

Abstrakt

Tisíce papoušků po celém světě trpí nemocemi a dalšími zdravotními komplikacemi, které mohou mít základ v interakci mezi jejich imunitním systémem a bakteriemi v jejich trávicím traktu. Předkládaná diplomová práce si klade za cíl pochopit souvislosti mezi projevy těchto zdravotních problémů, buněčným složením krve a skladbou gastrointestinální mikrobioty u papoušků. Hematologické vyšetření bylo provedeno u 198 krevních vzorků 53 druhů papoušků. Složení mikrobioty bylo stanoveno kombinací molekulárního přístupu sekvenace bakteriálního genu pro 16S rRNA ze 132 vzorků trusu, 12 vzorků střev, 228 kloakálních výtěrů a 236 výtěrů zobáku odebraných celkem z 61 papoušcích druhů a diagnostického přístupu analýzou fekálních nátěrů Gramovou metodou. Byla zjištěna signifikantní závislost hematologických parametrů na individuálních, environmentálních a klinických faktorech a zároveň jejich značná mezidruhová variabilita. Hodnoty absolutního počtu heterofilů a lymfocytů se ukázaly jako užitečnější pro monitorování průběhu infekčních a autoimunitních onemocnění papoušků než hodnoty H/L poměru. Nejlepší ukazatelem pro sledování projevů poruch chování byly hodnoty relativního počtu bazofilů. Byl odhalen efekt bakteriální čeledi Flavobacteriaceae, jako součástí orální mikrobioty, a bakterií *Escherichia*, či *Shigella*, přítomných v bakteriálních komunitách v kloace, na hodnoty H/L poměru. Analýza hlavních koordinát založená na Bray-Curtisově distancích poukázala k jasné nekonzistenci ve složení mezi mikrobiotou v orálních výtěrech a ostatních mikrobiologických vzorkách. Naopak vzorky z různých částí střeva vykázaly ve složení mikrobioty značnou spojitost. Zjistili jsme též výraznou vnitrodruhovou i mezidruhovou variabilitu v mikrobiálním složení vzorků trusu a kloakálních výtěrech. Závěry této práce jsou nejenom přínosem pro základní výzkum evoluce imunologických adaptací, ale zároveň mohou mít praktický aplikační potenciál ve veterinární a zoohygienické praxi.

Klíčová slova: Psittaciformes, Hematologie, Mikrobiota, 16S rRNA