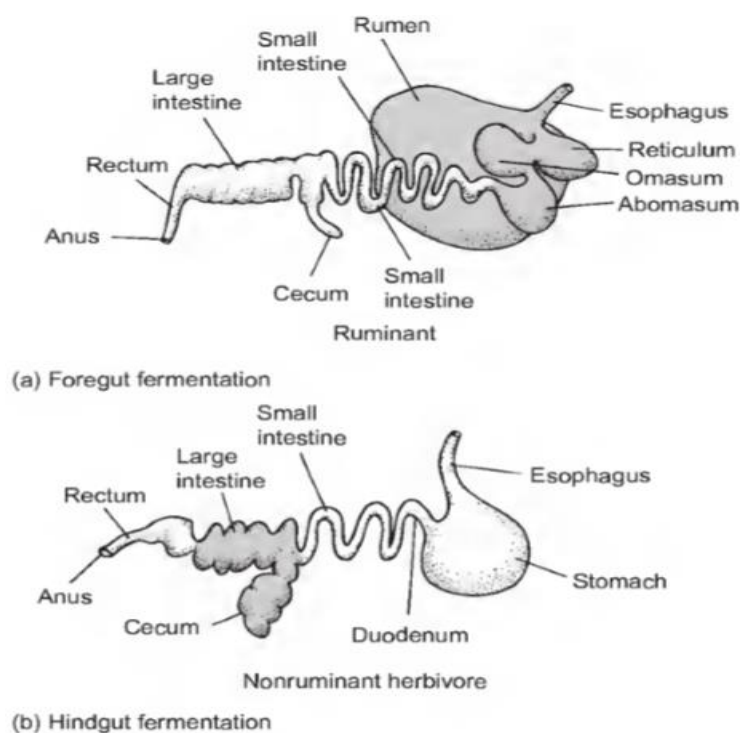
3.1.3 Anatomie a fyziologie trávicího traktu hospodářských zvířat

Hospodářská zvířata lze rozdělit do tří hlavních skupin podle stupně vývoje jejich trávicího traktu a účinnosti trávení krmiva. TT je přesně uzpůsoben dle potravy a konkrétním potřebám zvířete: 1) býložravá zvířata – konzumují krmiva rostlinného původu s vysokým obsahem celulózy a ligninu, které je zvíře schopno trávit výhradně pomocí své střevní mikrobioty v přizpůsobeném prostředí (Bomba et al. 2006). Dle Rada & Havlík (2010) zde MO umí rozkládat jak zásobní (škrob, inulin), tak strukturní (celulosa, hemicelulosa, pektin) polysacharidy; 2) všežravá zvířata – konzumují krmiva rostlinného původu s malým obsahem celulózy a ligninu, stejně jako krmiva živočišného původu, jsou snadno a rychle trávena pomocí enzymů produkovaných v TT zvířete (prasata); 3) masožravá zvířata – v přirozených podmínkách konzumují převážně krmiva živočišného původu (Bomba et al. 2006).

Mezi býložravci však existují velké rozdíly ve struktuře a funkcích trávicího traktu. Lze rozlišit tři kategorie: 1) přední fermentátoři - přežvýkavci jako je skot, kteří mají přední trávicí fermentační činnost v bachoru; 2) zadní fermentátoři, jako jsou koně, kteří mají tlusté a slepé střevo jako fermentační komoru; 3) cékotrofní zvířata, jako jsou králíci, kteří spoléhají na koprofáгии, zde požívání vlastního trusu (Cotozzolo et al. 2020). Králíci jsou ale řazeni také mezi fermentátory zadního střeva (Kardong & Zalisko 2012).

Fyziologické výhody předních a zadních fermentátorů se však liší. 1) U těch předních vznikají konečné produkty fermentace již na začátku procesu, tudíž jsou připraveny k dalšímu vstřebání ve střevě. 2) Díky přežvykování a přesunu sousta bachor – jícen - dutina ústní dochází k dokonalejšímu mechanickému zpracování rostlinných vláken. Vzdálené slepé střevo zadních fermentátorů toto přemísťování neumožňuje. 3) Přežvýkavci umí přetvářet velkou část dusíku, který je u většiny obratlovců odpadním produktem, na zdroj. 4) U zadních fermentátorů prochází trávenina hlavními absorpčními oblastmi trávicí trubice, než se dostane do hlavních míst fermentace, obvykle do slepého střeva. Rozpustné živiny, jako jsou sacharidy, glukóza a bílkoviny, mohou být bezpečně vstřebány ještě před fermentací. Naproti tomu u předních fermentátorů dochází k fermentaci brzy, a mnoho nezbytných živin je zlikvidováno dříve, než mohou být vstřebány. Aby předčasné trávení kompenzovali, musí se přední fermentátoři spoléhat na občasně vyplavení mikroorganismů (MO) do střeva, kde jsou stráveny, aby nahradily živiny ztracené při fermentaci. Fermentace v přední části TT je sice důkladná, ale pomalá. Potrava v bachoru tedy musí strávit déle času, aby byla zpracována celulóza (Kardong & Zalisko 2012).

Schéma TT předních a zadních fermentátorů viz obrázek číslo 1.



Obrázek 1 Schéma předních a zadních fermentátorů
(Kardong & Zalisko 2012)

3.1.3.1 Velcí, malí přežvýkavci a jelenovití

Přežvýkavci se rozumí skot, ovce, kozy (Bomba et al. 2006) a jeleni. Jejich TT se skládá ze stejných orgánů: bachor, čepce, kniha, slez, tenké střevo, slepé střevo, tlusté střevo a konečník (Hu et al. 2022). Konzumují rostlinnou vlákninu jako svou běžnou stravu. Ta je zdrojem komplexních polysacharidů (hemicelulózy, celulózy a ligninu). Chybí jim však enzymatický systém pro jejich rozklad (Flint et al. 2008). Proto přežvýkavci udržují symbiotický vztah s MO, které produkují své, mikrobiální enzymy k hydrolýze rostlinných polymerů za účelem získání energie. Tato mikrobiota TT je velmi pestrá, obsahuje bakterie, prvoky, houby, archea i bakteriofágy. V TT se nachází v různých koncentracích, aby bylo dosaženo optimálního využití zdrojů (Xu et al. 2021).

Přežvýkavci jsou polygastrická zvířata s předžaludky s kapacitou 150-180 l u dospělých jedinců (Bomba et al. 2006). Žaludek přežvýkavců můžeme označit jako quadra kompartmentální trávicí vak složený z bachoru, čepce, knihy a slezu (Castillo-González et al. 2014). Krmivo, částečně rozžvýkané, putuje do sběrné komory bachoru a čepce. Bachor slouží jako multifunkční fermentační vak, s velikostí 35-100 litrů u skotu a 3-5 litrů u ovcí. Zde se potrava uchovává pro interakci s mikrobiotou a pro následnou regurgitaci (návrát krmiva do dutiny ústní) a opětovanou ruminací (žvýkání) (Sahu & Kamra 2002). Tento systém regurgitace a ruminace v pravidelných cyklech je typický pouze pro přežvýkavce. Proces se opakuje, dokud nedojde k důkladnému mechanickému a chemickému rozkladu rostlinného materiálu (Kardong & Zalisko 2012), přežvýkování pomáhá zvětšovat povrch potravy a zároveň zmenšovat velikost částic krmiva, čímž je umožněna správná fermentace krmiva mikroorganismy (Xu et al. 2021).

Zároveň je u žvýkání důležité vylučování velkého množství slin, které slouží nejen pro zvlhčení a ulehčení posunu krmiva, ale také jako tlumící pufr, tedy proti kyselinám, které vznikají v batoru následkem fermentace krmiva MO (Sahu & Kamra 2002).

Bachor u dospělých zvířat představuje 80 % celkového objemu TT (Bomba et al. 2006). Atmosféra je zde převážně anaerobní s obsahem oxidu uhličitého (65 %), metanu (27 %), dusíku (7 %) a vodíku (0,2 %) a stopami O₂, H₂S a CO. Toto složení plynu je způsobeno zmiňovanou fermentací díky mikrobiotě (Xu et al. 2021). Hodnota pH se u zdravého zvířete pohybuje mezi 6,2-6,8 a je ovlivňována potravou a pufrovací kapacitou slin. Mikrobiální ekosystém bachoru je jedním z nejsložitějších, s širokou škálou různých interakcí mezi MO, MO a hostitelem a mezi MO a krmivem (Bomba et al. 2006). Mikrobiota bachoru je velmi náchylná na změny a jakékoli větší narušení homogenity má závažné účinky na trávicí systém a další orgány. Tato disharmonie v komunitním vztahu způsobuje také různé metabolické poruchy. Např. dominance metanogenů někdy vede k nadýmání a vysoká cukernatost krmiva vrcholí bachorovou acidózou (Xu et al. 2021).

Působení MO v batoru je velmi komplexní a pro zvíře přínosné. MO jsou schopny díky fermentaci přeměnit močovinu a další jiné odpadní produkty/látky na zdroj, likvidovat či neutralizovat potenciální rostlinné toxiny na začátku trávení a rozkládat celulózu v buněčných stěnách rostlin. Při fermentaci celulózy vzniká oxid uhličitý, voda a těkavé mastné kyseliny (TMK). Tvorba těchto organických kyselin je pro organismus velmi výhodná (Kardong & Zalisko 2012), díky nim totiž zvíře pokryje až 70 % denní potřeby energie (Yeoman & White 2014). Předžaludková fermentace je tedy obzvláště účinná při získávání co největšího množství živin, a to i z nekvalitní potravy. Přežvýkavci jsou proto obzvláště úspěšní v prostředích, kde je k dispozici pouze chudá píče, např. ve vysokohorských oblastech (kozy) (Kardong & Zalisko 2012).

Funkčnost bachoru se během vývoje zvířete mění. Během prvních týdnů života, kdy zvířata ještě sají mateřské mléko, není bachor plně funkční. Sáté mléko jím neprochází v důsledku uzavření jícnové rýhy reflexní činností. Proto jsou rozměry bachoru podstatně menší než u dospělého jedince a bachorové klky sloužící k absorpci živin ještě nejsou plně vyvinuty (Jami et al. 2013). Mléko tedy obchází bachor novorozence retikulární rýhou, a přímo z jícnu odtéká do slezu, kde je tráveno. Trávení probíhá též ve střevech, fermentace v batoru proto není nutná (Kardong & Zalisko 2012).

Po batoru následuje čepce (Kardong & Zalisko 2012) a zde po degradaci krmiva, částice postupují do následující komory, knihy (Xu et al. 2021). Kniha absorbuje TMK, amoniak, vodu a zároveň odděluje fermentující obsah bachoru a čepce od vysoce kyselého obsahu slezu (Kardong & Zalisko 2012). Kniha hraje roli filtru, kterým mohou volně procházet částice menší velikosti (<2 mm). Poté se natrávené krmivo přesune do slezu, pravého žaludku (Xu et al. 2021). Jeho sliznice je tvořena třemi typy, které jsou typické pro pravý žaludek savců a to: cardia, fundus a pylorus (Kardong & Zalisko 2012). Slez disponuje výraznou enzymovou složkou - lysozymem, který napadá buněčné stěny bakterií. Ve slezu probíhá trávení bakteriálních proteinů i tráveniny podobným způsobem, jako u nepřežvýkavců (Xu et al. 2021). Probíhá zde enzymatická a kyselá hydrolýza. Poté se trávenina dostává do střeva (Kardong & Zalisko 2012).

3.1.3.2 Koně a osli

Oslí a koně (rod Equus) jsou typickými monogastrickými býložravci. Používají surovou vlákninu jako fermentační substrát ve střevě, kde probíhá hlavní mikrobiální fermentace (Bergman 1990). Koňský TT se vyznačuje kombinací velkého slepého střeva s kapacitou 100-140 litrů a ještě většího tlustého střeva. Zde dochází k fermentaci ligninu a celulózy (Bomba et al. 2006). Výzkumy napovídají, že osli oproti koním jsou schopni trávit krmnou dávku s vysokým obsahem vlákniny mnohem lépe než koně, přičemž si udržují podobný nebo vyšší příjem krmiva. Anatomie TT osla je i přes některé rozdíly v rozměrech podobná koním, ale pro srovnání nejsou k dispozici podobné morfometrické práce u koní. Pro lepší pochopení anatomie trávicího traktu a podobností či rozdílů s ostatními druhy koní jsou nutné specifické budoucí výzkumy u osla (Jerbi et al. 2014). Tím že se osli vyvinuli z předků, kteří obývali často polopouštní nebo horské prostředí s velmi řídkou vegetací, mají oproti koním TT uzpůsobené k lepšímu rozkladu vlákniny s vysokým obsahem ligninu. Příčinou zvýšené stravitelnosti vlákniny u oslů se zdá být delší doba setrvání částic krmiva ve střevech ve srovnání s koňmi, tedy delší expozicí vlastních enzymů a enzymů střevní mikrobioty (Edwards et al. 2020).

Většinu svých energetických požadavků získávají koně a osli rozkladem strukturálních sacharidů fibrolytickými bakteriemi. Jako nepřežvýkaví býložravci toho dosahují anaerobní fermentací ve slepém a tlustém střevě, produkcí TMK, které jsou absorbovány střevní sliznicí (Costa et al. 2015). Délka zažívacího traktu od dutiny ústní po anální otvor činí zhruba 30 metrů (Cunha 1991; Ericsson et al. 2016) při objemu přibližně 150 litrů (Ericsson et al. 2016). Trvá asi 65 až 75 hodin, než se krmivo dostane z dutiny ústní do konečníku (Cunha 1991).

Krmivo zpracované (rozmělněné, smíchané se slinami) v dutině ústní putuje do jícnu. Ten měří přibližně 1,2-1,5 metru (Cunha 1991) a vstupuje do žaludku v jeho nezláznaté části (Dicks et al. 2014). U koní se již sousto nevrací zpět do dutiny ústní, brání mu v tom měkké patro. Kůň také nemůže zvracet kvůli svěrači zvanému sphincter. Ten reguluje otevírání jícnu do žaludku a znemožňuje sousto projít zpět. Koňsky žaludek je vůči velikosti koně poměrně malý, zabírá cca 8-10 % celkové délky TT, a není proto schopen přijmout větší množství potravy najednou (Cunha 1991). Dělí se na 2 části, oblast nezláznatou (dorzální) a žláznatou (pylorickou) (Yuki et al. 2000). Pepsin a další proteolytické enzymy jsou vylučovány v pylorické oblasti. Přejít tráveniny žaludkem je poměrně rychlý, i když velká část zůstává 2-6 hodin v anaerobní spodní části žaludku (Dicks et al. 2014). Tenké střevo měří přibližně 21 m a zabírá tak 30 % TT (Cunha 1991). Dělí se stejně jako u jiných savců na dvanáctník, lačník a kyčelník. pH je v těchto oblastech pufované na neutrální vlivem pankretického bikarbonátu a jaterní žluči. Je zde primární místo trávení bílkovin, rozpustných sacharidů, tuků a je osídleno komenzálními mikrobiálními společenstvy (Ericsson et al. 2016). Přibližně za 3 hodiny od pozření se potrava dostává do tlustého střeva (Dicks et al. 2014). To tvoří velkou část TT, přibližně jeho 60 % (Cunha 1991; Dicks et al. 2014). Následující slepé střevo zabírá asi 38 % celkového TT (Cunha 1991). Je to místo, kde probíhá hlavní mikrobiální fermentace (ad „zadní fermentační“) (Dicks et al. 2014). Výsledkem této mikrobiální aktivity je produkce nutričně prospěšných TMK, které slouží jako hlavní zdroj energie pro koně (Ericsson et al. 2016; Edwards et al. 2020). U hříbat slepé střevo dosahuje své plné funkce až ve věku 15-24 měsíců (Cunha 1991).

3.1.3.3 Prasata

Prase je všežravé zvíře se srovnatelnou anatomií, nutričními požadavky, trávicími a zánětlivými procesy podobnými člověku. TT vykazuje podobnosti i s lidským střevním mikrobiálním ekosystémem (Yin et al. 2017).

Při průchodu žaludkem prochází potrava kardickou, žaludeční a pylorickou oblastí. HCl a pepsin pocházející ze žaludečních žláz se v největší míře mísí v pylorické oblasti (Pekas 1991). Průměrné pH žaludku při je 4,4 (Merchant et al. 2011). U mladých selat se ukázalo, že žaludeční proteolytická aktivita a aktivity pankreatického trypsinu a chymotrypsinu nejsou konzistentně funkční až do věku 3 týdnů. Až následný odstav selat vyvolal větší aktivitu těchto enzymů (Pekas 1991). Hlavní vstřebávání živin a energie se odehrává v tenkém střevě. Proto je částí TT, kde má bakteriální aktivita pravděpodobně největší vliv na účinnost růstu (Gaskins et al. 2002). pH se zde pohybuje v rozmezí 6,1-6,7 (Merchant et al. 2011).

Většina pozornosti věnované střevní mikrobiotě prasat se zaměřuje na tlusté střevo. To (a slepé střevo) je u prasat hlavním místem mikrobiální aktivity. Bakterie se zde nacházejí ve vysokých počtech (10^{10} - 10^{11} /g obsahu). Prostředí je typické nízkým redoxním potenciálem a relativně vysokou koncentrací těkavých mastných kyselin s krátkým řetězcem (SFCA). Složení mikrobioty je zde rozmanité a stabilní (Gaskins et al. 2002). Vlákna, která nebyla strávena v předních částech TT, je fermentována právě zde. Vzniká acetát, propionát, butyrát a laktát, s velkým vlivem na mikrobiální ekologii TT prasat (Jha & Berrocoso 2016). pH je nižší oproti tenkému střevu, ve slepém se pohybuje mezi 6,0–6,4 a v tlustém střevě 6,1–6,6 (Merchant et al. 2011).

3.1.3.4 Králíci

Králík je monogastrický býložravec s hlavní fermentací v zadním střevě se složitou a jedinečnou fyziologií TT, která do značné míry závisí na koprofágii (Smith 2020). Koprofágie umožňuje králíkům a některým hlodavcům opětovně přijímat výkaly obsahující produkty fermentace, které vznikly při prvním průchodu TT. To dává těmto fermentátorům zadního střeva druhou příležitost získat část nestráveného materiálu (Kardong & Zalisko 2012).

Jejich TT se vyznačuje jednoduchým žaludkem, který tvoří přibližně 15 % celkového objemu TT (Brewer & Cruise 1994). Kyselina chlorovodíková a pepsin zahajují trávicí proces v podstatě stejným způsobem jako u jiných typů zvířat, pH žaludku je zde ale velmi kyselé. Běžně se pohybuje kolem hodnoty 1,6 (Merchant et al. 2011), postprandiálně může klesnout až na hodnotu 1,0 (po požití cekotropů se naopak zvýší na 3,0). V oblasti přechodu jícnu v žaludek se nachází dobře vyvinutý svěrač, který zabraňuje zvracení (Blas et al. 2020). Tenké střevo je primárním místem trávení a vstřebávání živin a je podobné jako u jiných monogastrických zvířat. Vstřebávání živin probíhá v lačníku a kyčelníku. Dochází zde také k trávení a vstřebávání živin z požitých cekotropů. Trávení je účinné a 80-100 % dietního škrobu a aminokyselin (AMK) se vstřebá, než se dostanou do distálního kyčelníku (Smith 2020). Bikarbonát je vylučován do proximálního tenkého střeva a slouží k neutralizaci kyselé tráveniny opouštějící žaludek. Ve dvanáctníku se nachází enteropeptidázy, aminopeptidázy a oligosacharidázy a disacharidázy. Během vývojového přechodu na pevnou stravu dochází k regulaci hostitelských trávicích enzymů, mezi něž patří pankreatická amyláza a lipáza,

proteázy, jako je trypsin a chymotrypsin (Carabaño et al. 2010). pH tenkého střeva se pohybuje v rozmezí 6,4–7,4 (Merchant et al. 2011). Převážná část potravy králiků prochází tenkým střevem z velké části nestrávená rovnou do distální části TT, tlustého střeva a slepého střeva (Smith 2020). Komplexní struktura této části TT odráží její roli při fermentaci a tvorbě cekatropů (Brewer & Cruise 1994). Tlusté střevo zabírá více než polovinu prostoru břišní dutiny (Smith 2020). Hodnota pH zde činí přibližně 6,1–6,6 (Merchant et al. 2011). Slepé střevo má tenkou stěnu, tvoří 49 % objemu TT a je primárním místem fermentace stravitelné vlákniny (Brewer & Cruise 1994). Končí červovitým výběžkem, který kromě své lymfoidní tkáně vylučuje vodu a hydrogenuhličitan do slepého střeva, což napomáhá fermentačním procesům (Smith 2020). pH se zde pohybuje okolo 6,0–6,4 (Merchant et al. 2011).

3.1.3.5 Drůbež

Ptačí druhy se obecně vyznačují krátkým trávicím traktem, vysokou tělesnou teplotou a krátkou dobou setrvání potravy v TT (Wang et al. 2022). Létaví ptáci realizují rychlejší tranzit, posun i odstranění tráveniny (Wasilewski et al. 2015), proces obvykle trvá méně než 3,5 h. Díky těmto odlišnostem je také stavba jejich střevní mikrobioty specifická (Kim et al. 2023). Pro trávicí systém ptáků je charakteristická řada znaků, které je odlišují od savců a jiných obratlovců, např. absence zubů, měkké patro, či speciální strategie příjmu potravy (Wasilewski et al. 2015). Obecná anatomie a fyziologie TT je u ptáků ve většině shodná. Např. TT trakt kuřete zahrnuje vole, proventriculus, svalnatý žaludek, dvanáctník, lačník, kyčelník, slepé střevo, tlusté střevo a kloaku (Yeoman et al. 2012).

Jícen se u některých skupin ptáků formuje ve vakovitou vychlípeninu, tzv. vole. Zde se dočasně potrava zdržuje (Kardong & Zalisko 2012; Deusch et al. 2015), je změkčována vodou, sekrecí slinných žláz a žláz jícnu (Bomba et al. 2006), a je následně vyvržena pro mláďata nebo pokračuje do žláznatého žaludku, který je spojen se zadním žaludkem svalnatým. Ve svalnatém žaludku často mechanicky napomáhají trávení kousky tvrdé drti a kamínků (Kardong & Zalisko 2012). Vzhledem k nižšímu pH a fermentační aktivitě funguje svalnatý žaludek jako mikrobiální bariéra (Deusch et al. 2015). Dále navazuje dlouhé, svinuté tenké střevo. Četné studie prokázaly, že lačník a kyčelník u drůbeže byly hlavními místy vstřebávání většiny živin (Li et al. 2022). Vzhledem k pankreatické a žlučové sekreci a pH, je hustota bakterií ve dvanáctníku nízká (Deusch et al. 2015). Tlusté střevo je krátké, přímé a ústí do kloaky. U mnoha druhů může ze střeva vyrůst jedno nebo několik slepých střev, obvykle v blízkosti křížení tlustého a tenkého střeva (Kardong & Zalisko 2012). Nestrávené bílkoviny a vláknina se fermentují standartně ve slepém a tlustém střevě (Kim et al. 2023). Býložraví a všežraví ptáci mají obvykle velká slepá střeva; rybožraví a semenožraví ptáci mají slepá střeva malá (Kardong & Zalisko 2012). K bakteriální kolonizaci střevního traktu drůbeže dochází po vylíhnutí, kdy mladí ptáci začínají přijímat krmivo (Bomba et al. 2006). Tenké střevo je osídlováno již v prvních hodinách (Rada & Havlík 2010).

Dynamický TT vodních ptáků často reaguje na konkrétní chování ptáků. Tato reakce má obvykle podobu změn velikosti orgánů (např. velikosti žaludku), což např. kachnám umožňuje účinněji získávat potřebné živiny. U vodních ptáků není vytvořeno „pravé“ vole, mají však v jícnu dostatečnou potenciální prostorovou, zásobní kapacitu (James 2012). Jejich jícen je schopen se, v případě potřeby, rozšířit po celé své délce (Bomba et al. 2006). Zajímavá je

např. schopnost hus využívat vlákninu obsaženou v trávě, celulolytické a hemicelulolytické enzymy produkují v jejich TT mikroorganismy. Změna ve skladbě MO slepého střeva hus může ovlivnit jejich trávicí schopnosti (Li et al. 2022). Druhy vodních ptáků, které se trvale živí tvrdší potravou, jako jsou měkkýši a semena v tvrdých obalech, mají žaludek větší než druhy, které se trvale živí měkkí potravou (James 2012).

3.1.3.6 Běžci

Stejně jako všichni ptáci jsou i pštrosi monogastričtí. Pštros nemá zuby, vole a jícnem ústí přímo do žláznatého žaludku bez zřetelného ohraničení (Deeming 1999). Dále pak následuje svalnatý žaludek, dvanáctník, lačník, proximální a distální rektum (Cooper & Mahroze 2004). Emu jsou převážně býložraví, a také nemají žádné vole (Kim et al. 2023). Proventriculus pštrosa je velká, rozšířená tenkostěnná struktura. Vylučování enzymů a kyselin je u pštrosů omezeno na oblast pouhých 25 % celkového vnitřního povrchu žláznatého žaludku (Cooper & Mahroze 2004). Tato žláznatá oblast obsahuje přibližně 300 vystouplých vyústění žláz (Deeming 1999). Jedinečným znakem pštrosů je různě vyvinutá hladká svalovina ve svalnatém žaludku, která usnadňuje trávení potravy (Bezuidenhout & Van Aswegen 1990). Svalnatý žaludek je silnostěnná struktura a obsahuje přibližně 1,5 kg kamínků, které pomáhají rozmělnit potravu. Jejich zelenohnědé zbarvení se připisuje refluxovaným žlučovým pigmentům z dvanáctníku (Cooper & Mahroze 2004).

Následuje relativně krátké a rovné tenké střevo obsahující klky, které jsou dlouhé, hojně rozvětvené a vytvářejí labyrintový povrch (Cooper & Mahroze 2004). Dvanáctník je dlouhý přibližně 80 cm a tvoří úzkou, prodlouženou kličku. Přibližně 7 cm od žaludku do něj ústí žlučovod z jater a na distálním konci pankreatický vývod. Na úrovni sedmého obrátle navazuje lačník dlouhý přibližně 1,6 m a tvoří rozsáhlé závitě. Přejít z lačníku do kyčelníku je označen Meckelovým divertiklem. Kyčelník je nejdelší část tenkého střeva, měří až 4 metry a napojuje se na slepé střevo (Deeming 1999). U emu se zdá, že zpracování a fermentace rostlinného materiálu a chemických látek z prostředí provádí mikrobiota tenkého střeva, zejména ta v lačníku a také ve slepém střevě. V lačníku bylo zjištěno výrazně více zástupců mikrobioty než v ostatních segmentech tenkého a tlustého střeva. Jelikož se ale v kyčelníku nachází největší množství tráveniny a slepé střevo emu je malé, ve srovnání s jinými ptáky, kteří k fermentaci a trávení vlákniny používají slepé a tlusté střevo, kyčelník může být místem, kde probíhá většina fermentace vlákniny (Kim et al. 2023). Tlusté střevo je dlouhé přibližně 16 m (Deeming 1999). Je třikrát delší než tenké střevo a obecně větší, aby umožnilo trávení objemné potravy a usnadnilo vstřebávání tekutin. Dobře vyvinuté zadní střevo slouží jako místo fermentace vlákniny (Cooper & Mahroze 2004). U čerstvě vylíhlého pštrosího mláděte je poměr tenkého střeva a tlustého 1:1, ve třech měsících je to 1:1,5 a v šesti měsících dosahuje poměru 1:2 jako u dospělého jedince. Obě slepá střeva začínají společným otvorem na přechodu kyčelníku a konečníku. Jsou dlouhá přibližně 90 cm a mají váčkovitý vzhled díky přítomnosti vnitřního spirálního záhybu, který zvětšuje jejich povrch (Deeming 1999). Předpokládá se, že záhyb hraje důležitou roli při vstřebávání TMK a dalších metabolitů vznikajících při mikrobiální fermentaci celulózy a hemicelulózy (Cooper & Mahroze 2004).

3.1.3.7 Ryby

Struktura TT se u různých druhů ryb liší a je odvislá od vztahu k potravě a stravovacím návykům. Ryby jsou obecně klasifikovány jako masožravé, býložravé, všežravé, detritivorní a dřevožravé (Ray & Ringø 2014). Takové rozdělení však nemusí být vždy přesné, neboť některé druhy konzumují smíšenou stravu, příp. se jejich stravovací návyky mohou v průběhu životního cyklu měnit (Olsen & Ringø 1997). Býložravé ryby se oproti masožravým vyznačují delšími střevy a jejich větší hmotností, pravděpodobně v závislosti na náročnějším zpracování a vstřebávání rostlinné stravy (Ray & Ringø 2014).

Na základě přítomnosti nebo nepřítomnosti žaludku se běžně rozlišují dvě hlavní skupiny ryb. Nejpozoruhodnějším rysem trávicího systému býložravých ryb je absence pravého žaludku. Patří sem i čeleď kaprovití (Cyprinidae). U kaprovitých přední část střeva vytvoří vakovitý útvar nazývaný střevní bulb (pseudogaster). Při absenci žaludku plní přední střevo funkci dočasného uchovávání požitě potravy (Sinha 1983). Přední část žaludku (srdeční nebo fundická oblast) je charakterizována přítomností žaludečních žláz. Tato část žaludku je zodpovědná za skladování a počáteční fyzikální a enzymatické štěpení stravy. Sliznice zadní části žaludku (pylorický žaludek) obsahuje mnoho pylorických hlenových žlázek. Pylorická část je ale zcela bez žaludečních žláz. Například u lososovitých se pohybuje pH žaludku pohybuje mezi 3,0 a 4,5 (Ray & Ringø 2014). U pstruhů ústí krátký svalnatý jícen do velké přední srdeční části žaludku s výraznými podélnými záhyby. Kratší, válcovitý úsek pylorického žaludku ústí přes silný pylorický svěrač do střeva. Střevo bylo z důvodu praktičnosti rozděleno na dvanáctníkovou a kyčelníkovou část, přičemž jejich spojnice je definována jako místo, za kterým se neobjevuje slepé střevo. Mezi oběma oblastmi není histologický rozdíl. Konečník je však jasně oddělen, je větší a tmavě pigmentovaný (Burnstock 1959). U ryb je střevo důležité také pro rovnováhu vody a elektrolytů, endokrinní regulaci trávení, metabolismus a imunitu. Zadní část střeva je u lososovitých a dalších taxonomických skupin považována za hlavní místo pro absorpci makromolekul (Ringø et al. 2003). Slepé střevo typicky chybí nebo je výrazně zkráceno u všežravých a býložravých druhů. Uvádí se, že zvětšuje povrchovou plochu pro trávení a absorpci, ale nehraje žádnou roli při fermentaci tráveniny. Různé enzymy, žlučové kyseliny a pankreatické enzymy, které do TT vstupují, mohou významně ovlivnit růst a složení střevní mikrobioty (Ray & Ringø 2014).

3.1.3.8 Včely, čmeláci

Včely (*Apis* spp.) jsou důležitými opylovači plodin. Jsou společenským hmyzem a disponují jedinečnou skladbou střevní mikrobioty (Niode et al. 2020). Střevo včely medonosné je souvislá trubice, která začíná ústy a končí řitním otvorem. Dělí se na přední střevo, střední střevo a zadní střevo. Zadní střevo je pro mikrobiotu relativně přívětivé prostředí a je proto místem s nejbohatším mikrobiálním osídlením (Huang et al. 2010). Jiná je situace ve středním střevu, kde jsou epitelem uvolňovány enzymy a antimikrobiální peptidy (AMP). Kromě toho zde pH dosahuje hodnot nižších než 3. Tak nízké pH způsobuje destrukci mikrobiálních buněk (Tootiaie et al. 2021).

Mikrobiota v TT včel hraje velmi důležitou roli při štěpení sacharidů na řadu alkoholů, SCFA a dalších organických kyselin (Tootiaie et al. 2021). Střevní mikrobiota včel se sezónně

mění, což je spojováno s jejich výživovými návyky. V zimě mají včely konečník značně roztažený, zabírá velkou část břišní dutiny, stává se zásobárnou/fermentorem s velkou mikrobiální aktivitou (Kacániová et al. 2009).

3.1.3.9 Jedlý hmyz

Nejčastěji konzumovaným hmyzem jsou: brouci (*Coleoptera*, 31 %), motýli (*Lepidoptera*, 18 %), mravenci, vosy a včely (*Hymenoptera*, 14 %), kobylky a cvrčci (*Orthoptera*, 13 %), listonoši, cikády a polokřídlí (*Hemiptera*, 10 %), vážky a svižníci (*Odonata*, 3 %), termiti (*Isoptera*, 3 %), mouchy (*Diptera*, 2 %) a ostatní taxony 6 % (Papastavropoulou et al. 2023). Cvrčci domácí (*Acheta domestica*) a cvrčci *Gryllus assimilis* jsou preferovanými druhy hmyzu, které se komerčně využívají jako potrava (Aleknavičius et al. 2022).

Základní stavba trávicího traktu je u všech druhů hmyzu podobná, ačkoli mají různé modifikace související s adaptací na různé způsoby výživy. Střevo tvoří tři základní oblasti: přední, střední a zadní střevo. Přední a zadní střevo jsou vystlány exoskeletem tvořeným chitinem a kutikulárními glykoproteiny. Tento exoskelet odděluje střevní lumen od epidermálních buněk a při ekdyse (svlékání) odpadá. Přední střevo má často oddělené „vole“ nebo divertikly pro dočasné skladování potravy. Střední střevo je u mnoha druhů hmyzu primárním místem trávení a vstřebávání. Mnoho druhů hmyzu vylučuje epitelové buňky středního střeva a vytváří obal zvaný peritrofická membrána (PM) (Engel & Moran 2013). Prostředí je zde mírně kyselé a má vysokou aktivitu glykosidhydrolázy. PM je fóliovitá chitin-proteinová struktura, která rozděluje lumen středního střeva na endoperitrofický prostor (uvnitř PM, kde je potrava) a ektoperitrofický prostor mezi buňkami středního střeva a PM (Terra & Ferreira 2020). MO se nacházejí převážně v endoperitrofickém prostoru, což zabraňuje jejich přímému kontaktu s epitelem středního střeva. Peritrofická membrána plní celou řadu funkcí: poskytuje bariéru, která chrání epitel před mechanickým poškozením částicemi potravy, před působením velkých molekul toxinů obsažených v potravě a před mikrobiální invazí, a také koncentruje potravu a trávicí enzymy (Engel & Moran 2013). Nejdůležitější funkcí je ale zvýšení účinnosti trávení. Toho je dosaženo segregací trávicích dějů a umožněním existence protiproudých toků vody ve směru opačném, než je pohyb potravy. Tyto toky jsou poháněny sekrecí vody v zadní části středního střeva a absorpcí v přední části středního střeva, což vytlačuje trávicí enzymy a částečně strávený materiál do přední části středního střeva. V důsledku toho trávicí enzymy působí v organismu delší čas (Terra & Ferreira 2020). PM je protkána póry, které brání průchodu většiny MO a zároveň umožňují průchod enzymů a malých molekul z natrávené potravy. Některé druhy hmyzu PM nevytvářejí; mezi tyto skupiny patří většina mizokřídlelých (řád Hemiptera), mnoho druhů brouků (řád Coleoptera) a mravenci (řád Hymenoptera). Zadní střevo zahrnuje samostatné části, jako jsou fermentační komory a oddělený konečník pro zadržování výkalů před defekací. U mnoha skupin hmyzu (např. cvrčci a švábi) bylo zjištěno, že se zde vstřebává určité množství živin a je zde hlavní místo pro resorpci vody (Engel & Moran 2013). Zadní střevo vykazuje zásadité pH a vykazuje vysokou aktivitu endopeptidázy (Terra & Ferreira 2020).

Kolonizace TT hmyzu MO je ovlivněna mnoha faktory. Obecným faktorem jsou fyzikálně-chemické vlastnosti prostředí v různých částech střeva, kde se mohou vyskytovat

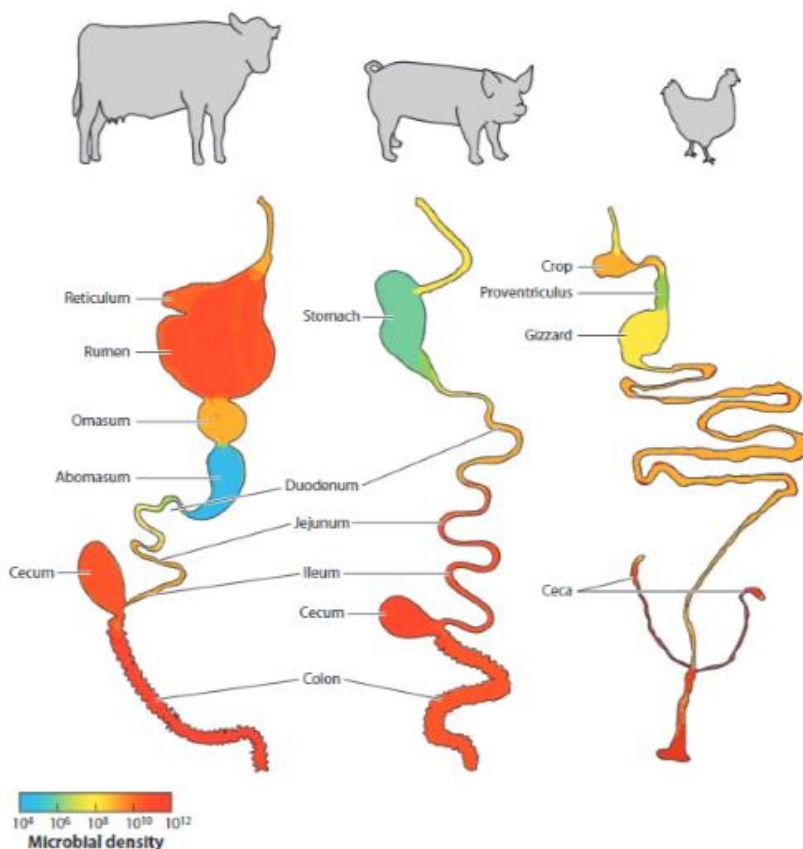
extrémní rozdíly v pH a přístupnosti kyslíku. pH ve střevním lumen je řízeno aktivně a často se liší od pH hemolymfy, které se obvykle blíží hodnotě 7. Střední střevo housenek motýlů (Lepidoptera) je vysoce alkalické s pH dosahujícím 11-12, což vyžaduje speciální adaptace trávicích enzymů. Toto pH koreluje s konzumací listů obsahujících třísloviny a umožňuje snížit vazbu bílkovin s tříslovinami, což zvyšuje dostupnost živin. Tato adaptace ovšem negativně ovlivňuje mikrobiální společenstva (Engel & Moran 2013).

3.1.4 Mikrobiota trávicího traktu hospodářských zvířat

Mikrobiota TT hospodářských zvířat, jako jsou kuřata, prasata a přežvýkavci, je již mnoho let v popředí zájmu veterinářů, odborníků na výživu zvířat a mikrobiologů (Deusch et al. 2015). Tyto bakterie mají zásadní vliv na metabolismus, trávicí činnost, imunitu, odolnost vůči infekcím, zdraví a pohodu hostitelského organismu (Cotozzolo et al. 2020), hrají roli také při metabolismu xenobiotik, poskytují organismu bariéru před patogenními MO a produkují vitaminy a další důležité metabolity (Bomba et al. 2006). Poznání vlastností MO v TT je proto důležité pro pochopení mnoha specifických funkcí vlastního hostitelského organismu (Cotozzolo et al. 2020).

Zatímco bakteriální diverzita obecně či přítomnost některých tradičně studovaných bakteriálních skupin je spojována s příznivými účinky pro zdraví hostitele, je stále velmi náročné definovat konkrétní faktory, které přispívají k pozitivnímu rozvoji a naopak. Není proto známá nějaká „ideální“ mikrobiota (Celi et al. 2017).

Mikrobiota je definována jako komplexní mikrobiální společenstvo, které obývá určitou niku, interaguje s ní a vytváří vzájemné vztahy (např. symbiotické). Každý živočich hostí různě rozsáhlé společenství bakterií, prvoků, hub a řas, které osídlují povrchy i vnitřní oblasti těla hostitele (Cotozzolo et al. 2020). Mikrobiota TT zvířat a lidí je mikrobiální ekosystém s velkými rozdíly mezi jednotlivci a živočišnými druhy, tvořený až 10^{14} MO. Střevní mikrobiální systémy, které pomáhají při trávení jinak pro hostitele nestravitelných složek potravy, jsou nejsložitějším známým biologickým systémem u zvířat a jsou považovány za zvláštní, postnatálně získaný orgán (MC et al. 2014). Srovnání přibližné koncentrace v trávicím traktu u produkčních zvířat viz obrázek číslo 2.



Obrázek 2 Hustota mikroorganismů v trávicím traktu produkčních zvířat (Yeoman & White 2014)

Střevní mikrobiota reaguje bezprostředně na vnější podněty, z nichž hlavními jsou složky potravy, probiotika, prebiotika, antibiotika, růstové stimulanty, kokcidistatika a exogenní enzymy (Rada & Havlík 2010). Složení mikrobiomu TT je dále ovlivněno věkem hostitele, funkcí jeho imunitního systému, genetikou a složitými interakcemi mezi mikrobiálními druhy (Yeoman & White 2014), plemenem, pohlavím, rozdíly v klimatu, ročním obdobím, složením krmiva, způsobem chovu (Rzeznitzek et al. 2022), nemocemi, způsoby krmení, řízením farmy a užitkovostí. Tyto parametry mohou různou měrou ovlivnit mikrobiální rovnováhu v TT a následně také účinnost krmiva, efektivitu trávení a zdraví (Simpson et al. 2002; Chaucheyras-Durand & Durand 2010). Takové komplexní vlastnosti společně vedou k mezidruhovým a interindividuálním charakteristikám mikrobiomu. Vliv genetiky na mikrobiom TT může být zastíněn výživou, jejíž účinky jsou dnes dobře popsány (Yeoman & White 2014).

Osídlení střevního traktu MO se během života mění. Kolonizační vzorce během raného života jsou nestabilní a nově narozená zvířata jsou pak náchylná k přijetí patogenů z okolního prostředí. Počáteční kolonizace v raném období života může mít pro hostitele velký význam, protože bakterie mohou modulovat expresi genů v epitelálních buňkách (a vytvářet si tak pro sebe příznivé prostředí) (Bunesova et al. 2014). Osídlování TT je zahájeno ihned po narození a začíná rychlou kolonizací aerobními a fakultativně anaerobními populacemi (Yeoman & White 2014). Složení se liší mezi jednotlivými druhy zvířat, mezi jedinci v rámci stejného druhu i mezi jednotlivými místy těla hostitele (Bomba et al. 2006). V TT jsou aerobní a fakultativně anaerobní populace postupně nahrazeny rozmanitou populací striktně anaerobních bakterií.

Pokud jsou zvířata chována v nepřítomnosti bakterií, jsou podmínky v TT pro vstřebávání živin a normální imunitní funkce velmi náročné. Pokud v normálních podmínkách (v ideálním případě) bakteriální symbióza dosáhne homeostázy, střeva budou zdravá s dobrou funkcí (Liao & Nyachoti 2017).

Oproti některým druhům hmyzu zůstávají mláďata savců pravděpodobně sterilní až do okamžiku narození. Pokud dojde k nákaze mláďate ještě v období březosti, má to často za následek potrat, narození mrtvého plodu, perinatální úmrtnost nebo předčasný porod. U lidí narozených přirozenou cestou, dochází k počáteční kolonizaci již během průchodu vaginálním traktem. Zda to platí i pro hospodářská zvířata bude nutné ověřit, pravděpodobně ano, protože např. konvenčně narozená selata a selata narozená císařským řezem vykazují odlišné složení MO v TT (Yeoman & White 2014).

Mikrobiota TT hraje u zvířat důležitou roli jako je tomu u lidí. Z nestrávených částí potravy získává potřebnou energii pro svého hostitele pomocí fermentace (Bomba et al. 2006). Mikrobiom, zejména v tlustém střevě, tvoří „bioreaktor“, který fermentuje složky potravy, které unikly trávení v horních částech střeva (bílkoviny, sacharidy a dietní vlákninu), rozkládá je na mikrobiální produkty, např. SCFA. Střevní mikrobiota může také transformovat další složky potravy, např. polyfenoly, do potenciálně metabolicky relevantnějších forem (Oniszczuk et al. 2021). Dalšími produkty jsou plyny. Většinu bakteriemi vytvářeného plynu tvoří vodík, oxid uhličitý a metan. Skladba střevní mikrobioty bývá charakteristická vysokým podílem laktobacilů, zejména u zvířat, která mají v horní části střevního traktu nesekreční epitel, včetně volete drůbeže, jícnu prasat a předžaludku příslušníků čeledi koňovitých (Walter et al. 2008).

Navzdory stále rostoucímu počtu studií o mikrobiomu TT jsou biologické funkce různých mikrobiálních populací často stále nejasné. Také neznámé bakteriální druhy, obývající TT, jsou překážkou v chápání změn ve složení mikrobiomu TT, jeho metabolických aktivit a interakcí s hostitelem (Celi et al. 2017). Například u přežvýkavců a prasat se odhaduje, že v TT se nachází 300 až 1 000 různých druhů MO (Leser et al. 2002; Kong et al. 2010), zatímco u hrabavé drůbeže je toto číslo ještě podstatně vyšší, a to více než 2200 druhů (Danzeisen et al. 2011).

Analýza mikrobioty je důležitá pro zlepšení strategií výživy zvířat a podpory jejich zdraví. Tyto znalosti lze využít k modulaci mikrobioty s cílem omezit léčbu antibiotiky a v případě přežvýkavců potlačit tvorbu emisních plynů (Deusch et al. 2015). Dnes, kdy už víme, že změnou skladby střevní mikrobioty můžeme cíleně ovlivnit hostitelský organismus, je taková úprava běžnou praxí u vysoce produkčních zvířat. Děje se tak v intenzivních produkčních systémech za účelem zlepšení zdravotního stavu, zvýšení růstové výkonnosti HZ včetně drůbeže a k prevenci průjmů (Zimmermann et al. 2016).

3.2 Bakterie mléčného kvašení

BMK jsou skupinou bakterií, které jsou široce rozšířené v přírodě - ve střevním a urogenitálním traktu lidí a zvířat, v půdě a ve vodě, příp. jsou např. využívány ve fermentovaných mléčných, masných a rostlinných produktech (Ayivi et al. 2020).

Ekologie bakterií mléčného kvašení se přesunula v průběhu času z půdních a rostlinných stanovišť do střev savců (Ayivi et al. 2020). Díky svým schopnostem se tato pro nás užitečná skupina hojně využívá v mnoha průmyslových odvětvích, jako je potravinářství, lékařství

a krmivářství. Moderní intenzivní systémy sice zvýšily efektivitu živočišné výroby, ale zároveň poskytují vhodné prostředí pro šíření patogenů, které mohou ohrozit zdraví zvířat i člověka (Lee et al. 2016). BMK se zdají být nadějnou ochranou v boji proti těmto rizikům. Efektivní účinky mají při léčbě zvířecích i lidských onemocnění, a proto jsou považovány za vhodné kandidáty na probiotika, využívají se pro obecné zlepšení pohody zvířat a živočišné produkce v chovech, či v určitých případech i jako alternativa k antibiotikům (Ma et al. 2018; Deng et al. 2022). V průběhu let bylo na základě různých studií ověřeno, že testované BMK a bifidobakterie jsou bezpečné pro lidskou a zvířecí spotřebu, a proto získaly status „Obecně považovaných za bezpečné“ (GRAS - Generally Recognized As Safe) (Tootiaie et al. 2021; Bamidele et al. 2022). Mnohé testy prokázaly, že tyto bakterie hrají prospěšnou roli, např. při trávení laktózy, při stimulaci imunitního systému, při léčbě a prevenci průjmu, při výrobě užitečných průmyslových a lékařských produktů, jako stimulanty růstu hospodářských zvířat, jako náhrada antibiotik, protizánětlivé látky, proti rakovině a jako nosiče vakcín. Navzdory těmto zjištěním se určité kmeny BMK a bifidobakterií, příp. za určitých podmínek, podílejí na mnoha lidských a zvířecích onemocněních (Bamidele et al. 2022).

Péče o mikrobiom TT produkčních zvířat je nyní již ovšem běžně zakotvena jako klíčový prvek podtrhující ziskovost zemědělských systémů živočišné výroby. Současné hlavní směry výzkumu mikrobiomu TT produkčních zvířat se zaměřují na zlepšení zdraví zvířat, a tím na snížení jejich nemocnosti a úmrtnosti, snížení potenciálních dopadů živočišné výroby na lidské zdraví, snížení dopadů živočišné výroby na životní prostředí, definování mikrobiálních determinantů produktivity zvířat a zlepšení zdravotních vlastností a kvality masa a mléčných výrobků (Yeoman & White 2014). Úspěšně se BMK již používají jako alternativa k antibiotickým stimulantům růstu v drůbežářském průmyslu vzhledem k rizikům, které představuje nevybíravé používání antibiotik, či jako probiotikum nebo doplněk krmiva pro zlepšení užitkovosti zvířat (Wang et al. 2014). Bylo zjištěno, že BMK osidlující TT zvířat chrání své hostitele před invazí a kolonizací několika druhů patogenních bakterií prostřednictvím produkce různých antimikrobiálních metabolitů a modulací imunitní odpovědi hostitele (Tootiaie et al. 2021). Bakteriální metabolity mohou také přímo ovlivňovat centrální nervový systém hostitele. Koncept nazvaný např. osa mikrobiota – střevo - mozek je sice relativně mladou oblastí výzkumu, zdá se ale, že již pouze prostá konzumace fermentovaných potravin může měnit náladu a mozkovou aktivitu živočichů i člověka (Marco et al. 2017). Konzumace fermentovaných produktů vede ke zlepšení řady zdravotních parametrů (Ayivi et al. 2020; Mathur et al. 2020), jsou přírodním zdrojem potenciálně probiotických kmenů BMK a jejich užívání je spojeno s významnými zdravotními přínosy (Marco et al. 2017). Tyto pozitivní účinky BMK závisí na produkci bioaktivních složek uvolňovaných do potravy jako vedlejší produkty fermentačního procesu (Mathur et al. 2020). Takové probiotické bakterie jsou dlouhodobě využívané právě pro svou roli při fermentaci potravin, a široká škála kmenů se tradičně používá např. jako startovací kultury při výrobě mléčných, masných, zeleninových a pekařských produktů (Ayivi et al. 2020). Okyselení způsobené díky fermentaci a vzniku kyseliny mléčné, a další enzymatické procesy, přispívají k chuti, struktuře a údržnosti fermentovaných potravin a krmiv (Plumed-Ferrer et al. 2008). Proces údržnosti je též známý jako biokonzervace, což je alternativa pro prodloužení trvanlivosti a konzervaci potravin. Protože BMK přirozeně produkují různé bioaktivní metabolity, které napomáhají biokonzervaci potravin, fungují jako antagonistický, inhibiční a antimikrobiální obranný

system, který působí i proti patogenům a MO způsobujícím kažení potravin či krmiv. BMK tak lze využít jako nástroj k zajištění bezpečnosti a kvality potravinářských výrobků (Ayivi et al. 2020). BMK mohou rozkládat i bílkoviny v potravinách a produkovat různé malé molekuly peptidů nebo volných AMK. Například hlavní skupina laktobacilů v keřirové kultuře má silný rozkladný účinek na mléčnou bílkovinu v mléce (Dallas et al. 2016). BMK zde degradují kasein, čímž snižují alergenicitu mléčných produktů (Iwamoto et al. 2019).

3.2.1 Systematika a bakterie mléčného kvašení

BMK se řadí do kmene Firmicutes (Vaughan et al. 2005; Álvarez-Cisneros & Ponce-Alquicira 2018; Tootiaie et al. 2021) a zahrnují velké množství druhů, z nichž početně dominantní skupinou jsou laktobacily (čeleď Lactobacillaceae, třída Bacilli, řád Lactobacillales) (Vaughan et al. 2005). Laktobacilů je dnes rozlišováno více než 30 rodů.

V přesném vymezení rodů, spadajících pod označení BMK se ovšem různí autoři často neshodují: Bamidele et al. (2022) uvádí 13 rodů: *Carnobacterium*, *Lactobacillus*, *Lactosphaera*, *Leuconostoc*, *Oenococcus*, *Enterococcus*, *Lactococcus*, *Pediococcus*, *Paralactobacillus*, *Streptococcus*, *Tetragenococcus*, *Vaginococcus* a *Weissella*. Rozdělení do 9 rodů zmiňuje Mu et al. (2018): kokoidní *Lactococcus*, *Vagococcus*, *Streptococcus*, *Leuconostoc* a *Pediococcus* a tyčinkovité *Carnobacterium*, *Lactobacillus*, *Bifidobacterium* a *Sporolactobacillus* – zde tedy včetně bifidobakterií. Také Álvarez-Cisneros & Ponce-Alquicira, 2018 tvrdí že, druhy BMK patří ke dvěma kmenům: Firmicutes a Actinobacteria, kde Firmicutes zahrnují rody *Aerococcus*, *Alloiococcus*, *Carnobacterium*, *Enterococcus*, *Lactobacillus*, *Leuconostoc*, *Oenococcus*, *Pediococcus*, *Streptococcus*, *Tetragenococcus*, *Vagococcus* a *Weissella* a do kmene Actinobacteria přísluší právě rod *Bifidobacterium*.

Na základě určitých podobností bifidobakterií s BMK, některým společným vlastnostem, a také díky společnému statusu potravinářských bakterií, který vede k jejich začleňování do funkčních potravin, je možné pro zjednodušení termínů směrem ke komerční sféře a laické veřejnosti bifidobakterie „řadit“ k BMK (ideálně s použitím zkratky BMK&B) (Vaughan et al. 2005).

Bakterie spojené s fermentovanými mléčnými výrobky patří do rodů *Lactobacillus*, *Lactococcus*, *Leuconostoc*, *Pediococcus*, *Bacillus*, *Propionibacterium* a *Bifidobacterium* (Ayivi et al. 2020). Z nich jsou laktobacily a bifidobakterie nejvíce spojovány se zdravím lidí a zvířat (Mu et al. 2018).

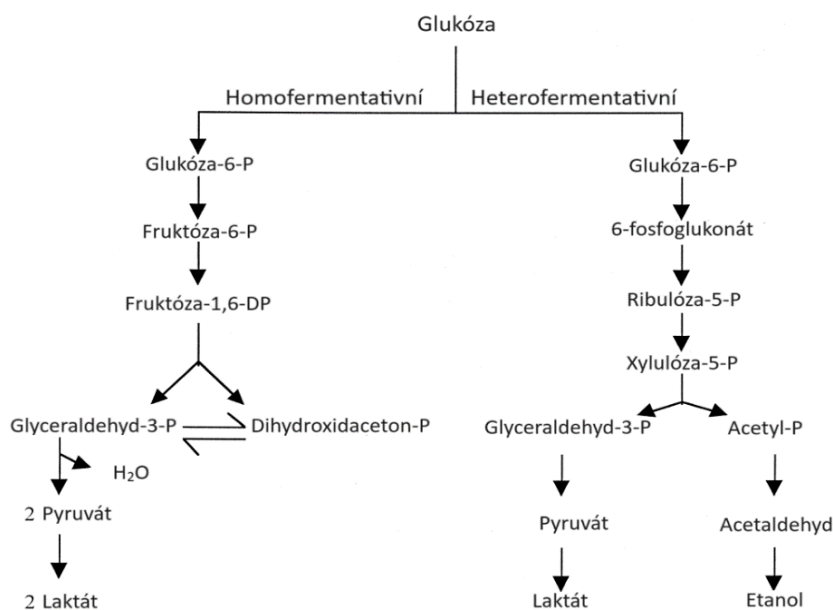
Před několika lety proběhla v taxonomii zásadní skupiny BMK dramatická změna, došlo k reklasifikaci laktobacilů. Studie hodnotila taxonomii celé skupiny bakterií na základě celogenomového sekvenování a autoři na základě zjištěných dat navrhli např. rozdělení původního rodu *Lactobacillus* do 25 nových rodů, se jmény jako: *Amylolactobacillus*, *Bombilactobacillus*, *Companilactobacillus*, *Lapidilactobacillus*, *Agriolactobacillus*, *Schleiferilactobacillus*, *Loigolactobacillus*, *Lacticaseibacillus*, *Latilactobacillus*, *Liquorilactobacillus*, *Ligilactobacillus*, *Lactiplantibacillus*, *Furfurilactobacillus*, *Paucilactobacillus*, *Limosilactobacillus*, *Fructilactobacillus*, *Acetilactobacillus*, *Apilactobacillus*, *Levilactobacillus*, *Secundilactobacillus* a *Lentilactobacillus* (Zheng et al. 2020). Zheng et al. (2020) navrhuje také další změny, jako např. úpravu popisu čeledi Lactobacillaceae tak, aby zahrnovala rody čeledi Lactobacillaceae a Leuconostocaceae apod.

Tvrdí totiž, že ta dnes již historická taxonomie, ač je hluboce zažitá, široce přijímaná lékařskou komunitou, potravinářským průmyslem a průmyslem souvisejícím se zdravím, laiky, a je používána v národních a mezinárodních předpisech apod., brání výzkumu zaměřenému na pochopení ekologie, fyziologie, evoluce a aplikací této důležité skupiny mikroorganismů.

3.2.2 Charakterizace bakterií mléčného kvašení

BMK je obecné označení pro rozmanitou skupinu grampozitivních, nesporulujících (Tootiaie et al. 2021; Deng et al. 2022; Fijan 2023), kataláza negativních, nepohyblivých, mikroaerofilních až anaerobních, acidotolerantních bakterií, které se běžně vyskytují v různých prostředích, včetně TT zvířat a člověka (Tootiaie et al. 2021).

Tato skupina bakterií je si příbuzná společným metabolismem a fyziologií schopnou během fermentačních procesů tvořit kyselinu mléčnou (Plumed-Ferrer et al. 2008; Álvarez-Cisneros & Ponce-Alquicira 2018; Deng et al. 2022; Fijan 2023). Kyselina mléčná vzniká během fermentace sacharidů, a to buďto homofermentativní nebo heterofermentativní cestou (Fijan 2023). V potravinářském průmyslu mohou různé bakterie fermentovat různé substráty a produkovat různé průmyslové suroviny během fermentačního procesu (Wang et al. 2021).



Obrázek 3 Schéma fermentace glukózy
(Upraveno dle Caplice & Fitzgerald 1999)

BMK jsou obecně mezofilní, ale mohou růst i při teplotách pod 5 °C a nad 45 °C. Podobně, zatímco většina kmenů roste při pH 4,0-4,5, některé kmeny jsou aktivní i při pH 9,6 a jiné při pH 3,2. BMK jsou také slabě proteolytické a lipolytické (Caplice & Fitzgerald 1999). Mají komplexní nutriční požadavky na aminokyseliny, peptidy, deriváty nukleových kyselin, soli, mastné kyseliny nebo estery mastných kyselin a zkvasitelné sacharidy (Zheng et al. 2020). Morfologicky mají podobu koků nebo tyčinek, které se mohou vyskytovat samostatně, ve dvojicích, jako tetrády nebo mohou tvořit řetězky (Álvarez-Cisneros & Ponce-Alquicira 2018; Zheng et al. 2020).

BMK se dělí do dvou skupin na základě tvorby jejich konečných metabolických produktů při využití glukózy nebo jiných hexózových cukrů viz obrázek číslo 3 (Bamidele et al. 2022). Ty, které produkují kyselinu mléčnou jako hlavní a jediný produkt jsou homofermentory (Caplice & Fitzgerald 1999; Ayivi et al. 2020; Bamidele et al. 2022). Využívají Embden-Meyerhof-Parnasovu dráhu k tvorbě dvou molů laktátu z jedné molekuly glukózy, získávají tedy více energie než druhá skupina (Caplice & Fitzgerald 1999), heterofermentory, kteří z jedné molekuly glukózy tvoří ekvimolární množství laktátu, ethanolu a oxidu uhličitého (Ayivi et al. 2020; Widyastuti et al. 2021). Homofermentativní BMK jsou např. rody *Pediococcus*, *Streptococcus*, *Lactococcus* a některé laktobacily (Caplice & Fitzgerald 1999) a heterofermentory např. rody *Leuconostoc*, *Wiessella* a některé laktobacily (Ayivi et al. 2020). Příklady homo a heterofermentativních bakterií viz tabulka číslo 1.

Tabulka 1 Homo a heterofermentativní BMK

(Upraveno dle Janštová et al. 2012)

Bakterie homofermentativního kvašení	Bakterie heterofermentativního kvašení
Rod <i>Lactobacillus</i>	Rod <i>Lactobacillus</i>
<i>L. delbrueckii</i> ssp. <i>bulgaricus</i>	<i>Limosilactobacillus fermentum</i>
<i>L. lactis</i>	<i>Levilactobacillus brevis</i>
<i>L. helveticus</i>	<i>Lentilactobacillus hilgardii</i>
<i>L. acidophilus</i>	Rod <i>Streptococcus</i>
<i>Lacticaseibacillus casei</i>	<i>Streptococcus salivarius</i> ssp. <i>thermophilus</i>
<i>Lactiplantibacillus plantarum</i>	Rod <i>Leuconostoc</i>
Rod <i>Lactococcus</i>	<i>Leuconostoc mesenteroides</i> ssp. <i>dextranicum</i>
<i>Lactococcus lactis</i> ssp. <i>lactis</i> , ssp. <i>cremoris</i>	<i>Leuconostoc mesenteroides</i> ssp. <i>cremoris</i>
Rod <i>Streptococcus</i>	-
<i>Streptococcus faecium</i>	-
Rod <i>Pediococcus</i>	-
<i>Pediococcus acidilactici</i>	-

Tradiční přístup k charakterizaci bakterií mléčného kvašení byl založen na fyziologických a biochemických ukazatelích. V poslední době se však zásadním nástrojem pro charakterizaci BMK stala molekulární charakterizace (Ayivi et al. 2020). Při použití fenotypových metod k identifikaci bakterií je interpretace výsledků testů značně subjektivní a časově náročná, může být proto i méně spolehlivá (Tang et al. 1998). Současné polyfázové metody zahrnují jak fenotypovou, tak genotypovou analýzu. Použití technik molekulární biologie (např. metody Next Generation Sequencing, NGS) výrazně zjemnilo možnosti odpovědi na mnohé otázky. Pokud jde o dnes standardní analýzy se ale třeba na příkladu markerového genu pro 16S rRNA, jednom z obecně přijímaných postupů pro identifikaci druhů bakterií, včetně BMK, ukazuje, že tato metoda často nedokáže fylogeneticky blízké příbuzné druhy nebo poddruhy BMK rozlišit (Reginensi et al. 2013).

3.3 Bakterie mléčného kvašení v trávicím traktu hospodářských zvířat

3.3.1 Velcí, malí přežvýkavci a jelenovití

Skladba střevní mikrobioty přežvýkavců se vyvíjí a mění díky různým faktorům. Kvůli změnám ve složení živin (např. vláknina, škrob, bílkoviny a tuky) mikrobiální taxony, které preferují konkrétní substráty, obvykle vykazují vyšší rychlost růstu, což vede k rychlé změně složení střevní mikrobioty. Velká část MO však může být v TT u zdravých jedinců pozoruhodně stabilní po celá léta (Fassarella et al. 2021).

Na rozdíl od stabilní mikrobioty TT dospělých přežvýkavců musí mikrobiota u mladších jedinců projít některými zjevnými změnami v závislosti na období, jako je období od nepřežvýkavců do období přežvýkavců, od období před odstavením po odstavení, a od kolonizace TT aerobními bakteriemi k jejich záměně za anaerobní taxony. Díky časové orientaci mezi těmito přechody je možné např. předvídat průjem u mladých přežvýkavců, což potenciálně poskytuje příležitost pro včasné intervence (např. prebiotika, probiotika a synbiotika). Je zřejmé, že poruchy, jako jsou různá onemocnění či terapeutické antimikrobiální látky, mohou vyvolat změny mikrobiálního složení (Zhang et al. 2021). Pozorované rozdíly ve skladbě mikrobioty mezi jednodenními a třídenními telaty ukazují jejich nízkou podobnost ve srovnání se všemi ostatními věkovými skupinami. Je zde patrné, že pouze několik rodů je společných pro bakteriální společenstvo v primárních fázích kolonizace a spektra zjištěná u dospělých zvířat, ukazují na odlišná a rychle se měnící bakteriální společenstva během prvních dnů života. (Jami et al. 2013). Obecně se má za to, že TT novorozence je prosté bakterií a mikrobiální komunita rychle kolonizuje TT až po narození. Střevní mikrobiom u malých přežvýkavců se během prvních 2 dnů po porodu výrazně vyvíjí, a mikrobiální bohatství a diverzita, stejně jako dominantní bakterie, se v průběhu času výrazně mění. Po odstavení mikrobiom postupně dozrává ve stabilní a komplexní mikrobiální společenství. Na úrovni kmene byly v bachoru novorozelých telat nalezeny majoritní Proteobacteria, po nich následovaly Bacteroidetes a Firmicutes. S přibývajícím věkem byly proteobakterie nahrazeny Bacteroidetes jako převládajícím kmenem. Po 2 týdnech komunita již nevykazovala významné časové změny na úrovni kmene, ale relativní početnost některých rodů se stále měnila; např. *Prevotella* byla nejvíce se vyskytující bakterií u telat ve 2 týdnech, ale v 6 týdnech ji nahradily *Bacteroides* (Zhang et al. 2021). Nicméně identita a složení primárních bachorových bakteriálních společenstev získaných krátce po narození a změny, ke kterým v těchto společenstvech dochází v různých fázích růstu zvířete, zůstávají z velké části neznámé. U skotu se některé z rodů objevily u třídenních zvířat a byly přítomny i v dospělém funkčním bachoru a jsou považovány za důležité pro jeho správnou funkci. Mezi tyto rody patřil *Coprococcus*, *Prevotella*, a *Ruminococcus*, rod obsahující dva hlavní celulytické bakteriální druhy – *R. albus* a *R. flavefaciens*. Z několika analýz vyplynulo, že některé druhy osídlující dospělý bachor, lze nalézt již v prvních dnech života v předfunkčním bachoru. Celulytická bakterie *R. flavefaciens* byla zjištěna ve vzorcích odebraných jednodenním telatům a její množství se výrazně zvýšilo ve vzorcích odebraných třídenním telatům, zatímco *R. albus* se poprvé objevila u třídenních zvířat. *Fibrobacter succinogenes*, další významná celulytická bakterie, byla zjištěna pouze ve vzorcích od zvířat starých nejméně 2 měsíce. Analyzovány byly také tři bachorové druhy klíčového rodu *Prevotella*, které mohou tvořit až 70 % bachorové bakteriální

populace. *Prevotella ruminicola* byla nalezena u jednodenních zvířat, i když v nepatrném množství. Hlavním produktem segmentace polysacharidů je těchto bakterií sukcinát. Ostatní testované druhy rodu *Prevotella* se objevily pouze ve dvouměsíční a starší věkové skupině a vykazovaly malé změny mezi skupinami. *Streptococcus bovis*, který je považován za utilizátora škrobu a fermentátora laktózy, byl nalezen v relativně vysokém množství ve vzorcích od 1 a 3 denních telat. Ve vzorcích starších věkových skupin se jeho počty snížily. V první den života bylo možné detekovat také utilizátory laktátu *Selenomonas ruminantium* a *Megasphaera elsdenii* (Jami et al. 2013).

Mikrobiota bacheru se skládá z bakterií a archeí (prokaryota) a také z hub a prvoků i dalších eukaryotických mikroorganismů, které se společně podílejí na fermentaci krmiva přijímaného hostitelem (Zhang et al. 2021). V bacheru dospělého skotu se vyskytovaly celulolytické bakterie: *Ruminococcus flavefaciens*, *Ruminococcus albus* a *Fibrobacter succinogenes*. Metanogenní archea byla pozorována již ve věku jednoho dne. Do čtrnácti dnů věku je v bacheru pozorována velká funkční rozmanitost, včetně fibrolytických a metanogenních schopností (Yeoman & White 2014). Ze střevního traktu přežvýkavců bylo izolováno několik zástupců BMK, patří mezi ně druhy rodů *Lactococcus*, *Leuconostoc*, *Streptococcus*, *Pediococcus*, *Ruminococcus* a *Lactobacillus*. Konkrétně z bacherového ingesta krav a koz byly zjištěny: *Lactiplantibacillus plantarum*, *Limosilactobacillus fermentum*, *Lactiplantibacillus pentosus*, *Levilactobacillus brevis*, *Lentilactobacillus buchneri*, *Secundilactobacillus collinoides* a *Leuconostoc mesenteroides* (Nnawuihe et al. 2018). Dále i druhy bifidobakterií, jako např.: *B. adolescentis*, *B. longum* ssp. *longum*, *B. boum*, *B. pseudolongum* ssp. *globosum*, *B. mericicum* a *B. ruminantium*. (Výskyt *B. adolescentis*, *B. longum* ssp. *longum* je běžný i v TT člověka). Kmeny bifidobakterií, izolované z TT jehňat, byly identifikovány jako *B. animalis* ssp. *animalis*, *B. choerinum*, *B. pseudolongum* ssp. *globosum* a *B. pseudocatenulatum* (Bunesova et al. 2014).

Složení střevní mikrobioty jelenů se dramaticky změnilo vlivem změn životního prostředí. Stále však chybí komplexní pochopení účinků environmentálních faktorů na jejich střevní mikrobiotu (Zhang et al. 2023). Bylo zjištěno, že převládající bakteriální kmeny u několika druhů jelenovitých jsou Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria a Actinobacteria; tato zjištění jsou v souladu s předchozími zjištěními týkajícími se střevní mikrobioty jiných přežvýkavců (Tanca et al. 2017). V případě jelena sika bylo tenké střevo kolonizováno nejméně různorodou mikrobiotou, zatímco mikrobiální komunita v tlustém střevě (shromážděná ze slepého střeva, tlustého střeva a konečníku) vykazovala nejvyšší diverzitu. Výsledky byly podobné předchozím zjištěním pro předodstavená jehňata, kozy a druhy skotu, ale odlišné od výsledků získaných u monogastrických zvířat a drůbeže. Podobně, jako u ostatních přežvýkavců převažují v TT jelenů sika Firmicutes a Bacteroidetes. Počty Firmicutes byly ve střevě významně vyšší než v bacheru, zatímco u Bacteroidetes tomu bylo právě naopak. Množství bakteriálních však reagují na prostředí, stravu, léčbu antibiotiky a obdobím růstu, a poměr Firmicutes/Bacteroidetes (poměr F/B) je důležitým indexem odrážejícím mikrobiální situaci v TT. Podobné výsledky byly získány v několika dalších studiích na přežvýkavcích, které ukázaly, že segmenty žaludku a střev jsou u jelenů sika kolonizovány zcela odlišnými mikroby. Bakterie *Prevotella* byly dominantní v bacheru, čepci, knize, slezu, zatímco zástupci čeledi Christensenellaceae byly převážně pozorováni ve střevě (tenké, slepé, tlusté, konečník). Rod *Prevotella* bývá pozitivně spojován s dietou bohatou na vlákninu a hraje klíčovou roli při

fermentaci komplexních polysacharidů, zlepšení metabolismu glukózy a podpoře hromadění tuku (Hu et al. 2022).

3.3.2 Koně a osli

Ve studii z roku 2020 Edwards et al. zjistili odlišnou mikrobiotu osla v porovnání s mikrobiotou poníka i poníka × osla. Tyto rozdíly se týkaly vyššího relativního počtu a rozmanitosti taxonů se známou nebo předpokládanou úlohou při rozkladu rostlinného materiálu. Tato zjištění jsou v souladu s dříve popsanou lepší degradací vlákniny u oslů ve srovnání s poníky a naznačují, že mikrobiota zadního střeva zde hraje zásadní roli. Studie dle Costa et al. (2015) ukazuje, že střevní mikrobiota se mezi některými oddíly koňského střevního traktu značně lišila, ale mezi sousedními oddíly byly variace menší. Rostoucí diverzita nalezená v bakteriálním složení směrem k distálnímu střevu svědčí o složitosti tohoto prostředí.

Mikrobiotu zadního střeva koní tvoří bakterie, anaerobní houby, archea, prvoci a viry. Z těchto MO byly dosud studovány především bakterie. Anaerobní houby a některé bakterie jsou v zásadě jedinými MO zadního střeva, které se přímo podílejí na rozkladu vlákniny. Archea a viry nejsou schopny rozkládat vlákninu a protozoa se na rozkladu vlákniny v zadním střevě koně podílejí jen omezeně (Edwards et al. 2020).

BMK tvoří hlavní složku mikrobioty v TT, zejména v tlustém střevě, a produkují většinu TMK využívaných jako zdroj energie. Produkce antimikrobiálních sloučenin včetně antimikrobiálních peptidů může bránit růstu patogenů a udržovat zdravou mikrobiální rovnováhu v TT. Bakterie mléčného kvašení mohou také hrát roli při stimulaci imunitního systému (Dicks et al. 2014). Mezi bakteriemi produkujícími kyselinu mléčnou ve střevním traktu koní převažovali zástupci rodu *Lactobacillus*, ale byly mezi nimi i bakterie produkující D-laktát, které byly blízce příbuzné *Mitsuokella jalaludinii* (Al Jassim et al. 2005), gramnegativní nesporeující bakterii, popsané teprve v roce 2002 (Lan et al. 2002).

Převažujícími identifikovanými laktobacily byly *Ligilactobacillus salivarius* a *Limosilactobacillus mucosae*. *Ligilactobacillus salivarius* byl izolován z obsahu tlustého střeva, konečníku i žaludku. To naznačuje potenciál této bakterie existovat v extrémních hodnotách pH a naznačuje, že může přispívat k akumulaci kyseliny mléčné jak v žaludku, tak v zadním střevě (Al Jassim et al. 2005).

V případě mladých oslů vykazovala diverzita a bohatost střevní mikrobioty výrazně menší podobnost oproti dospělým oslům. Ukázalo se, že diverzita a bohatost rostly s věkem, ale vysoce individuální variace mikrobiálního složení byla pozorována již v 1. měsíci stáří zvířete. Složení a struktura mikrobiálního společenstva měla v každé věkové skupině charakteristické rysy v souladu s funkční stabilitou mikrobioty. Tyto analýzy ukázaly, že *Bacteroides*, *Lactobacillus* a *Odoribacter* jsou dominantními bakteriemi u mladých oslů (1. a 3. měsíc stáří) a počty těchto bakteriálních skupin mají tendenci s věkem klesat, zatímco rod *Streptococcus* je nejhojnějším bakteriální skupinou u dospělých oslů (měsíce 7, 12 a 24) (Xing et al. 2020).

Mezi nejhojnější taxony zjištěné v horní části TT koní patřily *Lactobacillus* sp., *Streptococcus* sp., *Actinobacillus* sp., *Sarcina* sp. a přesně neidentifikované bakterie z čeledi Enterobacteriaceae. Nejhojněji zastoupenými taxony, zjištěnými ve slepém střevě a tlustém střevě, byly zástupci Bacteroidales, Prevotella, řád Clostridiales, čeledi Lachnospiraceae

a Ruminococcaceae. I když se relativní zastoupení kmenů mezi jednotlivými oblastmi TT měnilo, tyto změny probíhaly pozvolna po jeho celé délce a přechod z horní do dolní části TT byl mnohem méně zřetelný (Ericsson et al. 2016). Nicméně o mikrobiotě tenkého střeva koní existuje poměrně málo informací. Stejně jako u ostatních druhů zvířat však celkový počet MO, kontinuálně stoupá od dvanáctníku ke kyčelníku. Ve dvanáctníku převažují laktobacily (Bomba et al. 2006). Dle zprávy Al Jassim et al. (2005) byly zachyceny v žaludečním i rektálním obsahu koně BMK *Lactobacillus delbrueckii*, podobné těm, které se běžně vyskytují ve fermentovaných potravinách včetně jogurtu a tradičních sýrů.

Počty anaerobních celulólytických bakterií ve slepém střevě koní se významně neliší mezi poníky a osly krmenými stejnou dietou. Převaha Firmicutes ve fekální mikrobiotě všech koňovitých pozorovaná v této studii je v souladu s předchozími zprávami o koních/ponících, oslech a tibetských divokých oslech v zajetí. Složení fekálního společenstva prokaryot a anaerobních hub se u jednotlivých typů koní ale významně lišilo. Bylo např. zjištěno, že oslí anaerobní houbový izolát *Piromyces citronii* je, pokud jde o rozklad celulózy výkonnější než izolát téhož druhu pocházející z poníka. Anaerobní houby jsou výkonnými rozkladači vlákniny díky kombinaci invazivního růstu a široké škály vysoce účinných enzymů (Edwards et al. 2020).

3.3.3 Prasata

Největší počet bakteriálních kmenů byl identifikován v mikrobiotě vázané na sliznici kyčelníku. Celkově v mikrobiotě ve střevních níkách prasat dominovaly Firmicutes, Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria a Cyanobacteria. Mikrobiální složení se výrazně měnilo od kyčelníku k tlustému střevu (Zhang et al. 2018). Koncentrace bakterií v obsahu zažívacího traktu prasat jsou mnohem vyšší ve slepém a tlustém střevě než v proximálnějších částech traktu. V mikrobiotě dominují striktní anaeroby a nejpočetnějšími druhy jsou příslušníci rodu *Bacteroides*, *Selenomonas*, *Butyrivibrio*, *Lactobacillus*, *Peptostreptococcus* a *Eubacterium* (Bomba et al. 2006).

U velmi mladých selat jsou *Escherichia coli* spolu s druhy rodu *Lactobacillus* a *Streptococcus* dominantními bakteriemi všech střevních segmentů. Přítomnost laktobacilů jako součásti normální mikrobioty v organismu střevního traktu prasat je považována za hostitelsky prospěšnou (Bomba et al. 2006). Sedmý den po narození vykazovala zdravá selata vyšší početnost Prevotellaceae, Lachnospiraceae, Ruminocacaceae a Lactobacillaceae ve srovnání s jedinci, trpícími průjmem (Dou et al. 2017).

V horní části tenkého střeva převažují laktobacily a streptokoky tolerantní ke kyselinám. Distální část tenkého střeva (kyčelník) si udržuje rozmanitější mikrobiotu a vyšší počet bakterií (10^8 /g obsahu), než horní část střeva a je považována za přechodnou zónu předcházející tlustému střevu (Gaskins et al. 2002). To potvrzuje i Zhang et al. (2018) údaje o počtech bakterií v tlustém střevě ($10^{11} - 10^{12}$ /ml) ve srovnání s počty MO v tenkém střevě ($10^4 - 10^8$ /ml). V tlustém střevě jsou ideální podmínky pro růst MO, prostředí je bohaté na substráty a je zde neutrální pH. Kmeny Firmicutes a Proteobacteria dominovaly v kyčelníku a představovaly většinu lumenálního a na sliznici vázané mikrobioty. Při přechodu z tenkého střeva do tlustého střeva se ale zvýšil počet lumenálních i slizničních Bacteroidetes. Vzhledem k citlivosti na pH dominovaly grampozitivní Firmicutes na mírně kyselých úrovních pH okolo 5,5, zatímco

Bacteroides spp. je překonaly na úrovních pH blízkých neutrálním okolo 6,7. Prudce snížené koncentrace kyslíku v tlustém střevě umožňují vysokou zátěž anaerobů, jako jsou *Bacteroides* spp., *Clostridia* a další rody v rámci Clostridium (včetně *Ruminococcus*, *Butyrivibrio*, *Fusobacterium*, *Eubacterium* a *Peptostreptococcus*) Mikrobiota schopná degradovat komplexní sacharidy, včetně Bacteroidetes a některých čeledí Firmicutes (Veillonellaceae, Lachnospiraceae a Ruminococcaceae) je v tlustém střevě bohatě zastoupená a intenzita mikrobiální fermentace je zde vysoká, což je indikováno více než 5násobným zvýšením produkce SCFA oproti tenkému střevu. Po celé délce TT byly mezi kyčelníkem a tlustým střevem nalezeny velké rozdíly u Bacteroidetes, Firmicutes a Proteobacteria. Na úrovni čeledí bylo v tlustém střevě nalezeno více Prevotellaceae, a méně Enterobacteriaceae, Campylobacteraceae, Helicobacteraceae a Desulfovibrionaceae, oproti kyčelníkové části. Metabolity detekované v TT prasat jako primární žlučové kyseliny, taurin a glycin a konjugované žlučové kyseliny, pozitivně korelovaly s výskytem Lactobacillaceae, Enterobacteriaceae, Clostridiaceae, Peptostreptococcaceae, zatímco sekundární žlučové kyseliny, acetát, propionát, butyrát a valerát pozitivně korelovaly s Prevotellaceae, Acidaminococcaceae, Ruminococcaceae, Lachnospiraceae, Desulfovibrionaceae, Veillonellaceae (Zhang et al. 2018).

Z trávicího traktu domácích prasat nebo selat byly též izolovány specifické bifidobakterie: *B. longum* ssp. *suis*, *B. choerinum*, *B. psychroaerophilum*, *B. pseudolongum* ssp. *pseudolongum*, *B. thermacidophilum* ssp. *porcinum*, *B. thermophilum* a *B. boum* (Bunesova et al. 2014).

3.3.4 Králíci

Ve střevní mikrobiotě králíků nacházíme mikrobiální zástupce patřící do různých říší: prokaryotní bakterie i archea, a eukaryotna, jako protozoa, houby a řasy. Bakterie jsou dominují kvantitou i počtem zástupců různých taxonů (Cotozzolo et al. 2020). U králíků je hojná bakteriální komunita přítomná v celém slepém střevě a v tvrdém a měkkém trusu (10^{10} - 10^{12} /g), zatímco archeální populace se odhaduje na 10^7 (dle kopií genu pro 16S rRNA, viz 3.2.2 Charakterizace bakterií mléčného kvašení) na gram obsahu slepého střeva. Pokud jde o eukaryota, zdá se, že trávicí ekosystém slepého střeva králíka postrádá anaerobní houby a prvoky, o přítomnosti kvasinek (*Cyniclomyces guttulatus*) ve slepém střevě se diskutuje (Combes et al. 2013). Nejhojnějším je kmen Firmicutes, jehož zástupci představovaly přibližně 40 % střevní mikrobioty, kromě žaludku, kde představoval 68 % složení mikrobioty. Druhým nejpočetnějším kmenem byly Bacteroidetes v tlustém střevě a v žaludku. Naopak v tenkém střevě převažovaly Euryarchaeota. Dalšími identifikovanými bakteriemi byly Verrucomicrobia ve slepém střevu, Patescibacteria a Actinobacteria s výskytem v lačníku (Cotozzolo et al. 2020). Bifidobakterie byly izolovány ze vzorků králíčího trusu, jednalo se o druhově specifické *B. magnum*, *B. cuniculi* a *B. saeculare* (Bunesova et al. 2014).

3.3.5 Drůbež

Ptáci ve svých útrokách, podobně jako ostatní obratlovci hostí rozmanité MO s dominantními kmeny Firmicutes a Proteobacteria, a dále Actinobacteria, Bacteroidetes, Fusobacteria a Campilobacterota (Wang et al. 2022).

Ve studii Wang et al. (2022) týkající se mikrobioty u různých druhů ptáků, uvádějí, že dominantními bakteriálními rody byly *Escherichia-Shigella*, *Turicibacter*, laktobacily a klostridie. Mezi ekologickými typy ptačích hostitelů byly rozdíly. Např. relativní početnost *Escherichia* a *Shigella* byla nejvyšší u vodních ptáků a nejnižší u suchozemských ptáků. Relativní početnost laktobacilů byla nejnižší u suchozemských ptáků, kde byla zjištěna naopak nejvyšší početnost klostridií. Relativní početnost *Turicibacter* byla nejvyšší u vodních ptáků. V porovnání suchozemských ptáků a vodních se zjistilo, že průměrná relativní četnost Proteobacteria u suchozemských ptáků byla výrazně nižší než u vodních ptáků. U vrubozobých průměrná relativní početnost Campilobacterota byla významně vyšší než u suchozemských. Firmicutes a Bacteroidota jsou hlavními bakteriálními skupinami hrabavých.

Literární zdroje uvádějí, že v kuřecím TT se nachází více než 900 druhů bakterií (Apajalahti et al. 2004). K osídlování střeva drůbeže dochází již v prvních hodinách po vylihnutí. Nejprve převládají grampozitivní bakterie (streptokoky, laktobacily), později se objevují i gramnegativní anaerobní mikroorganismy (Rada & Havlík 2010). Několik studií u kuřat (*Gallus gallus domestica*) ukázalo, že laktobacily jsou hlavní bakteriální skupinou v celém tenkém střevě (dvanáctník, lačnick a kyčelník), zatímco *Clostridium* spp. a *Bacteroides* spp. jsou dominantní ve slepém střevě (Kim et al. 2023). Také většina bakterií ve svalnatém žaludku jsou laktobacily, enterokoky, laktóza-negativní enterobakterie a koliformní bakterie. Nejnižší hustota bakterií z tenkého střeva je ve dvanáctníku, kvůli krátké době průchodu a zředění tráveniny sekretovanou žlučí. Bakteriální komunitu ve dvanáctníku tvoří především klostridie, streptokoky, enterobakterie a laktobacily (Shang et al. 2018). Podobná bakteriální společenstva byla nalezena ve voleti a svalnatém žaludku. Shodně zde byly objeveny dominantní laktobacily. Mezi další hojně druhy patřily *Clostridiaceae*, *Enterococcus* a v případě volete také unikátní bifidobakterie a *Enterobacteriaceae* (Deusch et al. 2015). V celém střevě kuřat se nacházely bifidobakterie jako: *B. pullorum* a *B. gallinarum* (Bunesova et al. 2014). U brojlerů je od třetího dne života v celém traktu přítomno také velká a stabilní populace laktobacilů. Mikrobiota slepého střeva je složena ze striktních anaerobů a nejčastěji izolovanými bakteriemi byly anaerobové, jako rody *Eubacterium*, *Clostridium*, *Fusobacterium*, *Bacteroides*, *Bifidobacterium*, *Peptostreptococcus* a *Lactobacillus* (Bomba et al. 2006). Nicméně se ukázalo, že navzdory různým fázím vývoje střevní komunity v kyčelníku, byly zde nejdominantnější laktobacily (Lu et al. 2003). Jejich počty byly vyšší ve voleti, proventrikulu, žaludku, dvanáctníku, lačnicku, kyčelníku a rektu oproti stavu ve slepém střevu. Nejvyšší diverzita laktobacilů byla zaznamenána ve voleti. Zde byly dominantními druhy *Limosilactobacillus reuteri*, *Lactobacillus johnsonii* a *Lactobacillus acidophilus*, méně početným pak byl *Lacticaseibacillus paracasei*. Ve voleti, proventrikulu, žaludku, slepém střevu a rektu měl nejvyšší zastoupení *Limosilactobacillus reuteri*, ve dvanáctníku, lačnicku a kyčelníku *Ligilactobacillus aviarius*. Lze tedy vyvodit, že horní trakt je více osídlen laktobacily než dolní. Obecně se má za to, že laktobacily dominují v přední části tenkého střeva, ve voleti, a v prostředí epitelových buněk dvanáctníku a lačnicku (Wang et al. 2014).

Největší počet identifikovaných organismů v krutím TT patřil do kmene Firmicutes. Jejich množství bylo větší v distální části traktu, oproti proximálnímu. Zástupci Lactobacillaceae a Peptostreptococcaceae byly nejčastějšími bakteriálními čeledmi nalezenými v lačnicku. Ve slepém střevu mezi dominantní MO patřily zástupci čeledí Lachnospiraceae a Ruminococcaceae. Klostridie a Oscillospiraceae byly významnější

v distálním než v proximálním úseku traktu, kde bylo více Erysipelotrichaceae, Aerococcaceae a Staphylococcaceae. MO patřící do kmene Bacteroidota tvořily jen malé procento celkového složení ve srovnání s Firmicutes. V lačníku je tvořily především Bacteroidaceae, zatímco v slepém střevu převažovaly Rikenellaceae. Bakterie z kmene Proteobacteria byly zastoupeny především čeledí Enterobacteriaceae a nacházely se více v proximálním traktu než v distálním. Aktinobakterie, zastoupené hlavně čeledí Corynebacteriaceae, byly nalezeny v lačníku (Rzeznitzcek et al. 2022).

3.3.6 Běžci

V TT ptáků žije méně obligátních anaerobů a více fakultativních anaerobů než v TT savců, ale nelétaví ptáci mají více obligátních anaerobů než létaví ptáci v poměru ke střevním mikrobiálním společenstvům. Velcí nelétaví ptáci navíc hostí homogennější mikrobiomy než např. menší pěvci. Pštros i emu patří samozřejmě mezi první zmiňovanou skupinu (Kim et al. 2023).

V mikrobiomu slepého střeva emu bylo zjištěno více genů MO, než obsahovaly segmenty tenkého střeva, které se podílejí na ochranné nebo imunitní odpovědi na střevní patogeny. Mikrobiální trávení a fermentace probíhá převážně v lačníku a slepém střevu. Podobně jako u většiny ptačích druhů převládaly ve střevní mikrobiotě emu Firmicutes a Proteobacteria, s nižším zastoupením Bacteroidetes a Actinobacteria (Kim et al. 2023). Song et al. (2020) zjistili u pštrosů nejmenší množství proteobakterií, v porovnání s létajícími savci a ptáky. Proteobakterie u emu tvořily na úrovni kmene přibližně 30 % mikrobioty a byly rovnoměrně rozloženy mezi jednotlivé střevní segmenty. Firmicutes dominují ve slepém střevu převážně býložravého pštrosa *Struthio camelus*. Firmicuta zde hrají klíčovou roli při rozkladu vlákniny na TMK, které poskytují hostitelům energii. Firmicutes byly u emu nejdominantnější v lačníku, o dominanci se dělily s Proteobacteria v dvanáctníku a kyčelníku. Díky Firmicutes jsou emu schopni strávit až 45 % vlákniny v potravě. U emu naopak ve slepém střevu převažují Bacteroidetes. Bacteroidetes obecně produkují, jako konečný produkt fermentace butyrát, u kterého se předpokládají protinádorové účinky, a hraje tak roli při udržování zdravého střeva. Vysoký výskyt Bacteroidetes se nachází také v slepém střevu zmiňovaného pštrosa *Struthio camelus*, což může podporovat hypotézu, že Bacteroidetes hrají specifickou roli při rozkladu celulózy a dalších rostlinných materiálů. Analýzy ukázaly, že detoxikaci rostlinného materiálu a chemických látek z prostředí zřejmě provádí mikrobiota tenkého střeva, zejména ta v lačníku (Kim et al. 2023).

Aktinobakterie, zejména bifidobakterie, se podílejí na biodegradaci rezistentních sacharidů rostlinného původu, přičemž aktinobakterie jsou v kyčelníku emu z celého TT nejhojnější (Kim et al. 2023).

3.3.7 Ryby

Zdá se, že střevní mikrobiota ryb je nezanedbatelně závislá na okolním prostředí a mění se v závislosti na změnách v TT, vlastnostech vody a zatížení mikrobiálních společenstev v prostředí. Zatímco mikrobiální komunita se mění s životní fází a stanovištěm, u mnoha druhů se během prvních 50 dnů života vytvoří relativně stabilní střevní společenství. Bylo také

zjištěno, že zástupci BMK nejsou zásadními složkami střevní mikrobioty sladkovodních i mořských ryb (Uma et al. 2020).

U jednotlivých rybích reprezentantů se setkáváme s různorodostí v zastoupení MO v jejich TT. Celkově je např. střevní mikrobiota kapra obecného rozmanitá, ale převládají v ní čtyři kmeny: Proteobacteria, Bacteroidetes, Fusobacteria a Firmicutes (Chang et al. 2023). Složení střevních mikrobiomů sladkovodních ryb se liší v důsledku rozdílných podmínek prostředí, v němž žijí. Ve střevech sladkovodních druhů ryb nacházíme zástupce bakteriálních rodů *Acinetobacter*, *Aeromonas*, *Flavobacterium*, *Lactococcus*, *Pseudomonas*, obligátní anaeroby (*Bacteroides*, *Clostridium* a *Fusobacterium*) a příslušníky čeledi Enterobacteriaceae. Omezený počet bakteriálních taxonů nalezených ve střevech některých druhů ryb může svědčit nejen o nízké diverzitě těchto bakterií, ale může být způsoben i nedostatečnými znalostmi o nich. V útrokách mořských ryb dominují *Alcaligenes*, *Alteromonas*, *Aeromonas*, *Flavobacterium*, *Carnobacterium*, *Moraxella*, *Micrococcus*, *Pseudomonas* a *Vibrio*. Analýzy střevní mikrobioty rybích larev a potěru 24 mořských i sladkovodních ryb ukázal, že nejčastěji zjištěnými bakteriemi byly *Vibrio*, *Pseudomonas*, *Cytophaga*, *Flavobacterium* a čeleď Enterobacteriaceae (Uma et al. 2020).

BMK (např. *Lactococcus raffinolactis*) byly detekovány u sladkovodních ryb, konkrétně u druhů *Hypophthalmichthys molitrix*, *Cyprinus carpio*, *Ictalurus punctatus* či *Carassius cuvieri*. U kapra obecného (*Cyprinus carpio*) a sumce (*Ictalurus punctatus*) nalezeny *Bacteroides*, s potenciálem produkovat vitamin B12 a bakterie rezistentní k vankomycinu (*Cetobacterium somerae*). Dále se v analyzovaných TT vyskytovaly *Aeromonas*, Bacteroidaceae a *Clostridium* produkující amylázu, která hraje důležitou roli při trávení škrobu (Uma et al. 2020).

3.3.8 Včely, čmeláci

Střevo evropských včel medonosných (*Apis mellifera*), má různorodou mikrobiotu a je známo, že je obsazeno přibližně 70 % gramnegativních bakterií, 27 % grampozitivních bakterií a 1 % kvasinkami (Tootiaie et al. 2021). Bakterie v TT včel tedy viditelně početně převažují a jejich počet u dospělého jedince činí zhruba 10^9 bakteriálních buněk (Engel & Moran 2013). V komunitě střevní mikrobioty *A. mellifera* se vyskytuje několik bakteriálních druhů, které jsou specifické pro včely a jsou přenášeny prostřednictvím sociálních interakcí mezi jednotlivci. Podle dostupných informací existuje ve střevě včel pět hlavních bakteriálních skupin: 1) skupiny gramnegativních bakterií (např. *Snodgrassella alvi*, *Gilliamella apicola*), 2) kmene Proteobacteria a grampozitivních Firmicutes (*Lactobacillus*), 3) kmen Actinobacteria (např. *Bifidobacterium asteroides*), 4) malý počet druhů Proteobacteria (např. *Frischella perrara*, *Bartonella apis*, *Parasaccharibacter apiu*) a 5) zástupci Gluconobacter (Kwong & Moran 2016). Trávicí trakt dospělých včel je osídlen spíše anaerobními bakteriemi, byly zde nalezeny koliformní bakterie, enterokoky, stafylokoky, *Bacillus* sp., *Pseudomonas* sp., mikroskopické houby a kvasinky (Kacániová et al. 2009).

Hojně byly ve střevech včel stanoveny druhy BMK, které jsou považovány za velmi důležité pro zdraví hostitelů. Některé tyto druhy mají potenciál být využity jako probiotika (Tootiaie et al. 2021). Tyto kmeny BMK jsou specifické pro včely a jsou schopny produkovat bioaktivní sloučeniny, které synergicky působí jako širokospektrální antimikrobiální látky proti

několika patogenům (*Serratia marcescens*, *Eschericia coli*, methicilin-rezistentní *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella aerogenes*, *Salmonella typhi*, *Pseudomonas* spp., *Klebsiella* spp., *Proteus* spp., *S. aureus* a *Bacillus subtilis*) (Niode et al. 2020). Typické střevo dospělých včel je často kolonizováno probiotickými laktobacily, a bakteriemi rodů *Bifidobacterium* a *Bacillus* (Rada et al. 1997), konkrétními zástupci BMK jsou např. *Apilactobacillus kunkeei*, *Fructobacillus fructosus*, *Lactobacillus johnsonii*, *Enterococcus faecium* a rod *Micrococcus* (Niode et al. 2020).

V kyčelníku včel byly zjištěny druhy *Snodgrassella alvi* a *Frischella perrara* které, aktivují vrozený imunitní systém, dále *Gilliamella apicola* degradující pektin a *Bartonella apis* podporující odolnost vůči chorobám. V konečnicku byly bedle laktobacilů, degradujících pektin, identifikovány také bifidobakterie (viz *B. asteroides*, výše), které mohou prostřednictvím glykosidázy a pektinesterázy rozkládat pyl, bakterie rodu *Gluconobacter* a druh *Parasaccharibacter apium* (Tootiaie et al. 2021). Dominantním bakteriálním druhem u italských včel byl *Apilactobacillus kunkeei* hojný na jaře a v létě, ale v zimě zde téměř chyběl. *Apilactobacillus kunkeei*, *Lactiplantibacillus plantarum* a *Lactobacillus apis* byly nalezeny ze střevního traktu asijské včely *A. florea*, která pocházela z různých oblastí Íránu. Ze střeva *A. nigrocincta* z Indonésie byly izolovány rody *Enterococcus*, *Fructobacillus*, *Lactobacillus*, *Lactococcus*, *Leuconostoc*, *Vagococcus* a *Bifidobacterium* (Niode et al. 2020). U rodu *Bifidobacterium* konkrétně *B. asteroides* a *B. coryneforme*. Druh *B. indicum* byl nalezen v TT včel *A. cerana* a *A. dorsata* z Filipín a Malajsie. Druhy *B. bombi*, *B. actinocoloniiforme* a *B. bohemicum* byly izolovány ze střeva čmeláků. U včel medonosných, kde se počet bifidobakterií pohyboval od 2 do 8 % z celkového počtu bakterií, se zdá, že nejčastějším druhem je *B. indicum* (Bunesova et al. 2014).

Jednou z bioaktivních složek v BMK, která je izolována ze střeva včely medonosné, je AMP, velmi důležitá součást imunitního systému, která je také vhodnou alternativou k současné léčbě antibiotiky nebo prevenci mikrobiálních infekcí (Niode et al. 2020). Dle Forsgren (2010) vykazovaly některé izoláty bifidobakterií antagonistickou aktivitu vůči *Paenibacillus larvae*. Kromě toho byly některé izoláty bifidobakterií ze střevního traktu japonských včel schopny inhibovat růst *Melissococcus plutonius in vitro*, což naznačuje, že tyto izoláty jsou potenciálně vhodné pro použití jako probiotika ve včelařství. BMK disponují potenciálními zdroji antibakteriálních látek, které jsou účinné proti patogenním gramnegativním a grampozitivním bakteriím (Kenfack et al. 2018).

3.3.9 Jedlý hmyz

Mezi mikroorganismy žijící ve střevech hmyzu obecně mohou patřit bakterie, archea, houby a protista. Tato bakteriální společenstva se velmi liší co do velikosti, složení, umístění a funkcí ve střevě. Zhruba 10^9 bakteriálních buněk se vyskytuje v TT u dospělého cvrčka domácího (*Acheta domestica*), zatímco TT dospělé kobylky (*Melanoplus sanguinipes*) obsahuje pouze asi 10^6 bakterií. Nejvyšší poměr celkové střevní mikrobiální biomasy k hmotnosti hostitele mají někteří detritivoři a dřevokazní brouci, včetně termitů, cvrčků, švábů. Rozmanitost společenstev je vyšší ve střevech hmyzu, jako jsou někteří brouci a termiti, kteří se živí dřevem nebo detritem. Jinak se zdá, že na úrovni řádu hmyzu existuje jen málo širokých

taxonomických vzorců, ačkoli některé skupiny mají specifické vazby na určité druhy bakterií (Engel & Moran 2013).

Přímo ve střevech hmyzu se běžně vyskytuje celá řada bakteriálních kmenů, včetně Gamaproteobakterií, Alfaproteobakterií, Betaproteobakterií, Bacteroidetes a Firmicutes, se zástupci laktobacilů, *Actinomycetes*, *Spirochetes*, *Verrucomicrobia*, *Actinobacteria* a rodů *Bacillus*, *Clostridium* a dalších (Engel & Moran 2013).

Mikrobiom hmyzu zahrnuje bakterie, viry a houby nacházející se v žaludku, ale i v jiných částech jejich těla. V celém těle tzv. jedlého hmyzu (nejen v TT) byly identifikovány bakteriální druhy rodů *Staphylococcus*, *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Micrococcus*, *Erwinia*, *Clostridium*, *Acinetobacter*, *Streptococcus*, laktobacily a také příslušníci čeledi Enterobacteriaceae. Některé druhy těchto rodů jsou patogenní, byly zde zjištěny druhy rodů *Campylobacter* a *Salmonella*. Intenzivní kontakt hmyzu se zvířaty i člověkem zvyšuje možnost přenosu těchto patogenů. Nalezené patogenní MO v hmyzu jsou vzhledem k fylogenetickým rozdílům považovány za neškodné pro zvířata i člověka, při předpokladu dodržení správných hygienických zásad při chovu, sběru, zpracování a skladování hmyzu (Papastavropoulou et al. 2023).

Studie, která srovnávala složení mikrobioty vně i uvnitř cvrčků a odhalila celkem 35 bakteriálních čeledí a 35 rodů. Porovnávání bylo cvrčci *Acheta domesticus* a *Gryllus assimilis*. Nejrozšířenějším kmenem bakterií u obou cvrčků byl Bacteroidetes. Kmen Proteobacteria byl dále dominantní u cvrčků domácích (*A. domesticus*) zatímco kmen Verrucomicrobia byl hojnější u cvrčků jamajských (*G. assimilis*). Kmen Firmicutes byl nacházen u obou cvrčků v podobné četnosti. Z třídy Bacteroidia dominovali zástupci čeledi Porphyromonadaceae. Následovaly čeledi Bacteroidaceae a Rikenellaceae. Porphyromonadaceae byly zastoupeny bakteriemi rodů *Parabacteroides*, *Dysgomonas* a *Paludibactergenera*. Rody *Lactococcus*, *Candidatus*, *Azobacteroides* a *Coprococcus* se objevily s nízkou frekvencí u cvrčků jamajských (*G. assimilis*). Rody *Enterococcus*, *Akkermansia* a *Acinetobacter* byly řídky zastoupeny v TT cvrčků domácích (*A. domesticus*) (Aleknavičius et al. 2022).

Z hlediska mikrobiální kolonizace představují vnitřnosti hmyzu často nestabilní prostředí. Hmyz během larválního vývoje mnohokrát odhodí exoskeletální výstelku předního a zadního střeva, a tím značně naruší či eliminuje hostující bakteriální populace. U holometabolního hmyzu dochází při metamorfóze k radikální přestavbě střeva a dalších orgánů. Hmyz ve stádiu dospělce již disponuje TT vhodným pro bakteriální kolonizaci. U hmyzu vyvstává navíc i problém přenosu střevních symbiontů, spočívající ve formě jejich sociálních vazeb. Samičky většinou nakladená vajíčka ihned opouštějí. Potomstvo má tedy omezenější možnost získat své specifické MO (Engel & Moran 2013).

3.4 Potenciální probiotické vlastnosti bakterií mléčného kvašení

3.4.1 Koncept probiotik a prebiotik

Probiotika jsou definována jako živé nepatogenní mikroorganismy (bakterie nebo kvasinky), které při podávání v dostatečném množství přinášejí hostiteli zdraví prospěšné účinky (Mahmoudi et al. 2018).

Hlavními běžnými probiotiky jsou příslušníci skupiny laktobacilů, dnes reklasifikované skupiny 25 rodů (mimo jiné včetně některých kmenů těchto druhů: *Lactobacillus acidophilus*, *Lactobacillus delbrueckii* ssp. *bulgaricus*, *Lactobacillus gasseri*, *Lactobacillus crispatus*, *Lacticaseibacillus rhamnosus*, *Lacticaseibacillus casei*, *Lactiplantibacillus plantarum*, *Limosilactobacillus reuteri*, *Levilactobacillus brevis*, *Ligilactobacillus salivarius* a další. Druhy probiotik založené na laktobacilech užívaných u HZ viz tabulka číslo 2. Dále jsou užívány kmeny jiných bakteriálních rodů, např. *Lactococcus lactis*, *Pediococcus mesenteroides*, *Enterococcus faecium*, *Streptococcus thermophilus*, *Bacillus subtilis*, *Bacillus coagulans*, *Clostridium butyricum*, *Escherichia coli*, a také i některé kmeny kvasinek, např. *Saccharomyces cerevisiae* var. *bouardii* (Fijan 2023). Dalšími rody jsou *Leuconostoc* nebo *Propionibacterium* (Kothari et al. 2019). Nejčastěji používanými druhy bifidobakterií pro použití v krmivech pro zvířata jsou *B. animalis* ssp. *animalis*, *B. animalis* ssp. *lactis*, *B. longum* ssp. *longum*, *B. pseudolongum* ssp. *pseudolongum* a *B. thermophilum* (Bunesova et al. 2014). Běžně se používají bakterie druhu *Lactobacillus* a *Bifidobacterium* (Mahmoudi et al. 2018; Veiga et al. 2020; Shimizu et al. 2021; Zhang et al. 2021), primárně izolované z fermentovaných mléčných výrobků a fekálního mikrobiomu (Veiga et al. 2020). Komerčně dostupná a běžně používaná probiotika u HZ viz tabulka číslo 3.

Tabulka 2 Laktobacily užívané u HZ
(Upraveno dle Deng et al. 2022)

Použití různých druhů <i>Lactobacillus</i> spp. v chovu hospodářských zvířat a drůbeže		
Zvíře	Druh	Efekt při podávání v krmivu
selata	<i>Lactobacillus johnsonii</i> BS15	podpora denního přírůstku a konverze krmiva, zlepšení vývoje střev a trávení
selata	<i>Limosilactobacillus reuteri</i> ; <i>Ligilactobacillus salivarius</i>	optimalizace složení střevních bakterií pro zlepšení růstové výkonnosti odstavených selat
prasata ve výkrmu	<i>Lactiplantibacillus plantarum</i>	zvýšená superoxiddismutáza (tělu vlastní enzym a antioxidant), glutathionperoxidáza (enzym a antioxidant, odstraňuje peroxidy v org.) a kataláza (enzym + antioxidant, rozkládá peroxidy)
telata	<i>Lacticaseibacillus rhamnosus</i> GG	podporuje vývoj bchoru a časný odstav; snižuje obsah aflatoxinu B1 (mykotoxin produkovaný <i>Aspergillus</i> , má genotoxické a karcinogenní účinky) a hydroxylovaného metabolitu aflatoxinu M1 (hlavní metabolit aflatoxinu B1) v TT

jehňata	<i>Lactiplantibacillus plantarum</i> RG14	zvyšuje antioxidační aktivitu a zlepšuje integritu střevní bariéry
dojnice	<i>Lactiplantibacillus plantarum</i> ; <i>Lacticaseibacillus casei</i>	zvyšují produkci mléka a některé funkční složky mléka (IgG- nejčtenější protilátka savců, laktoferin - mléčná bílkovina transportující Fe, lysozym - enzym se silnými antimikrob. účinky, laktoperoxid - enzym fungující jako první obranná linie proti patogenům)
kuřata	<i>Lactobacillus acidophilus</i> D2/CSL	zvětšuje slizniční vrstvu a zlepšuje produkční výkonnost
brojleři	<i>Lactiplantibacillus plantarum</i> 16	zvyšuje expresi interferonu - γ (cytokin/protein stimulující imunitní systém), IL - 6 (prozánětlivý cytokin) a IL - 10 (protizánětlivý cytokin) v ileální sliznici a snižuje expresi alkalické fosfatázy Cox2 (prozánětlivý enzym) a kreatinkinázy (enzym energetického metabolismu buněk)
brojleři	<i>Lactiplantibacillus plantarum</i> JM113	snižuje apoptózu a střevní zánět vyvolaný deoxynivalenolem (mykotoxin produkovaným <i>Fusarium</i>)
kachňata	<i>Lactobacillus kefiranofaciens</i> DN1	inhibuje kolonizaci <i>Salmonella Enteritidis</i>
kapr obecný	<i>Limosilactobacillus reuteri</i> P16	snižuje oxidační stres způsobený expozicí olova a obnovuje aktivitu střevních enzymů
včely	<i>Apilactobacillus kunkeei</i> BR-1	obnovuje antibiotiky vyvolanou nedostatečnou produktivitu včelstev a β diverzitu střevní mikrobioty

Tabulka 3 Komerčně dostupná probiotika používaná u HZ
(Upraveno dle Bogere et al. 2019)

Komerčně dostupná probiotika běžně používaná u hospodářských zvířat	
Složení	Určení pro
<i>Lacticaseibacillus casei</i> , <i>Bacillus subtilis</i> , <i>Saccharomyces cerevisiae</i> , <i>Aspergillus oryzae</i> , <i>Streptomyces grievus</i>	prasata, drůbež, skot
<i>Bacillus subtilis</i> , <i>Bacillus licheniformis</i>	prasata, drůbež, telata, králíci
<i>Bacillus Licheniformis</i> , <i>Bacillus Megaterum</i> , <i>Bacillus Mesentricus</i> , <i>Bacillus polymyxa</i> , <i>Saccharomyces bourslerdii</i> , <i>Bacillus subtilis</i>	prasata, drůbež
<i>Lactobacillus acidophilus</i> , <i>Lacticaseibacillus casei</i> , <i>Bifidobacterium thermophilum</i> , <i>Enterococcus faecium</i>	prasata, telata, koně, drůbež
<i>Bacillus subtilis</i>	sající a odstavená prasata
<i>L. delbrueckii</i> ssp. <i>bulgaricus</i> , <i>L. acidophilus</i> , <i>Lactiplantibacillus plantarum</i> , <i>Lacticaseibacillus rhamnosus</i> , <i>Bifidobacterium bifidum</i> , <i>Enterococcus faecium</i> , <i>Streptococcus thermophilus</i>	většina HZ včetně prasat
<i>Lacticaseibacillus rhamnosus</i> , <i>Companilactobacillus farciminis</i>	prasata
<i>Bifidobacterium longum</i> ssp. <i>infantis</i>	prasata, člověk

Aby byla probiotika úspěšná svými účinky musí mít určité klíčové schopnosti. Mezi ně patří například přežití v kyselých podmínkách žaludku a odolávání enzymům, žluči a žlučovým kyselinám (Sanders et al. 2010), schopnost alespoň dočasné kolonizace povrchu střeva pomocí adherence, absence nežádoucích vlastností jako je mutagenita a karcinogenita (Kadlec et al. 2011), inhibice růstu různých patogenů (např. *Enterococcus faecalis*, *Salmonella enterica* ssp. *enterica* sérotyp *Enteritidis*, *Listeria monocytogenes*, *Staphylococcus aureus* a *E. coli*), ale zároveň je žádoucí podpora růstu jiných prospěšných MO (Zucko et al. 2020). Kromě toho jsou u probiotických bakterií vyžadovány i další vlastnosti, jako např. technologické a senzorické vlastnosti. Např. laktobacily izolované z mléka a mléčných výrobků se široce používají jako zákys v různých potravinářských výrobcích (jogurty, sýry, nápoje, doplňky stravy) (Bernardeau et al. 2008).

Stále více výzkumů přináší informace o tom, že probiotika zmírňují mnoho poruch souvisejících s imunitním systémem, kardiovaskulárním zdravím, rakovinnými metastázemi, depresí, úzkostí, cukrovkou 2. typu a obezitou (Kothari et al. 2019). Probiotické kmeny poskytují hostiteli širokou škálu příznivých účinků, jako je antihypertenzní schopnost, prevence rakoviny, antioxidační účinky, usnadnění vstřebávání minerálů, pokles hladiny cholesterolu v krvi (Ooi & Liong 2010), zmírnění příznaků alergie a snížení kazivosti zubů (Álvarez-Cisneros & Ponce-Alquicira 2018). Také se má za to, že zesilují nespecifickou buněčnou imunitní odpověď prostřednictvím aktivace přirozených zabíječských buněk a makrofágů a uvolňováním různých cytokinů. Mohou také zlepšit imunitní systém střevní sliznice zvýšením počtu IgA (+) buněk. Kromě toho mohou probiotika napomáhat procesu trávení a odbourávání laktózy, zlepšují a podporují syntézu/syntetizují řady vitamínů (thiamin, riboflavin, niacin, kyselina pantotenová, vitamín K). Hrají také důležitou roli při léčbě různých onemocnění, jako je onemocnění jater, průjem a gastroenteritida. Kromě toho se také ukázalo, že mají antiproliferativní, proapoptotické a antioxidační vlastnosti (Nowak et al. 2019).

Mechanismy působení probiotik jsou vysvětlovány zlepšením bariérové funkce a imunity prostřednictvím působení buněčných složek a metabolitů probiotik (Shimizu et al. 2021). Několik druhů rodu *Bacillus* (*B. subtilis*, *B. licheniformis* a *B. cereus* var. *toyoi*) se používá v prasečím průmyslu. Je zajímavé, že tyto organismy obvykle nejsou součástí původní střevní mikrobioty prasat. Jsou to však běžné půdní bakterie, které jsou pravděpodobně přechodnými pasažéry střev většiny venku chovaných prasat (Kenny et al. 2011). Předpokládá se, že aktinobakterie, zejména bifidobakterie se podílejí na přeměně kyseliny linolové (LA) na konjugovanou kyselinu linolovou (CLA), která posiluje imunitní funkce. Bifidobakterie jsou schopny produkovat velké množství acetátu, který je klíčový pro zajištění energie na obnovu epiteliálních buněk střevní bariéry a pro jejich silnou antibakteriální aktivitu (Kim et al. 2023).

Podpora a ovlivnění mikrobioty u mladých zvířat je klíčové, zvláště v období novorozených mláďat a během procesu odstavu (Bunesova et al. 2014). V těchto obdobích je vysoké riziko průjmů a jiných onemocnění. Preventivní aplikace probiotik zde pomáhá tato rizika minimalizovat a zlepšovat tak zdraví zvířat (Bomba et al. 2006). Třeba u prasat by bylo nejúčinnějším způsobem, jak dodat selatům probiotika, jejich dávkování prasnici před porodem a během porodu tak, aby bylo prostředí nasyceno žádoucími organismy v takové formě, aby je selata mohla získat v rámci svého přirozeného vývoje (Kenny et al. 2011).

Zkrmování probiotických bakterií u mladých zvířat prokazatelně snižuje infekce, průjemová onemocnění a úmrtnost, což odpovídá potřebám antibiotické léčby a omezuje vznik a šíření bakterií rezistentních vůči antibiotikům a reziduí antibiotik v mléčných výrobcích, mase a mléce. V EU se u hospodářských zvířat uplatňuje řada mikrobiálních druhů, včetně druhů *Lactobacillus*, *Bacillus*, *Pediococcus*, *Enterococcus* a *Saccharomyces*. V poslední době jsou často využívány bifidobakterie pro mladá hospodářská zvířata, jako jsou selata a telata. Výsledkem je zlepšení přírůstku tělesné hmotnosti a konverze krmiva, snížení výskytu průjmů a lepší zdravotní stav. Pozitivní účinek probiotik byl zjištěn také u drůbeže (Bunesova et al. 2014). Bylo zaznamenáno, že ošetření prasnic a jejich vrhů krmivem doplněným o *B. cereus* var. *toyo* snížilo přenos patogenních kmenů *E. coli* a vedlo ke změně absolutního počtu a rozložení imunitních buněk u selat (Scharek et al. 2007). Běžně používané MO jako probiotika ve výživě prasat viz tabulka číslo 4 a malých přežvýkavců viz tabulka číslo 5.

Tabulka 4 Používané MO jako probiotika ve výživě prasat
(Upraveno dle Bogere et al. 2019)

Mikroorganismy běžně používané jako probiotika ve výživě prasat		
ROD	POPIS	DRUH
<i>Bacillus</i>	Všudypřítomné v prostředí, tvoří endospory a dostatečně odolné, aby přežily v různých potravinách ve srovnání s jinými probiotickými druhy.	<i>B. subtilis</i> , <i>B. licheniformis</i> , <i>B. cereus</i>
<i>Bifidobacterium</i>	Grampozitivní, anaerobní, všudypřítomní obyvatelé úst, TT a pochvy savců. Vzhledem k tomu, že jsou sacharolytické povahy, produkují kyselinu octovou a mléčnou bez produkce CO ₂ s výjimkou rozkladu glukonátu.	<i>B. longum</i> , <i>B. animalis</i> , <i>B. lactis</i>
<i>Enterococcus</i>	Vyskytuje se v TT savců a na kůži. Patří do skupiny BMK. Má antagonistické vlastnosti vůči patog. bakteriím, proto se používá jako probiotikum.	<i>Enterococcus faecium</i>
<i>Lactobacillus</i>	Grampozitivní, produkují kyselinu mléčnou jako konečný produkt fermentace sacharidů. Má velký počet druhů zařazených do kategorie obecně považovaných za bezpečné.	<i>Lactiplantibacillus plantarum</i> , <i>Limosilactobacillus fermentum</i> , <i>Lacticaseibacillus casei</i> , <i>L. acidophilus</i> , <i>Levilactobacillus brevis</i> , <i>Ligilactobacillus salivarius</i> , <i>Limosilactobacillus reuteri</i>
Probiotická <i>Escherichia coli</i>	V přírodě nepatogenní, komenzální izolát <i>E. coli</i> a tvoří základ pro výrobu probiotik. Používá se při léčbě střevních poruch.	<i>Escherichia coli</i>
<i>Saccharomyces</i>	Nejběžnější symbiotická kvasinka osídluje dýchací cesty, TT a vaginální sliznici. Označují se také jako pivovarské kvasinky. Mezi probiotické vlastnosti kvasinek patří	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> var. <i>boulardii</i> , <i>Saccharomyces cerevisiae</i>

	antagonizace jiných MO, jako jsou plísně a bakterie.	
--	--	--

Tabulka 5 Probiotika využívaná u malých přežvýkavců
(Upraveno dle Zhang et al. 2021)

Probiotika používaná u malých přežvýkavců	
Rod	Druh
<i>Bacillus</i>	<i>B. licheniformis</i> , <i>B. toyoi</i> , <i>B. natto</i> , <i>B. cereus</i> , <i>B. mesentericus</i>
<i>Bifidobacterium</i>	<i>B. bifidum</i> , <i>B. breve</i> , <i>B. thermophilum</i> , <i>B. lactis</i> , <i>B. longum</i> , <i>B. pseudolongum</i>
<i>Enterococcus</i>	<i>E. faecium</i> , <i>E. faecalis</i>
<i>Escherichia</i>	<i>E. coli</i> (avirulentní kmeny)
<i>Faecalibacterium</i>	<i>F. prausnitzii</i>
<i>Lactobacillus</i>	<i>Levilactobacillus brevis</i> , <i>Lacticaseibacillus casei</i> , <i>Companilactobacillus farciminis</i> , <i>Limosilactobacillus reuteri</i> , <i>Lactocaseibacillus rhamnosus</i> , <i>Lactiplantibacillus plantarum</i> , <i>Limosilactobacillus fermentum</i> , <i>L. helveticus</i> , <i>L. acidophilus</i> , <i>L. delbrueckii</i> , <i>L. amylovorus</i> , <i>L. gallinarum</i> , <i>Ligilactobacillus salivarius</i>
<i>Lactococcus</i>	<i>L. lactis</i>
<i>Leuconostoc</i>	<i>L. mesenteroides</i> , <i>L. citreum</i> , <i>L. lactis</i>
<i>Pediococcus</i>	<i>P. pentosaceus</i>
<i>Ruminococcus</i>	<i>R. flavefaciens</i>
<i>Streptococcus</i>	<i>S. thermophilus</i>
<i>Kluyveromyces</i>	<i>K. marxianus</i> , <i>K. fragilis</i>
<i>Saccharomyces</i>	<i>S. cerevisiae</i> , <i>S. pastorianus</i> , <i>S. boulardii</i>
<i>Aspergillus</i>	<i>A. oryzae</i> , <i>A. niger</i>

Schopnost bakterií přilnout ke střevní sliznici je kritickou vlastností nezbytnou pro dlouhodobou kolonizaci střevního traktu. Tato schopnost může být vysoce citlivá na přítomnost prebiotik. Již dříve se prokázalo, že přítomnost prebiotik může snížit adhezenci v několika pre- a probiotických kombinacích (Krausova et al. 2021). Konkurence o receptory na střevní stěně je jedním z mechanismů, které zprostředkovává inhibiční účinek probiotických mikroorganismů na adhezii patogenů na stěnu střevní sliznice. Na základě této skutečnosti lze předpokládat, že zvýšení počtu probiotických mikroorganismů osídlujících střevní epitel bude zvyšovat jejich probiotický účinek (Bomba et al. 2006). Adherence probiotických bakterií je nejčastěji vyjadřována jako procento bakterií adherovaných, vzhledem k počátečnímu množství bakterií přidávaných, např. k Caco-2 buňkám (Kadlec et al. 2011).

Adherence bakterií ke střevnímu povrchu může být realizována specifickým nebo nespecifickým způsobem. K první variantě dochází díky speciálním vazbám mezi bílkovinou bakteriálního povrchu (lektin) a oligosacharidům na povrchu tkání. Druhá varianta pak využívá hydrofobní interakce se střevním povrchem. Co se týče vlivu na zdraví hostitele, platí tu přímá úměra. Čím vyšší schopnost adherence má kmen bakterie, tím větší vliv má. Adherence tedy slouží jako selekční ukazatel pro splnění probiotických účinků (Kadlec et al. 2011).

Celková adheze mikroorganismů může být ovlivněna různými faktory prostředí: pH, teplota, dostupnost kyslíku, povrchovými složkami bakterií (kyselina lipoteichoová, proteiny, peptidoglykany, polysacharidy). Také přítomnost oligosacharidů jako prebiotik může kvalitu adherence ovlivnit a to pozitivně i negativně (Servin & Coconnier 2003; Cao et al. 2019). Například Volstatova et al. (2016) zjistila důležitost proteinu glycerinaldehyd-3-fosfát dehydrogenázy (GAPDH), který byl umístěný na povrchu *Limosilactobacillus reuteri* ZJ617 a hraje roli v adhezi ke střevnímu povrchu.

Stanovení adherence MO metodou *in vivo* je obtížné, proto byly vyvinuty modely studií *in vitro*. Ty jsou prováděny na různých substrátech simulujících povrch střeva. Nejčastěji jsou v těchto studiích používány humánní epiteliální buněčné linie HT-29 a Caco-2 (Kadlec et al. 2011).

Vedle termínu probiotikum, označujícím živé MO, pracujeme také s označením prebiotika. Ta jsou v současnosti definována jako nestravitelné složky potravy, které příznivě ovlivňují hostitele tím, že selektivně stimulují růst a/nebo aktivitu jedné nebo omezeného počtu bakterií v příslušném místě (Shimizu et al. 2021).

Obecně a jednoduše jsou prebiotika kategorizována jako: 1) oligosacharidy, 2) polyoly (cukerné alkoholy), 3) rozpustná vláknina (Mohanty et al. 2018). Řadí se mezi ně ale i ostatní nestravitelné sacharidy, včetně polysacharidů (rezistentní škrob, pektin a dextrin) a oligosacharidy, jako jsou fruktooligosacharidy, galaktooligosacharidy, xylooligosacharidy, isomaltoligosacharidy, mannanoligosacharidy, arabinoxylanoligosacharidy, inulin (Oniszczuk et al. 2021), laktulóza, sójové oligosacharidy (rafinóza a stachyóza), glukooligosacharidy. Nicméně oligosacharidy, jako je inulin, oligofruktóza a rezistentní škrob, jsou hlavními typy prebiotik používaných v potravinách (Cruz et al. 2010). Uvažuje se také o několika nově vznikajících nebo kandidátních prebiotikách, jako je polydextróza, celobióza, melibióza a isomaltulóza (Celebioglu et al. 2017). Momentálně na trhu ale dominují primárně využívané galaktany a fruktany (inulin) (Cardona et al. 2013).

Oligosacharidy představují hlavní zdroj fermentovatelných cukrů jako potrava pro mikrobiotu přítomnou ve střevě (Celebioglu et al. 2017). Měly by být tedy selektivně využity bakteriemi považovanými za prospěšné a v důsledku jejich fermentace tak probíhají další střevní aktivity jako vznik TMK, snížení míry kolonizace patogeny a dalších jiných zdravotních přínosů (Ricke et al. 2020). Ačkoli tedy nestravitelná vláknina nepřispívá metabolizovatelnou energií přímo, její objemové vlastnosti podporují přímo ovlivňují střevní motilitu, buněčnou regeneraci, svalový tonus a pomáhají regulovat složení mikrobioty. Pro zdravou intestinální funkci je tedy nestravitelná vláknina nezbytná (Smith 2020). Prebiotika tak představují látky nejvíce používané k udržení normální střevní mikrobioty a obnovení její rovnováhy při ovlivnění homeostázy (Oniszczuk et al. 2021).

Mnoho vedlejších produktů ze zpracování ovoce, zeleniny a obilí obsahuje potenciální prebiotika, jako je pektin z pomerančové kůry, arabinoxylany z lihovarského a pivovarnického odpadu (Cunningham et al. 2021). Lze je také získat z jiných zdrojů, např.: sójové boby, surový oves a med. Nejoblíbenějšími prebiotiky jsou rostlinné oligosacharidy (Oniszczuk et al. 2021).

Aby byly tyto látky brány jako prebiotika, musí splňovat určitá nezbytná specifika: 1) nesmí být hydrolyzovány ani absorbovány v horní části TT; 2) musí sloužit jako selektivní zdroj živin, který podporuje růst a/nebo metabolickou aktivitu členů mikrobiálního společenství TT,

kteře lze považovat za prospěšné; 3) vyvolávat lumenální nebo jiné systémové fyziologické reakce, které jsou určitým způsobem prospěšné pro hostitele (Gibson & Roberfroid 1995).

Některé studie ukázaly, že přidání fruktooligosacharidů (FOS) významně inhibovalo adhezi *Salmonella* a *Escherichia coli* na střevní epitel (Uyeno et al. 2015). Malmuthuge et al. (2015) uvedli, že suplementace galaktooligosacharidy u novorozených telat zvýšila kolonizaci *Bifidobacterium* a *Lactobacillus* v tlustém střevě (Zhang et al. 2021). Podobně i u kuřat bylo prokázáno, že použití prebiotik jako modulátorů stravy má pozitivní účinky na některé bakteriální taxony v tlustém střevě. Například fruktooligosacharidy (FOS) a galaktooligosacharidy (GOS) zvýšily populaci *Bifidobacterium* a *Lactobacillus* (Shang et al. 2018).

Kombinací účinků fermentovatelných substrátů (prebiotik) a živých mikroorganismů (probiotik) vznikají směsi známé jako synbiotika. Synbiotika mohou mít komplementární nebo synergickou povahu. Komplementární synbiotika se skládají z kombinace akceptovaného prebiotika a probiotika, protože jejich mechanismy účinku mohou být na sobě nezávislé a prebiotika i probiotika musí mít své vlastní prokázané zdravotní přínosy. Alternativně synergická synbiotika obsahují fermentovatelný substrát pro společně podávaný živý mikroorganismus, kde substrát a MO mohou nebo nemusí být schopny vyvolat zdravotní přínos nezávisle na sobě. V tomto případě jednotlivé složky nemusí být nutně potvrzenými probiotiky nebo probiotiky, musí však mít v kombinaci prokázaný zdravotní přínos (Swanson et al. 2020). Pozoruhodné je, že prebiotika by neměla být široce metabolizována střevní mikrobiotou, ale naopak by měla selektivně stimulovat růst zdravých prospěšných mikroorganismů (Gibson et al. 2017).

3.4.2 Bakterie mléčného kvašení a jejich potenciální probiotické vlastnosti

Nejpodrobněji studovanou skupinou organismů z BMK je v tomto ohledu rod *Lactobacillus* (Kenny et al. 2011). Zejména ty, se staly od druhé poloviny dvacátého století obecně používanými probiotickými MO. U hospodářských zvířat by probiotika měla zlepšovat jejich zdravotní stav, příp. jejich užitkovost. Např. již Fuller (1997) konkrétně zmiňuje větší odolnost proti infekčním onemocněním, zvýšení růstových vlastností, lepší konverzi krmiv, vstřebávání živin a trávení potravy a dále také zvýšení produkce a kvality mléka, vajec i jatečně opracovaného masa. Kromě laktobacilů jsou i běžně používanými probiotiky přidružené bifidobakterie, která mohou kolonizovat a přilnout ke střevní sliznici novorozenců, aby konkurovaly patogenním bakteriím, snížily výskyt průjmů a zvýšily přírůstek hmotnosti malých přežvýkavců (Zhang et al. 2021). Bylo prokázáno, že *Lactobacillus* a *Bifidobacterium*, mají preventivní účinky u mnoha druhů onemocnění, včetně průjmu vyvolaného antibiotiky, akutního průjmu a nekrotizující enterokolitidy (Shimizu et al. 2021). Z hovězího mléka bylo izolováno 12 bakterií mléčného kvašení, které mají vysoký probiotický potenciál, a tudíž splňují předpoklady pro probiotické použití (antimikrobiální aktivita, hydrofobicita a schopnost autoagregace). Osm izolátů bylo *Lactiplantibacillus plantarum* a čtyři *Limosilactobacillus fermentum* (Mahmoudi et al. 2018).

V současné době je známé velké množství kmenů laktobacilů a dalších tradičně využívaných zástupců BMK s prokázanými antimikrobiálními vlastnostmi. Probiotickým BMK se připisuje také produkce cytokinů (zmíněných v kapitole probiotika), která souvisí

s jejich působením ve střevní lymfatické tkáni. To ovlivňuje imunitu hostitele, chrání jej před infekcemi způsobenými patogeny a potlačuje alergické příznaky (Fijan 2023). Mezi další sekundární metabolity s vlastnostmi podporujícími zdraví navíc patří antihypertenzní angiotenzin, konvertující enzym produkovaný prostřednictvím proteolytického systému *Lactobacillus helveticus*, *Lactobacillus acidophilus* a *Lactobacillus delbrueckii* (Álvarez-Cisneros & Ponce-Alquicira 2018).

Vážnou hrozbou pro hostitele, kde mohou BMK pozitivně působit, jsou také metabolická onemocnění uvedená v kapitole probiotika. BMK jsou silnými regulátory v prostředí TT, a mají tak perspektivu v prevenci metabolických onemocnění, konkrétní účinky a mechanismy je ovšem nutné dále studovat. Zdá se ale, že BMK hostiteli prospívají při léčbě takových metabolických onemocnění jako již zmíněné obezita a diabetes mellitus 2. typu (Li et al. 2021).

Jak již víme, BMK a bifidobakterie jsou typické produkcí mastných kyselin s krátkým řetězcem (SCFA), např. butyrátu, propionátu a acetátu. Četné studie např. informují o pozitivní roli SCFA v léčbě chronických žilních onemocnění (CVD - chronic venous disease). Bylo prokázáno, že dieta s vysokým obsahem vlákniny a suplementace acetátem je schopna změnit složení střevní mikrobioty, což může u hypertenzních myši směřovat k prevenci hypertenze a srdečního selhání. Koncentrace SCFA jsou nižší u jedinců s aterosklerotickým vaskulárním onemocněním nebo hypertenzí. SCFA mají pravděpodobně příznivý účinek na tvorbu aterosklerotického plátu zlepšením funkce střevní bariéry (Oniszczuk et al. 2021).

Studie ukázaly, že kyselina mléčná, produkovaná BMK, může chelátovat ionty kovů a měnit propustnost buněčné membrány grampozitivních bakterií, čímž poskytuje konkrétní probiotický účinek (Servin 2004). Kyselina mléčná také snížením pH střevního traktu přispívá k inhibici bakterií *Escherichia coli* a *Clostridium* spp. Kmen *Lacticaseibacillus rhamnosus* GG, díky akumulaci kyseliny mléčné, vykazuje silnou antibakteriální aktivitu vůči *Salmonella typhimurium* (De Keersmaecker et al. 2006). Přímé antimikrobiální účinky organických kyselin produkovaných BMK mohou být důsledkem působení těchto kyselin na cytoplazmatickou membránu bakterií, které narušuje udržování membránového potenciálu a inhibuje aktivní transport. Může být zprostředkován jak jejich disociovanou, tak nedisociovanou formou. Antimikrobiální aktivita jednotlivých kyselin při dané molární koncentraci není stejná. Kyselina octová je účinnější než kyselina mléčná a může inhibovat nejenom bakterie, ale také kvasinky a plísně, kyselina propionová inhibuje bakterie a plísně (Caplice & Fitzgerald 1999).

Bylo prokázáno, že kyselina mléčná snižuje prozánětlivou sekreci cytokinů TLR aktivovaných makrofágů a dendritických buněk odvozených z kostní dřeně v závislosti na dávce. Laktát také mění redoxní stav snížením zátěže reaktivními formami kyslíku ve střevních enterocytech. Pokud se tedy kyselina mléčná či jiné SCFA dostanou do tenkého střeva, mohou tyto buněčné produkty představovat pro příjemce velký zdravotní přínos (Marco et al. 2017). Podle Kenny et al. (2011) zmírňovala aplikace různých BMK řadu onemocnění TT, např. různé typy zánětlivých střevních onemocnění.

Tvorba dalších produktů vznikajících BMK během fermentace, je obvykle kmenově závislá. Vitamíny skupiny B, jako např. riboflavin (B2) a kobalamin (B12), jsou syntetizovány z různých nevitaminových prekurzorů některými bakteriálními kmeny v rostlinné potravě a mléku. Aminokyseliny a jejich deriváty s neurotransmitterovou (např. kyselina gama-aminomáselná) a imunomodulační funkcí jsou rovněž syntetizovány během fermentace. Kromě toho mohou některé vylučované bílkoviny a exopolysacharidy vznikající při fermentaci

potravin sloužit jako antioxidanty, zabránovat adhezi patogenů na střevní sliznici nebo propůjčovat imunostimulační či hypocholesterolemické účinky (Marco et al. 2017).

BMK mohou dále také produkovat peroxid vodíku (H_2O_2), důležitou antibakteriální sloučeninu. Za aerobních podmínek produkují BMK peroxid vodíku (H_2O_2) působením favoproteinoxidázy, nikotinamid adenindinukleotid (NADH) oxidázy a superoxiddismutázy. H_2O_2 může aktivovat peroxidasethokyanátový reakční systém v tlustém střevě živočichů a inhibovat gramnegativní bakterie a kataláza pozitivní bakterie, jako jsou patogenní bakterie rodu *Pseudomonas*, *Salmonella* a *E. coli*. Protože BMK nedisponují katalázou, může koncentrace produkovaného H_2O_2 v prostředí růst, což zvyšuje jeho antibakteriální účinnost, a BMK tak mají konkurenční výhodu oproti jiným bakteriím. Produkce a akumulace H_2O_2 v tomto procesu však závisí na hmotnostní koncentraci kyslíku v prostředí a na vlastnostech a teplotě prostředí (Deng et al. 2022).

Velmi zajímavá je také produkce bakteriocinů již zmíněná v kapitole 3.2. Bakteriociny představují třídu antibakteriálních látek, mikrobiálních proteinů, charakteristických úzkým spektrem účinnosti. Ve veterinární medicíně bakteriociny zlepšují produkční parametry a jsou částečnou náhradou antibiotik, používaných dříve jako stimulanty růstu (Hernández-González et al. 2021). BMK produkují různé bakteriociny, např. laktacin B, laktocin 27 a helveticin J. Tyto látky jsou tepelně stabilní s vysokým izoelektrickým bodem. Mohou vyvolat permeabilizaci buněčné membrány jiných, např. i patogenních bakterií, a způsobit tak únik intracelulárního materiálu s následným baktericidním účinkem (Langa et al. 2017; Ołdak & Zielińska 2017). Bakteriociny, jako např. nisin, laktacin, enterocin či kolicin, jsou další peptidy se silnou schopností inhibovat patogenní bakterie (Fijan 2023).

BMK jako probiotika mají velký význam pro zdravý chov zvířat a rozvoj ekologického zemědělství (Deng et al. 2022). Bylo zjištěno, že kombinace konkrétních kmenů BMK *Limosilactobacillus reuteri* a *Ligilactobacillus salivarius*, které byly podávány selatům před odstavením a po něm, pozitivně ovlivnily stav odstavených selat (Yang et al. 2020). Zajímavé jsou i pozitivní účinky vyvolané podáním bachorové tekutiny čerstvě narozeným jehňatům. Podle autorů tak byla podpořena kolonizace mikroorganismů v bachoru a tlustém střevě, současně se snadnějším přechodem mláďat z mléka na pevné krmivo při odstavení (Zhang et al. 2021).

Chov selat je základem odvětví chovu prasat. Charakteristické znaky špatné trávicí funkce selat, nestabilní střevní mikrobiota a náchylnost k infekci jsou typické zvláště pro selata po odstavení. BMK zde zlepšují strukturu střevní mikrobioty, střevní imunitu a trávení, a v důsledku toho jsou často používány ve výživě odstavených selat viz kapitola 3.4.2 (Yeung et al. 2013).

BMK se používají jako probiotika také v akvakultuře. Olovo z půdy a atmosféry znečišťuje vodní plochy, což má nepříznivý vliv na vodní živočichy. Studie zkoumala ochranný účinek *Limosilactobacillus reuteri* P16 na toxicitu expozice olova u kaprů. Aplikace tohoto bakteriálního kmene vedla ke snížení oxidačního stresu způsobeného expozicí olova a zmírnila změny složení střevního společenství (Giri et al. 2018).

BMK jsou považovány za bezpečnou alternativní terapeutickou strategii i v chovech včel. Pozitivně ovlivňují jejich zdravotní stav při různých onemocněních, včetně moru včelího plodu způsobeného bakteriemi *Paenibacillus larvae*, či *Melissococcus pluton*. Bylo ověřeno,

že organické kyseliny produkované *Lactobacillus johnsonii* inhibují růst *Nosema ceranae* (Tootiaie et al. 2021).

Velmi zajímavým objevem bylo zjištění, že suplementace jedním či více kmeny BMK zlepšila steroidogenezi, gametogenezi a plodnost omezením invaze patogenních bakterií a zvýšením množství protizánětlivých látek, imunologických reakcí a reprodukčních hormonů u zvířat (Nur Mahendra et al. 2022). Bylo např. pozorováno, že aplikace kmenů laktobacilů zvýšila funkci samčích reprodukčních orgánů a uvolňování hormonu testosteronu. Při použití kmene *Limosilactobacillus reuteri* ATCC 6475 pozorovali Poutahidis et al., 2014 zvýšení objemu, průměru jádra a plochy intersticiálních Leydigových buněk, což vedlo ke zvýšení hladiny testosteronu.

Probiotické kmeny by měly být vybírány také s ohledem na jejich schopnost kolonizovat TT hostitele a měly by být selektovány s ohledem na fyziologii hostitele (Yeoman & White 2014). Schopnosti kolonizovat TT je ovšem v úzké vazbě na virulenci mikroorganismů, tedy jejich schopnost odolávat mechanismům hostitelovy imunity. Rozeznáváme různé virulenní faktory, jedním takovým důležitým virulenním faktorem je ovšem právě také schopnost adherence buněk, tvorba biofilmu a extracelulární matrix (Kašparová & Mařátková 2019).

Celosvětovým problémem, dříve relativně opomíjeným, je rezistence vůči antibiotikům. Jedná se o přenos genů bakterií mezi lidmi, zvířaty a životním prostředím Přestože tok bakterií i genů omezují četné bariéry, patogeny opakovaně získávají nové faktory rezistence od jiných druhů, čímž se snižuje možnost účinně reagovat na bakteriální infekce a léčit je. Evoluční události, které vedou ke vzniku nových faktorů rezistence u patogenů, jsou vzácné a je těžké je předvídat. Mohou ale přinášet rozsáhlé důsledky (Larsson & Flach 2022).

Karakonstantis et al. (2020) označuje antimikrobiální rezistenci (AMR) za jednu z největších hrozeb pro lidstvo. Jako AMR je označována schopnost mikroorganismů přežít resp. se množit v přítomnosti látky, která jim obvykle v růstu brání či je usmrtí a existuje reálné riziko, že šíření skutečně neléčitelných infekcí znemožní poskytování zdravotní péče, jak ji v současné době známe, včetně např. operací. Stále častěji jsou popisovány mikroorganismy rezistentní vůči všem známým lékům, které byly identifikovány na všech kontinentech .

Rostoucí světová populace má za následek zvýšenou poptávku po potravinách, kde se antimikrobiální látky jako jsou antibiotika, stále často používají k prevenci a léčbě infekcí u zvířat určených k produkci potravin (Álvarez-Cisneros & Ponce-Alquicira 2018). Zatímco v mnoha západních zemích nyní již existuje zákaz jejich používání jako doplňkových látek v krmivech, v zemích se středními příjmy je aplikace antimikrobiálních látek u hospodářských zvířat běžná (Cunningham et al. 2021). V rozvojových zemích se nepovolené látky, včetně velkého množství antibiotik, používají masivně. To je spojováno s výskytem četných kmenů BMK, např. bakterií rodu *Enterococcus* a laktobacilů, rezistentních vůči antibiotikům, konkrétně např. u drůbeže v Indii. Populace bakterií ze střeva zvířat vystavených působení antibiotik (tetracyklin, penicilin, sulfonamidy, polymyxiny) byly pětikrát častěji rezistentní. Rezistentní MO se mohou přenést z kontaminovaných krmiv, vody nebo z okolního prostředí. Různé postupy, jako je přiměřená vakcinace zvířat a používání doplňkových látek, které podporují zdraví a účinnost konverze krmiva, by v kombinaci s dobrými hygienickými a chovatelskými postupy snížily potřebu aplikovat nevhodné antimikrobiální látky a antibiotika pro produkci potravin (Álvarez-Cisneros & Ponce-Alquicira 2018). Někteří autoři prokázali, že používání antibiotik u zvířat určených ke konzumaci, ať už jako stimulátorů růstu nebo

inhibitorů patogenů, přímo souvisí s přítomností rezistentních bakterií v jejich TT. Gad et al. (2014) izolovali některé kmeny laktobacilů a rodů *Streptococcus* a *Lactococcus* z prostředí probiotických mléčných výrobků, kde testy zachytily geny, které vykazovaly profily rezistence srovnatelné s profily rezistence patogenů, jako jsou *Staphylococcus* spp., *Escherichia coli* a *Salmonella* spp. Gilliver et al. (1999) uvádějí, že populace volně žijících živočichů z prostředí v těsné blízkosti člověka vykazují vyšší úroveň rezistence. Plných 95 % bakteriálních izolátů z hlodavců odchytených na anglickém venkově bylo rezistentních vůči různým antibiotikům.

Rezistence k antibiotikům může být vrozená, tj. charakteristická pro všechny izoláty daného druhu, nebo získaná. Mezi příklady vrozené rezistence k antibiotikům patří rezistence gramnegativních bakterií k vankomycinu, daptomycinu a linezolidu či rezistence grampozitivních bakterií vůči kolistinu a aztreonamu. K získané rezistenci dochází, když přirozeně vnímavé bakterie získají geny kódující mechanismus rezistence. K tomu může dojít mutací nebo přenosem genetického materiálu z jiných bakterií (Edwards, MacGowan, Macnaughton 2021).

Po zákazu používání antibiotik v krmivech pro zvířata, který byl v EU zaveden v lednu 2006 právě kvůli pozorovanému výskytu bakterií rezistentních vůči antibiotikům, spolu s rostoucími požadavky spotřebitelů na bezpečné a zdravé potraviny živočišného původu, byly navrženy a vyzkoušeny nové strategie. Také proto se v posledních letech jako alternativa k antibiotikům dostalo do popředí zájmu zemědělců i výzkumníků právě možnost využití probiotik (Bogere et al. 2019). Zařazování alternativních doplňkových látek do krmiv, které mají nahradit antibiotika, se zdá být obecným trendem budoucího vývoje v oblasti chovu hospodářských zvířat a drůbeže (Yirga 2015; Zimmermann et al. 2016) a právě aplikace BMK se zde zdá být zajímavou náhradou antibiotik (Yang et al. 2020).

BMK jsou ovšem považovány za přirozeně rezistentní k několika antibiotikům a mohou mít potenciál získat rezistenci k jiným antimikrobiálním látkám nebo šířit rezistenci směrem k patogenům přítomným v TT zvířat i lidí. Přenos bakterií rezistentních vůči antibiotikům mezi zvířaty, potravinami a lidmi navíc může významně usnadnit potravinový řetězec. Např. fermentované mléčné a masné výrobky jsou nejčastějším prostředníkem přenosu bakterií rezistentních vůči antibiotikům do původní mikrobioty TT, protože tyto výrobky bývají standardně konzumovány bez tepelné úpravy. U BMK se nejčastěji setkáváme s geny nesoucími rezistenci k tetracyklinu [tet(M)] a eritromycinu [erm(B)]. Vzhledem k širokému spektru potenciálních aplikací BMK v průmyslu a ve zdravotnictví lidí a zvířat je zde třeba detailní studium (Álvarez-Cisneros & Ponce-Alquicira 2018). Podle (FAO & WHO 2002) je důležité zjistit, zda startovací nebo probiotické kultury určené ke konzumaci lidmi nebo zvířaty nesou mobilními geny ATB rezistence, které by se mohly přenášet na jiné MO.

4 Závěr

- Cílem této bakalářské práce bylo shrnout základní informace o aktuálním stavu poznání bakterií mléčného kvašení a jejich výskytu v trávicím traktu hospodářských zvířat, a s tím spojený jejich potenciální probiotický přínos pro hostitele.
- Zástupci bakterií mléčného kvašení nepochybně disponují mnoha pozitivními vlastnostmi pro své hostitele.
- Velmi aktuální je otázka přenosu antibiotické rezistence a pohled na adhezenční schopnost bakterií v trávicím traktu hostitelů.

5 Literatura

- 166/1999 Sb. Veterinární zákon. 1999. Available from <https://www.zakonyprolidi.cz/cs/1999-166?text=veterin%C3%A1rn%C3%AD+z%C3%A1kon> (accessed April 28, 2024).
- 449/2001 Sb. Zákon o myslivosti. 2001. Available from <https://www.zakonyprolidi.cz/cs/2001-449?text=mysliveck%C3%BD+z%C3%A1kon> (accessed April 28, 2024).
- Al Jassim RAM, Scott PT, Trebbin AL, Trott D, Pollitt CC. 2005. The genetic diversity of lactic acid producing bacteria in the equine gastrointestinal tract. *FEMS Microbiology Letters* **248**:75–81. Oxford Academic.
- Aleknavičius D, Lukša J, Strazdaitė-žielienė Ž, Servienė E. 2022. The Bacterial Microbiota of Edible Insects *Acheta domesticus* and *Gryllus assimilis* Revealed by High Content Analysis. *Foods* **11**:1–17.
- Álvarez-Cisneros YM, Ponce-Alquicira E. 2018. Antibiotic Resistance in Lactic Acid Bacteria. *Antimicrobial Resistance - A Global Threat*:53–73. IntechOpen.
- Apajalahti J, Kettunen A, Graham H. 2004. Characteristics of the gastrointestinal microbial communities, with special reference to the chicken. *World's Poultry Science Journal* **60**:223–232. Cambridge University Press (CUP).
- Ayivi RD, Gyawali R, Krastanov A, Aljaloud SO, Worku M, Tahergorabi R, Silva RC da, Ibrahim SA. 2020. Lactic Acid Bacteria: Food Safety and Human Health Applications. *Dairy* **1**:202–232.
- Bamidele TA, Odumosu BT, Shittu OB, Adeniyi BA, Ogunshe AO. 2022. A review of the implications of Lactic Acid Bacteria and Bifidobacteria in human and animal diseases. *African Journal of Clinical and Experimental Microbiology* **23**:27–33. African Journals Online (AJOL).
- Bergman EN. 1990. Energy contributions of volatile fatty acids from the gastrointestinal tract in various species. *Physiological reviews* **70**:567–590. *Physiol Rev*.
- Bernardeau M, Vernoux JP, Henri-Dubernet S, Guéguen M. 2008. Safety assessment of dairy microorganisms: the *Lactobacillus* genus. *International journal of food microbiology* **126**:278–285. *Int J Food Microbiol*.
- Bezuidenhout AJ, Van Aswegen G. 1990. A light microscopic and immunocytochemical study of the gastrointestinal tract of the ostrich (*Struthio camelus* L.). *The Onderstepoort Journal of Veterinary Research* **57**:37–48.
- Blas E, Gidenne T, Blas C, Wiseman J. 2020. Digestion of sugars and starch. *Nutrition of the rabbit*:19–38. CABI Publishing.
- Bogere P, Choi YJ, Heo J. 2019. Probiotics as alternatives to antibiotics in treating post-weaning diarrhoea in pigs: Review paper. *South African Journal of Animal Science* **49**:403–416. South African Bureau for Scientific Publications.
- Bomba A, Jonecová Z, Gancarčíková S, Nemcová R. 2006. The gastrointestinal microbiota of farm animals. *Gastrointestinal Microbiology*. CRC Press.
- Brewer NR, Cruise LJ. 1994. *Physiology. The Biology of the Laboratory Rabbit*, 2nd edition. Academic Press.
- Bunesova V, Vlkova E, Rada V, Killer J, Musilova S. 2014. Bifidobacteria from the gastrointestinal tract of animals: differences and similarities. *Beneficial microbes* **5**:377–388. *Benef Microbes*.

- Burnstock G. 1959. The Morphology of the Gut of the Brown Trout (*Salmo trutta*). *Journal of Cell Science* **100**:183–198. The Company of Biologists.
- Cao P, Wu L, Wu Z, Pan D, Zeng X, Guo Y, Lian L. 2019. Effects of oligosaccharides on the fermentation properties of *Lactobacillus plantarum*. *Journal of dairy science* **102**:2863–2872. *J Dairy Sci*.
- Caplice E, Fitzgerald GF. 1999. Food fermentations: role of microorganisms in food production and preservation. *International Journal of Food Microbiology* **50**:131–149. Elsevier.
- Carabaño R, Piquer J, Menoyo D, Badiola I. 2010. The digestive system of the rabbit. *Nutrition of the Rabbit: 2nd Edition*:1–18. CABI Publishing.
- Cardona F, Andrés-Lacueva C, Tulipani S, Tinahones FJ, Queipo-Ortuño MI. 2013. Benefits of polyphenols on gut microbiota and implications in human health. *The Journal of Nutritional Biochemistry* **24**:1415–1422. Elsevier.
- Castillo-González AR, Burrola-Barraza ME, Domínguez-Viveros J, Chávez-Martínez A. 2014. Rumen microorganisms and fermentation. *Archivos de Medicina Veterinaria* **46**:349–361. Universidad Austral de Chile.
- Celebioglu HU, Olesen SV, Prehn K, Lahtinen SJ, Brix S, Abou Hachem M, Svensson B. 2017. Mucin- and carbohydrate-stimulated adhesion and subproteome changes of the probiotic bacterium *Lactobacillus acidophilus* NCFM. *Journal of Proteomics* **163**:102–110. Elsevier.
- Celi P, Cowieson AJ, Fru-Nji F, Steinert RE, Kluentner AM, Verlhac V. 2017. Gastrointestinal functionality in animal nutrition and health: New opportunities for sustainable animal production. *Animal Feed Science and Technology* **234**:88–100.
- Chang S, Wang J, Dong C, Jiang Y. 2023. Intestinal microbiota signatures of common carp (*Cyprinus carpio*) after the infection of *Aeromonas hydrophila*. *Aquaculture Reports* **30**:1–7. Elsevier.
- Chaucheyras-Durand F, Durand H. 2010. Probiotics in animal nutrition and health. *Beneficial microbes* **1**:3–9. *Benef Microbes*.
- Combes S, Fortun-Lamothe L, Cauquil L, Gidenne T. 2013. Engineering the rabbit digestive ecosystem to improve digestive health and efficacy. *Animal* **7**:1429–1439. *Animal*.
- Cooper RG, Mahroze KM. 2004. Anatomy and physiology of the gastro-intestinal tract and growth curves of the ostrich (*Struthio camelus*). *Animal Science Journal* **75**:491–498.
- Costa MC, Silva G, Ramos R V., Staempfli HR, Arroyo LG, Kim P, Weese JS. 2015. Characterization and comparison of the bacterial microbiota in different gastrointestinal tract compartments in horses. *Veterinary Journal* **205**:1–23.
- Cotozzolo E et al. 2020. Characterization of bacterial microbiota composition along the gastrointestinal tract in rabbits. *Animals* **11**:1–16.
- Cruz AG, Cadena RS, Walter EHM, Mortazavian AM, Granato D, Faria JAF, Bolini HMA. 2010. Sensory Analysis: Relevance for Prebiotic, Probiotic, and Synbiotic Product Development. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety* **9**:358–373. John Wiley & Sons, Ltd.
- Cunha TJ. 1991. Horse feeding and nutrition. Academic Press Inc, San Diego, California.
- Cunningham M et al. 2021. Shaping the Future of Probiotics and Prebiotics. *Trends in microbiology* **29**:667–685. *Trends Microbiol*.

- Dallas DC, Citerne F, Tian T, Silva VLM, Kalanetra KM, Frese SA, Robinson RC, Mills DA, Barile D. 2016. Peptidomic analysis reveals proteolytic activity of kefir microorganisms on bovine milk proteins. *Food Chemistry* **197**:273–284. Elsevier.
- Danzeisen JL, Kim HB, Isaacson RE, Tu ZJ, Johnson TJ. 2011. Modulations of the chicken cecal microbiome and metagenome in response to anticoccidial and growth promoter treatment. *PloS one* **6**:1–14. Public Library of Science.
- De Keersmaecker SCJ, Verhoeven TLA, Desair J, Marchal K, Vanderleyden J, Nagy I. 2006. Strong antimicrobial activity of *Lactobacillus rhamnosus* GG against *Salmonella typhimurium* is due to accumulation of lactic acid. *FEMS microbiology letters* **259**:89–96. *FEMS Microbiol Lett*.
- Deeming DC. 1999. *The Ostrich-Biology, Production and Health*. CABI Publishing.
- Deng Z, Hou K, Zhao J, Wang H. 2022. The Probiotic Properties of Lactic Acid Bacteria and Their Applications in Animal Husbandry. *Current Microbiology* **79**:1–11.
- Deusch S, Tilocca B, Camarinha-Silva A, Seifert J. 2015. News in livestock research - Use of Omics-technologies to study the microbiota in the gastrointestinal tract of farm animals. *Computational and Structural Biotechnology Journal* **13**:55–63.
- Dicks LMT, Botha M, Dicks E, Botes M. 2014. The equine gastro-intestinal tract: An overview of the microbiota, disease and treatment. *Livestock Science* **160**:69–81. Elsevier.
- Dou S et al. 2017. Characterisation of Early-Life Fecal Microbiota in Susceptible and Healthy Pigs to Post-Weaning Diarrhoea. *PLOS ONE* **12**:e0169851.
- Driscoll CA, Macdonald DW, O'Brien SJ. 2009. From wild animals to domestic pets, an evolutionary view of domestication. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **106**:9971–9978.
- Edwards F, MacGowan A, Macnaughton E. 2021. Antibiotic resistance. *Medicine (United Kingdom)* **49**:632–637.
- Edwards JE, Schennink A, Burden F, Long S, van Doorn DA, Pellikaan WF, Dijkstra J, Saccenti E, Smidt H. 2020. Domesticated equine species and their derived hybrids differ in their fecal microbiota. *Animal Microbiome* **2**:1–13. BioMed Central.
- Engel P, Moran NA. 2013. The gut microbiota of insects - diversity in structure and function. *FEMS microbiology reviews* **37**:699–735. *FEMS Microbiol Rev*.
- Ericsson AC, Johnson PJ, Lopes MA, Perry SC, Lanter HR. 2016. A Microbiological Map of the Healthy Equine Gastrointestinal Tract. *PLOS ONE* **11**:1–17. Public Library of Science.
- FAO, WHO. 2002. *Probiotics in food-Guidelines for the Evaluation of Probiotics in Food* FAO FOOD AND NUTRITION PAPER. Ontario, Canada.
- Fassarella M, Blaak EE, Penders J, Nauta A, Smidt H, Zoetendal EG. 2021. Gut microbiome stability and resilience: elucidating the response to perturbations in order to modulate gut health. *Gut* **70**:595–605. *Gut*.
- Fijan S. 2023. *Probiotics and Their Antimicrobial Effect*. Microorganisms **11**:1–4. Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI).
- Flint HJ, Bayer EA, Rincon MT, Lamed R, White BA. 2008. Polysaccharide utilization by gut bacteria: potential for new insights from genomic analysis. *Nature reviews. Microbiology* **6**:121–131. *Nat Rev Microbiol*.
- Forsgren E. 2010. European foulbrood in honey bees. *Journal of Invertebrate Pathology* **103**:S5–S9.

- Fuller R. 1997. Probiotics for farm animals. Probiotics: A critical review. Horizon Scientific Press, Wymondham.
- Gad GFM, Abdel-Hamid AM, Farag ZSH. 2014. Antibiotic resistance in lactic acid bacteria isolated from some pharmaceutical and dairy products. *Brazilian journal of microbiology* **45**:25–33. *Braz J Microbiol*.
- Gaskins HR, Collier CT, Anderson DB. 2002. Antibiotics as growth promotants: mode of action. *Animal Biotechnology* **13**:29–42.
- Gibson GR et al. 2017. Expert consensus document: The International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics (ISAPP) consensus statement on the definition and scope of prebiotics. *Nature reviews. Gastroenterology & hepatology* **14**:491–502. *Nat Rev Gastroenterol Hepatol*.
- Gibson GR, Roberfroid MB. 1995. Dietary modulation of the human colonic microbiota: introducing the concept of prebiotics. *The Journal of nutrition* **125**:1401–1412. *J Nutr*.
- Gilliver MA, Bennett M, Begon M, Hazel SM, Hart CA. 1999. Antibiotic resistance found in wild rodents. *Nature* 1999 401:6750 **401**:233–234. Nature Publishing Group.
- Giri SS, Yun S, Jun JW, Kim HJ, Kim SG, Kang JW, Kim SW, Han SJ, Sukumaran V, Park SC. 2018. Therapeutic effect of intestinal autochthonous *Lactobacillus reuteri* P16 against waterborne lead toxicity in *Cyprinus carpio*. *Frontiers in Immunology* **9**:1–13. *Frontiers Media S.A.*
- Hernández-González JC, Martínez-Tapia A, Lazcano-Hernández G, García-Pérez BE, Castrejón-Jiménez NS. 2021. Bacteriocins from lactic acid bacteria. A powerful alternative as antimicrobials, probiotics, and immunomodulators in veterinary medicine. *Animals* **11**:1–17.
- Hu X, Wei Y, Zhang T, Wang X, Xu Y, Zhang W, Zheng Y. 2022. Gastrointestinal Biogeography of Luminal Microbiota and Short-Chain Fatty Acids in Sika Deer (*Cervus nippon*). *Applied and Environmental Microbiology* **88**:1–17. American Society for Microbiology.
- Huang SW, Zhang HY, Marshall S, Jackson TA. 2010. The scarab gut: A potential bioreactor for bio-fuel production. *Insect Science* **17**:175–183.
- Iwamoto H, Matsubara T, Okamoto T, Matsumoto T, Yoshikawa M, Takeda Y. 2019. Ingestion of casein hydrolysate induces oral tolerance and suppresses subsequent epicutaneous sensitization and development of anaphylaxis reaction to casein in mice. *International Archives of Allergy and Immunology* **179**:221–230. S. Karger AG.
- James JDPhD. 2012, January 6. Understanding Waterfowl: Duck Digestion | Ducks Unlimited. Available from <https://www.ducks.org/conservation/waterfowl-research-science/understanding-waterfowl-duck-digestion> (accessed January 28, 2024).
- Jami E, Israel A, Kotser A, Mizrahi I. 2013. Exploring the bovine rumen bacterial community from birth to adulthood. *The ISME Journal* 2013 7:6 **7**:1069–1079. Nature Publishing Group.
- Jerbi H, Rejeb A, Erdoğan S, Pérez W. 2014. Anatomical and morphometric study of gastrointestinal tract of donkey (*Equus africanus asinus*). *Journal of Morphological Sciences* **31**:18–22. Brazilian Society of Anatomy.

- Jha R, Berrocso JFD. 2016. Dietary fiber and protein fermentation in the intestine of swine and their interactive effects on gut health and on the environment: A review. *Animal Feed Science and Technology* **212**:18–26. Elsevier.
- Kacániová M, Pavlicová S, Hascík P, Kociubinski G, Kňázovická V, Sudzina M, Sudzinová J, Fikselová M. 2009. Microbial communities in bees, pollen and honey from Slovakia. *Acta Microbiologica et Immunologica Hungarica* **56**:285–295. Akademiai Kiado ZRt.
- Kadlec R, Křížová L, Halová D. 2011. IN VITRO modely adherence probiotik-přehled. *Mlékařské listy-Věda, výzkum* **124**:1–3.
- Karakonstantis S, Kritsotakis EI, Gikas A. 2020. Pandrug-resistant Gram-negative bacteria: a systematic review of current epidemiology, prognosis and treatment options. *The Journal of antimicrobial chemotherapy* **75**:271–282. *J Antimicrob Chemother.*
- Kardong KV, PhD, Zalisko EJ. 2012. *Vertebrates: Comparative anatomy, function, evolution, sixth edition, 6th edition.* McGraw-Hill, Washington State University.
- Kašparová P, Maťátková O. 2019. Možnosti studia virulence patogenních mikroorganismů. Pages 30–33 in Maťátková O, editors. *Kvasná chemie a bioinženýrství. Vysoká škola chemicko-technologická v Praze, Praha.*
- Kenfack CHM, Ngoufack FZ, Kaktcham PM, Wang YR, Zhu T, Yin L. 2018. Safety and Antioxidant Properties of Five Probiotic *Lactobacillus plantarum* Strains Isolated from the Digestive Tract of Honey Bees. *American Journal of Microbiological Research* **6**:1–8. Science and Education Publishing.
- Kenny M, Smidt H, Mengheri E, Miller B. 2011. Probiotics-do they have a role in the pig industry? *Animal* **5**:462–470. *Animal.*
- Kim JE, Tun HM, Bennett DC, Leung FC, Cheng KM. 2023. Microbial diversity and metabolic function in duodenum, jejunum and ileum of emu (*Dromaius novaehollandiae*). *Scientific Reports* **13**:1–18. Nature Publishing Group.
- Kong Y, Teather R, Forster R. 2010. Composition, spatial distribution, and diversity of the bacterial communities in the rumen of cows fed different forages. *FEMS microbiology ecology* **74**:612–622. *FEMS Microbiol Ecol.*
- Kothari D, Patel S, Kim SK. 2019. Probiotic supplements might not be universally-effective and safe: A review. *Biomedicine & pharmacotherapy = Biomedecine & pharmacotherapie* **111**:537–547. *Biomed Pharmacother.*
- Krausova G, Hynstova I, Svejstil R, Mrvikova I, Kadlec R. 2021. Identification of Synbiotics Conducive to Probiotics Adherence to Intestinal Mucosa Using an In Vitro Caco-2 and HT29-MTX Cell Model. *Processes* **9**:1–14.
- Kwong WK, Moran NA. 2016. Gut microbial communities of social bees. *Nature reviews. Microbiology* **14**:374–384. *Nat Rev Microbiol.*
- Lan GQ, Ho YW, Abdullah N. 2002. *Mitsuokella jalaludinii* sp. nov., from the rumens of cattle in Malaysia. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* **52**:713–718. *Int J Syst Evol Microbiol.*
- Langa S, Arqués JL, Medina M, Landete JM. 2017. Coproduction of colicin V and lactic acid bacteria bacteriocins in lactococci and enterococci strains of biotechnological interest. *Journal of applied microbiology* **122**:1159–1167. *J Appl Microbiol.*
- Larsson DGJ, Flach CF. 2022. Antibiotic resistance in the environment. *Nature Reviews Microbiology* **20**:257–269.

- Lee IK, Kye YC, Kim G, Kim HW, Gu MJ, Umboh J, Maaruf K, Kim SW, Yun CH. 2016. Stress, Nutrition, and Intestinal Immune Responses in Pigs - A Review. *Asian-Australasian journal of animal sciences* **29**:1075–1082. *Asian-Australas J Anim Sci*.
- Leser TD, Amenuvor JZ, Jensen TK, Lindecrona RH, Boye M, Møøller K. 2002. Culture-independent analysis of gut bacteria: the pig gastrointestinal tract microbiota revisited. *Applied and environmental microbiology* **68**:673–690. *Appl Environ Microbiol*.
- Li HY, Zhou DD, Gan RY, Huang SY, Zhao CN, Shang A, Xu XY, Li H Bin. 2021. Effects and mechanisms of probiotics, prebiotics, synbiotics, and postbiotics on metabolic diseases targeting gut microbiota: A narrative review. *Nutrients* **13**:1–22.
- Li X, Hu S, Wang W, Tang B, Zheng C, Hu J, Hu B, Li L, Liu H, Wang J. 2022. Effects of cage versus floor rearing system on goose intestinal histomorphology and cecal microbial composition. *Poultry science* **101**:1–9. *Poult Sci*.
- Liao SF, Nyachoti M. 2017. Using probiotics to improve swine gut health and nutrient utilization. *Animal Nutrition* **3**:331–343. Elsevier.
- 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. *Applied and Environmental Microbiology* **69**:6816–6824.
- Ma T, Suzuki Y, Guan LL. 2018. Dissect the mode of action of probiotics in affecting host-microbial interactions and immunity in food producing animals. *Veterinary immunology and immunopathology* **205**:35–48. *Vet Immunol Immunopathol*.
- Mahmoudi I, Moussa O Ben, El Moulouk Khaldi T, Le Roux Y, Hassouna M. 2018. Characterization of Lactobacillus Strains Isolated from Bovine Raw Milk for Probiotic and Technological Properties. *Advances in Microbiology* **08**:719–733. Scientific Research Publishing, Inc.
- Malmuthuge N, Griebel PJ, Guan LL. 2015. The gut microbiome and its potential role in the development and function of newborn calf gastrointestinal tract. *Frontiers in Veterinary Science* **2**:1–10. *Frontiers Media S.A.*
- Marco ML et al. 2017. Health benefits of fermented foods: microbiota and beyond. *Current Opinion in Biotechnology* **44**:94–102. Elsevier *Current Trends*.
- Mathur H, Beresford TP, Cotter PD. 2020. Health benefits of lactic acid bacteria (Lab) fermentates. *Nutrients* **12**:1–16.
- MC E et al. 2014. Agriculture: Steps to sustainable livestock. *Nature* **507**:32–34. *Nature*.
- Merchant HA, McConnell EL, Liu F, Ramaswamy C, Kulkarni RP, Basit AW, Murdan S. 2011. Assessment of gastrointestinal pH, fluid and lymphoid tissue in the guinea pig, rabbit and pig, and implications for their use in drug development. *European Journal of Pharmaceutical Sciences* **42**:3–10.
- Mignon-Grasteau S et al. 2005. Genetics of adaptation and domestication in livestock. *Livestock Production Science* **93**:3–14. Elsevier.
- Mohanty D, Misra S, Mohapatra S, Sahu PS. 2018. Prebiotics and synbiotics: Recent concepts in nutrition. *Food Bioscience* **26**:152–160. Elsevier Ltd.
- Mu Q, Tavella VJ, Luo XM. 2018. Role of Lactobacillus reuteri in Human Health and Diseases. *Frontiers in microbiology* **9**:1–17. *Front Microbiol*.

- Niode NJ, Salaki CL, Rumokoy LJM, Tallei TE. 2020. Lactic Acid Bacteria from Honey Bees Digestive Tract and Their Potential as Probiotics. *Advances in Biological Sciences Research* **8**:236–241. Atlantis Press.
- Nnawuihe EI, Banwo K, Sanni KAAI. 2018. Characterization and probiotic potentials of lactic acid bacteria isolated from ingesta of selected ruminants. *Acta Alimentaria* **47**:61–69.
- Nowak A, Paliwoda A, Błasiak J. 2019. Anti-proliferative, pro-apoptotic and anti-oxidative activity of *Lactobacillus* and *Bifidobacterium* strains: A review of mechanisms and therapeutic perspectives. *Critical reviews in food science and nutrition* **59**:3456–3467. *Crit Rev Food Sci Nutr*.
- Nur Mahendra MY, Dadi TB, Kamaludeen J, Pertiwi H. 2022. Beneficial Effects of Lactic Acid Bacteria on Animal Reproduction Function. *Veterinary medicine international* **2022**:1–8. *Vet Med Int*.
- Ołdak A, Zielińska D. 2017. Bacteriocins from lactic acid bacteria as an alternative to antibiotics. *Postepy higieny i medycyny doświadczalnej (Online)* **71**:328–338. *Postepy Hig Med Dosw (Online)*.
- Olsen R, Ringø E. 1997. Lipid digestibility in fish: A review. *Recent Research Developments in Lipid Research* **1**:199–264.
- Oniszczyk A, Oniszczyk T, Gancarz M, Szymańska J. 2021. Role of gut microbiota, probiotics and prebiotics in the cardiovascular diseases. *Molecules* **26**:1–15.
- Ooi LG, Liong MT. 2010. Cholesterol-lowering effects of probiotics and prebiotics: a review of in vivo and in vitro findings. *International journal of molecular sciences* **11**:2499–2522. *Int J Mol Sci*.
- Papastavropoulou K, Xiao J, Proestos C. 2023. Edible insects: Tendency or necessity (a review). *eFood* **4**:1–17. John Wiley & Sons, Ltd.
- Pekas JC. 1991. Chapter 3-Digestion and Absorption Capacity and Their Development. *Swine Nutrition*.
- Plumed-Ferrer C, Koistinen KM, Tolonen TL, Lehesranta SJ, Kärenlampi SO, Mäkimattila E, Joutsjoki V, Virtanen V, von Wright A. 2008. Comparative Study of Sugar Fermentation and Protein Expression Patterns of Two *Lactobacillus plantarum* Strains Grown in Three Different Media. *Applied and Environmental Microbiology* **74**:5349–5358.
- Poutahidis T, Springer A, Levkovich T, Qi P, Varian BJ, Lakritz JR, Ibrahim YM, Chatzigiagkos A, Alm EJ, Erdman SE. 2014. Probiotic Microbes Sustain Youthful Serum Testosterone Levels and Testicular Size in Aging Mice. *PLOS ONE* **9**:1–12. Public Library of Science.
- Price EO. 1984. Behavioral aspects of animal domestication. *Quarterly Review of Biology* **59**:1–32.
- Qu A et al. 2008. Comparative metagenomics reveals host specific metavirulomes and horizontal gene transfer elements in the chicken cecum microbiome. *PLoS One* **3**:1–19. *PlosOne*.
- Rada V, Máchová M, Huk J, Marounek M, Dušková D. 1997. Microflora in the honeybee digestive tract: counts, characteristics and sensitivity to veterinary drugs. *Apidologie* **28**:357–365. EDP Sciences.
- Rada VCSc, Havlík JPhD. 2010. Enzymy ve výživě hospodářských zvířat. Vědecký výbor výživy zvířat:1–38. Výzkumný ústav živočišné výroby.

- Ray AK, Ringø E. 2014. The gastrointestinal tract of fish. *Aquaculture Nutrition: Gut Health, Probiotics and Prebiotics*:1–13. Wiley.
- Reese AT, Chadaideh KS, Diggins CE, Schell LD, Beckel M, Callahan P, Ryan R, Thompson ME, Carmody RN. 2021. Effects of domestication on the gut microbiota parallel those of human industrialization. *eLife* **23**:1–27. Elife.
- Reginensi SM, González MJ, Bermúdez J. 2013. Phenotypic and genotypic characterization of lactic acid bacteria isolated from cow, ewe and goat dairy artisanal farmhouses. *Brazilian Journal of Microbiology* **44**:427–430. Brazilian Society of Microbiology.
- Ricke SC, Lee SI, Kim SA, Park SH, Shi Z. 2020. Prebiotics and the poultry gastrointestinal tract microbiome. *Poultry Science* **99**:670–677.
- Ringø E, Olsen RE, Mayhew TM, Myklebust R. 2003. Electron microscopy of the intestinal microflora of fish. *Aquaculture* **227**:395–415. Elsevier.
- Rzeznitzek J, Hoerr FJ, Rychlik I, Methling K, Lalk M, Rath A, von Altröck A, Rautenschlein S. 2022. Morphology, microbiota, and metabolome along the intestinal tract of female turkeys. *Poultry Science* **101**:1–14.
- Sahu NP, Kamra DN. 2002. Microbial eco-system of the gastro-intestinal tract of wild herbivorous animals. *Journal of Applied Animal Research* **21**:207–230.
- Sanders ME et al. 2010. Safety assessment of probiotics for human use. *Gut microbes* **1**:164–185. *Gut Microbes*.
- Scharek L, Altherr BJ, Tölke C, Schmidt MFG. 2007. Influence of the probiotic *Bacillus cereus* var. *toyoi* on the intestinal immunity of piglets. *Veterinary Immunology and Immunopathology* **120**:136–147. Elsevier.
- Servin AL. 2004. Antagonistic activities of lactobacilli and bifidobacteria against microbial pathogens. *FEMS microbiology reviews* **28**:405–440. *FEMS Microbiol Rev*.
- Servin AL, Coconnier MH. 2003. Adhesion of probiotic strains to the intestinal mucosa and interaction with pathogens. *Bailliere's Best Practice and Research in Clinical Gastroenterology* **17**:741–754. *Best Pract Res Clin Gastroenterol*.
- Shang Y, Kumar S, Oakley B, Kim WK. 2018. Chicken Gut Microbiota: Importance and Detection Technology. *Chicken Gut Microbiota: Importance and Detection Technology*. *Front. Vet. Sci* **5**:1–11.
- Shimizu K, Ojima M, Ogura H. 2021. Gut microbiota and probiotics/synbiotics for modulation of immunity in critically ill patients. *Nutrients* **13**:2–12.
- Simpson JM, Martineau B, Jones WE, Ballam JM, Mackie RI. 2002. Characterization of fecal bacterial populations in canines: effects of age, breed and dietary fiber. *Microbial ecology* **44**:186–197. *Microb Ecol*.
- Sinha GM. 1983. Scanning electron microscopic study of the intestinal mucosa of an Indian freshwater adult major carp, *Labeo rohita* (Hamilton). *Zeitschrift für Mikroskopisch-anatomische Forschung* **97**:979–992.
- Smith SM. 2020. *Gastrointestinal Physiology and Nutrition of Rabbits, Ferrets, Rabbits, and Rodents*.
- Song SJ et al. 2020. Comparative Analyses of Vertebrate Gut Microbiomes Reveal Convergence between Birds and Bats. *mBio* **11**:1–14. American Society for Microbiology (ASM).

- Swanson KS et al. 2020. The International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics (ISAPP) consensus statement on the definition and scope of synbiotics. *Nature reviews. Gastroenterology & hepatology* **17**:687–701. *Nat Rev Gastroenterol Hepatol*.
- Tanca A, Fraumene C, Manghina V, Palomba A, Abbondio M, Deligios M, Pagnozzi D, Addis MF, Uzzau S. 2017. Diversity and functions of the sheep faecal microbiota: a multi-omic characterization. *Microbial Biotechnology* **10**:541. Wiley-Blackwell.
- Tang YW, Ellis NM, Hopkins MK, Smith DH, Dodge DE, Persing DH. 1998. Comparison of Phenotypic and Genotypic Techniques for Identification of Unusual Aerobic Pathogenic Gram-Negative Bacilli. *Journal of Clinical Microbiology* **36**:3674–3679. American Society for Microbiology (ASM).
- Terra WR, Ferreira C. 2020. Evolutionary trends of digestion and absorption in the major insect orders. *Arthropod Structure & Development* **56**:1–15. Elsevier.
- Tootiaie S, Moharrami M, Mojgani N. 2021. Honeybee Gut: Reservoir of Probiotic Bacteria. *Microorganisms for Sustainability Probiotic Bacteria and Postbiotic Metabolites: Role in Animal and Human Health*:221–236.
- Uma A, Subash P, Abraham TJ. 2020. Importance of gut microbiota in fish – A review. *Indian Journal of Animal Health* **59**:181–194. West Bengal Veterinary Association.
- Uyeno Y, Shigemori S, Shimosato T. 2015. Effect of Probiotics/Prebiotics on Cattle Health and Productivity. *Microbes and Environments* **30**:126–132. Nakanishi Printing.
- Vaughan EE, Heilig HGJ, Ben-Amor K, de Vos WM. 2005. Diversity, vitality and activities of intestinal lactic acid bacteria and bifidobacteria assessed by molecular approaches. *FEMS Microbiology Reviews* **29**:477–490. Oxford Academic.
- Veiga P, Suez J, Derrien M, Elinav E. 2020. Moving from probiotics to precision probiotics. *Nature Microbiology* 2020 5:7 **5**:878–880. Nature Publishing Group.
- Volstatova T, Havlik J, Potuckova M, Geigerova M. 2016. Milk digesta and milk protein fractions influence the adherence of *Lactobacillus gasseri* R and *Lactobacillus casei* FMP to human cultured cells. *Food & Function* **7**:3531–3538. The Royal Society of Chemistry.
- Walter J, Schwab C, Loach DM, Gänzle MG, Tannock GW. 2008. Glucosyltransferase A (GtfA) and inulosucrase (Inu) of *Lactobacillus reuteri* TMW1.106 contribute to cell aggregation, in vitro biofilm formation, and colonization of the mouse gastrointestinal tract. *Microbiology* **154**:72–80.
- Wang J, Hong M, Long J, Yin Y, Xie J. 2022. Differences in intestinal microflora of birds among different ecological types. *Frontiers in Ecology and Evolution* **10**:1–13. Frontiers Media S.A.
- Wang L, Fang M, Hu Y, Yang Y, Yang M, Chen Y. 2014. Characterization of the most abundant *Lactobacillus* species in chicken gastrointestinal tract and potential use as probiotics for genetic engineering. *Acta Biochimica et Biophysica Sinica* **46**:612–619. Oxford University Press.
- Wang Y, Wu J, Lv M, Shao Z, Hungwe M, Wang J, Bai X, Xie J, Wang Y, Geng W. 2021. Metabolism Characteristics of Lactic Acid Bacteria and the Expanding Applications in Food Industry. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology* **9**:1–19.
- Wasilewski R, Kokoszyński D, Mieczkowska A, Bernacki Z, Górska A. 2015. Structure of the digestive system of ducks depending on sex and genetic background. *Acta Veterinaria Brno* **84**:153–158. University of Veterinary and Pharmaceutical Sciences.

- Widyastuti Y, Febrisiantosa A, Tidona F. 2021. Health-Promoting Properties of Lactobacilli in Fermented Dairy Products. *Frontiers in Microbiology* **12**:1–8.
- Xing J et al. 2020. The Composition and Predictive Function of the Fecal Microbiota Differ Between Young and Adult Donkeys. *Frontiers in Microbiology* **11**:1–11. *Frontiers Media S.A.*
- Xu Q, Qiao Q, Gao Y, Hou J, Hu M, Du Y, Zhao K, Li X. 2021. Gut Microbiota and Their Role in Health and Metabolic Disease of Dairy Cow. *Frontiers in Nutrition* **8**:1–13. *Frontiers Media S.A.*
- Yang J, Wang C, Huang K, Zhang M, Wang J, Pan X. 2020. Compound Lactobacillus sp. administration ameliorates stress and body growth through gut microbiota optimization on weaning piglets. *Applied microbiology and biotechnology* **104**:6749–6765. *Appl Microbiol Biotechnol.*
- Yeoman CJ, Chia N, Jeraldo P, Sipos M, Goldenfeld ND, White BA. 2012. The microbiome of the chicken gastrointestinal tract. *Animal health research reviews* **13**:89–99. *Anim Health Res Rev.*
- Yeoman CJ, White BA. 2014. Gastrointestinal Tract Microbiota and Probiotics in Production Animals. *Annual Review of Animal Biosciences* **2**:469–486. *Annual Reviews.*
- Yeung CY, Chiang Chiau JS, Chan WT, Jiang C Bin, Cheng ML, Liu HL, Lee HC. 2013. In vitro prevention of salmonella lipopolysaccharide-induced damages in epithelial barrier function by various lactobacillus strains. *Gastroenterology Research and Practice* **2013**.
- Yin L, Yang H, Li J, Li Y, Ding X, Wu G, Yin Y. 2017. Pig models on intestinal development and therapeutics. *Amino Acids* **49**.
- Yirga H. 2015. The Use of Probiotics in Animal Nutrition. *Journal of Probiotics & Health* **03**:1–10. *OMICS Publishing Group.*
- Yuki N, Shimazaki T, Kushiro A, Watanabe K, Uchida K, Yuyama T, Morotomi M. 2000. Colonization of the stratified squamous epithelium of the nonsecreting area of horse stomach by lactobacilli. *Applied and environmental microbiology* **66**:5030–5034. *Appl Environ Microbiol.*
- Zhang L, Wu W, Lee YK, Xie J, Zhang H. 2018. Spatial heterogeneity and co-occurrence of mucosal and luminal microbiome across swine intestinal tract. *Frontiers in Microbiology* **9**:1–14. *Frontiers Media S.A.*
- Zhang Y, Choi SH, Nogoy KM, Liang S. 2021. Review: The development of the gastrointestinal tract microbiota and intervention in neonatal ruminants. *Animal* **15**:1–9. *Elsevier.*
- Zhang Y, Wang Y, Xu B, Chen H, Yang F, Huang J, Jiao an. 2023. Environmental factors and gut microbiota: Toward better conservation of deer species. *Frontiers in Microbiology* **14**:1–6.
- Zheng J et al. 2020. A taxonomic note on the genus Lactobacillus: Description of 23 novel genera, emended description of the genus Lactobacillus beijerinck 1901, and union of Lactobacillaceae and Leuconostocaceae. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **70**:2782–2858. *Microbiology Society.*
- Zimmermann JA et al. 2016. Effects of probiotics in swines growth performance: A meta-analysis of randomised controlled trials. *Animal Feed Science and Technology* **219**:280–293. *Elsevier.*

Zucko J, Starcevic A, Diminic J, Oros D, Mortazavian AM, Putnik P. 2020. Probiotic – friend or foe? *Current Opinion in Food Science* **32**:45–49. Elsevier.

6 Seznam použitých zkratek a symbolů

ABR	antibiotická rezistence
AMK	aminokyseliny
AMP	antimikrobiální peptidy
AMR	antimikrobiální rezistence
BMK	bakterie mléčného kvašení
CLA	konjugovaná kyselina linolová
CVD - KVO	cardiovascular disease - kardiovaskulární onemocnění
FOS	fruktooligosacharidy
GOS	galaktooligosacharidy
HZ	hospodářská zvířata
LA	kyselina linolová
MK	mastné kyseliny
NGS	next-generation sequencing – sekvenování nové generace
PM	peritrofická membrána
Sb.	sbírky zákona
SCFA	short chain fatty acids - mastné kyseliny s krátkým řetězcem
TMK	těkavé mastné kyseliny
TT	trávicí trakt

7 Seznam tabulek a obrázků

7.1 Seznam tabulek

Tabulka 1 Homo a heterofermentativní BMK.....	- 26 -
Tabulka 2 Laktobacily užívané u HZ	- 37 -
Tabulka 3 Komerčně dostupná probiotika používaná u HZ.....	- 38 -
Tabulka 4 Používané MO jako probiotika ve výživě prasat.....	- 40 -
Tabulka 5 Probiotika využívaná u malých přežvýkavců	- 41 -

7.2 Seznam obrázků

Obrázek 1 Schéma předních a zadních fermentátorů	- 12 -
Obrázek 2 Hustota mikroorganismů v trávicím traktu produkčních zvířat	- 21 -
Obrázek 3 Schéma fermentace glukózy.....	- 25 -