

Сравнительная оценка микробного состава рубца крупного и мелкого рогатого скота

Д. А. НИКАНОВА, О. А. АРТЕМЬЕВА, Е. Н. КОЛОДИНА, М. В. ДОВЫДЕНКОВА

Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, пос. Дубровицы, 60, Подольский р-н, Московская обл., 142132, Российская Федерация

Резюме. Работу проводили с целью изучения и сравнения микробного состава рубца крупного и мелкого рогатого скота для дальнейшей оценки возможности использования микроорганизмов, улучшающих рубцовый метаболизм. Для исследований отбирали пробы рубцового содержимого от мелкого рогатого скота (МРС) разных генотипов и крупного рогатого скота (КРС) симментальской породы с соблюдением требований асептики соответственно через фистулу и после убоя. Основные группы микроорганизмов выделяли путем высева объема образца на плотные дифференциально-диагностические среды с дальнейшей идентификацией. В рубцовом содержимом овец романовской породы было обнаружено наибольшее количество *Bifidobacterium* sp. ($6,13 \pm 0,64 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$), *Lactobacillus* sp. ($6,18 \pm 0,06 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$), *Enterococcus* sp. ($5,49 \pm 0,21 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$) и дрожжеподобных грибов ($3,47 \pm 0,15 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$), по сравнению с другими группами МРС и КРС. Наименьшие количества *Lactobacillus* sp. ($6,13 \pm 0,64 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$), *Enterococcus* sp. ($6,13 \pm 0,64 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$), *lac+* и *lac- E. coli* ($6,13 \pm 0,64 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$) отмечено в рубцовом содержимом МРС генотипа 1/16 архар (А) $\times$ 3/16 романовская (Р) $\times$ 8/16 катадин (К). Соотношение *lac-* к *lac+* *E. coli* у овец групп Р, Р $\times$ карачаевская (Кар), Р $\times$ К, А $\times$ Р, 1/8А $\times$ 3/8Р $\times$ 4/8К находилось на одном уровне. У КРС величина этого показателя была равна 0,92, у МРС генотипа 1/32А $\times$ 7/32Р $\times$ 8/32 муфлон (М) $\times$ 16/32К – 4,64. При этом у МРС этого генотипа отмечено наибольшее количество бактерий рода *Ruminococcus*, а у КРС их было достоверно ($p \geq 0,05$) больше, чем в рубце овец романовской породы. В рубце овец романовской породы было обнаружено максимальное в опыте количество *E. coli* ($4,65 \pm 0,44 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$), при соотношении *lac+* и *lac- E. coli* 1,08. Генотип животного влияет на соотношение бактерий в рубцовом содержимом. Из рубцовой жидкости был получен 21 штамм дрожжей *Rhodotorula* и *Candida*.

Ключевые слова: дрожжи, бактерии, микробиоценоз, мелкий рогатый скот, крупный рогатый скот, рубец.

Сведения об авторах: Д. А. Никанова, старший научный сотрудник (e-mail: dap2189@gmail.com); О. А. Артемьева, ведущий научный сотрудник; Е. Н. Колодина, старший научный сотрудник; М. В. Довыденкова, научный сотрудник.

Для цитирования: Сравнительная оценка микробного состава рубца крупного и мелкого рогатого скота / Д. А. Никанова, О. А. Артемьева, Е. Н. Колодина и др. // Достижения науки и техники АПК. 2024. Т. 38. № 9. С. 63–68. doi: 10.53859/02352451_2024_38_9_63

Comparative assessment of the microbial composition of the rumen of cattle and small ruminants

D. A. Nikanova, O. A. Artemyeva, E. N. Kolodina, M. V. Dovydenkova

Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L. K. Ernst, pos. Dubrovitsy, 60, Podol'sk, Moskovskaya obl., 142132, Russian Federation

Abstract. The aim of the work was to study and compare the microbial composition of the rumen of cattle and small ruminants for further evaluation of the possibility of using microorganisms that improve ruminal metabolism. For the studies, samples of rumen contents were collected from small ruminants of different genotypes and Simmental cattle in compliance with aseptic requirements, respectively, through a fistula and after slaughter. The main groups of microorganisms were isolated by seeding the sample volume onto dense differential diagnostic media with subsequent identification. The highest number of *Bifidobacterium* sp. ($6,13 \pm 0,64 \text{ Log}_{10} \text{ CFU/ml}$), *Lactobacillus* sp. ($6,18 \pm 0,06 \text{ Log}_{10} \text{ CFU/ml}$), *Enterococcus* sp. ($5,49 \pm 0,21 \text{ Log}_{10} \text{ CFU/ml}$) and yeast-like fungi ($3,47 \pm 0,15 \text{ Log}_{10} \text{ CFU/ml}$) were found in the rumen contents of Romanov sheep, compared to other groups of small ruminants and cattle. The lowest amounts of *Lactobacillus* sp. ($6,13 \pm 0,64 \text{ Log}_{10} \text{ CFU/ml}$), *Enterococcus* sp. ($6,13 \pm 0,64 \text{ Log}_{10} \text{ CFU/ml}$), *lac+* and *lac- E. coli* ($6,13 \pm 0,64 \text{ Log}_{10} \text{ CFU/ml}$) were observed in the rumen contents of small ruminants of the genotype 1/16 argali (A) $\times$ 3/16 romanovskaya (R) $\times$ 8/16 kathadin (K). The ratio of *lac-* to *lac+* *E. coli* in sheep of groups R, R $\times$ Karachevskaya (Kar), R $\times$ K, A $\times$ R, 1/8A $\times$ 3/8R $\times$ 4/8K was at the same level. In cattle, the value of this indicator was 0.92, in small cattle of the genotype 1/32A $\times$ 7/32R $\times$ 8/32 mouflon (M) $\times$ 16/32K – 4.64. At the same time, small cattle of this genotype had the highest number of bacteria of the genus *Ruminococcus*, and in cattle there were significantly ($p \geq 0,05$) more of them than in the rumen of Romanov sheep. The maximum amount of *E. coli* in the experiment ($4,65 \pm 0,44 \text{ Log}_{10} \text{ CFU/ml}$) was found in the rumen of Romanov sheep, with a ratio of *lac+* and *lac- E. coli* of 1.08. The animal's genotype affects the ratio of bacteria in the rumen contents. 21 strains of *Rhodotorula* and *Candida* yeasts were obtained from the rumen fluid.

Keywords: yeast; bacteria; microbiocenosis; small ruminants; cattle; rumen.

Author Details: D. A. Nikanova, senior research fellow (e-mail: dap2189@gmail.com), O. A. Artemyeva, leading research fellow; E. N. Kolodina, senior research fellow; M. V. Dovydenkova, research fellow.

For citation: Nikanova DA, Artemyeva OA, Kolodina EN, et al. [Comparative assessment of the microbial composition of the rumen of cattle and small ruminants]. Dostizheniya nauki i tekhniki APK. 2024;38(9):63–8. Russian. doi: 10.53859/02352451_2024_38_9_63

Крупный и мелкий рогатый скот – важные объекты животноводческой отрасли. Согласно результатам поиска в системе PubMed за последние 5 лет было опубликовано 193 статьи, в которых исследована микробиота рубца овец и 466 статей по изучению микробиоты рубца коров. Микроорганизмы рубца представлены в основном облигатными анаэробами (бактерии, простейшие, археи и грибы), а наибольшая часть микробной популяции приходится на бактерии [1]. Известно, что жвачные животные рождаются без бактерий в рубце, но микроорганизмы из окружающей среды вскоре проникают и колонизируют его [2].

В исследованиях Islam M. и соавт. на бычках голштинской и джерсейской породы было доказано, что общая микробиота рубца изменялась в зависимости от сезона у обеих пород [3]. Зимой в ее составе доминировали *Carnobacterium jeotgali* и *Ruminococcus bromii*, летом – *Paludibacter propionigenes*. У джерсейских бычков преобладали *Capnocytophaga cynodegmi*, *Barnesiella viscericola* и *Flintibacter butyricus*, а у животных голштинской породы – *Succinivibrio dextrinosolvens* и *Gilliamella bombicola*. При исследовании влияния теплового стресса (HS) на концентрацию микробиоты в рубце коров Correia

Sales G. F. и соавт. выявили в таких условиях наименьшее разнообразие прокариотов, низкую относительную численность родов *Flavonifractor* (1,4 %), *Treponema* (0,6 %) и *Ruminococcus* (0,9 %), высокую – *Carnobacterium* (7,7 %) [4].

В исследовании Zhang Y. K. и соавт. было установлено, что на микробиоту овец породы ху влияет потребление корма [5]. Овцы с высоким остаточным потреблением корма (RFI) отличались более высокой численностью бактериальных таксонов *Prevotellaceae*, *Negativicutes* и *Selenomonadales*, а таксон *Succinivibrio* был наиболее распространен у животных с низким остаточным потреблением корма. Кроме того, было показано, что численность *Veillonellaceae*, *Sphaerochaeta*, *Negativibacillus*, *Saccharofermentans* и представителей *Tenericutes*, *Kiritimatiellaeota*, *Deltaproteobacteria*, *Campylobacteriales* коррелирует с классификацией RFI овец и, таким образом, указывает на их роль в продуктивности животных. В работах Vahidi M.F. и соавт. показана преобладающая роль *Treponema* и *Butyrivibrio* в формировании микробного разнообразия рубца овец. Также была выявлена разница в скорости колонизации рубца в зависимости от содержания в кормах нейтрально-детергентной клетчатки и целлюлозы. Результаты корреляционного анализа свидетельствуют о значительном вкладе *Lachnospiraceae* и *Veillonellaceae* в деградацию клетчатки в рубце овец [6].

В проведенных исследованиях микробиоты рубца жвачных животных, как правило, изучали один вид и породу животных и не сравнивали микробиоту их разных видов. Только Glendinning L. и соавт. в своих исследованиях провели метагеномный анализ образцов, взятых из содержимого рубца коров (*Bos taurus*), овец (*Ovis aries*), северного оленя (*Rangifer tarandus*) и благородного оленя (*Cervus elaphus*). При этом были обнаружены существенные различия между микробиотой разных видов жвачных животных с точки зрения обилия микробной таксономии и генов углеводов-активных ферментов [7]. Среди жвачных животных наиболее многочисленным типом были *Bacteroidetes* (у овец – 64 %, у коров – 65 %), вторым по численности – *Firmicutes* (у овец – 29 %, у коров – 26 %) [7].

Представители родов *Fibrobacter* и *Ruminococcus* – преобладающие бактерии, переваривающие клетчатку в рубце, в частности виды *Fibrobacter succinogenes*, *Ruminococcus flavefaciens* и *Ruminococcus albus* [8]. Бифидобактерии производят широкий спектр ферментов, которые способны модифицировать и облегчать метаболизм пищевых углеводов. Это позволяет представителям рода *Bifidobacterium* извлекать энергию и способствует эффективности кормления при использовании высокоэнергетического рациона. Установлено, что в рубце овец, потребляющих больше концентратов, количество

бифидобактерий значительно выше [9]. Меньшая численность патогенных бактерий в рубце клинически здоровых коров связана с более высоким содержанием представителей семейства *Bifidobacteriaceae*, обладающих ярко выраженными антимикробными свойствами [10]. Анализ результатов, полученных Ma Y. И соавт. выявил биологические и статистические корреляции ($p < 0,001$) между *Lactobacillus* и шестью метаболитами, включая фумаровую кислоту [11]. В то же время в исследованиях Лаптева Г. Ю. и соавт. отмечено увеличение в рубце клинически здоровых коров *Lactobacillaceae* – продуцентов лактата [10]. Микроорганизмы рубца могут гидролизовать и ферментировать целлюлозные полимеры [12]. Бактерии семейства *Enterobacteriaceae* широко встречаются в природе, в почве, растениях и могут быть занесены в рубец с травой и соломой. Результаты исследований Khafipour E. и соавт. свидетельствуют о том, что подострый ацидоз рубца может быть связан с воспалительной реакцией и повышенным содержанием *E. coli* в рубце [13]. По данным Aditya A. и соавт., метаболиты *Lactobacillus spp.* способны подавлять энтерогеморрагическую *Escherichia coli* в рубцовой жидкости [14].

Цель исследования – изучение и сравнение микробного состава рубца крупного и мелкого рогатого скота для дальнейшей оценки возможности использования микроорганизмов, улучшающих рубцовый метаболизм.

Условия, материалы и методы. Работу проводили на базе физиологического двора ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им Л.К. Эрнста (п. Дубровицы, Московской области). Мелкий рогатый скот (овец) отбирали по генотипу. Животные были одного возраста и пола, их содержали в индивидуальных стойлах. Кормление осуществляли 2 раза в сутки. Основной рацион состоял из сена и комбикорма. Для контроля рубцового пищеварения и отбора образцов их прооперировали с наложением фистул рубца по В. А. Басову.

Крупный рогатый скот содержали в индивидуальных стойлах. Основной рацион состоял из кормосмеси — сенаж однолетних и многолетних трав, кукурузный силос, жом свекловичный сухой, патока и комбикорм.

Из животных были сформированы опытные группы различного генотипа (табл. 1). Их рационы соответствовали требованиям по показателям энергетической и питательной ценности для каждого вида, возраста и массы (*Нормы и рационы кормления сельскохозяйственных животных. Справочное пособие / 3-е издание переработанное и дополненное; под ред. А. П. Калашникова, В. И. Фисинина В. В. Щеглова и др. М.: Россельхозакадемия, 2003. 456 с.*).

Содержимое рубца у животных с наложенными фистулами (20...30 г, по 3 повторности от каждого животного) отбирали с соблюдением требований асептики вручную с использованием шприца Жанэ.

Таблица 1. Схема эксперимента

Вид	Группа	Генотип	Число образцов
KPC	Сим	симментальская	6
MPC	Р	романовская	6
	Р×Кар	романовская (75 %) × карачаевская	5
	Р×К	романовская (75 %) × катадин	5
	А×Р	архар × романовская	13
	1/8А×3/8Р×4/8К	1/8 архар × 3/8 романовская × 4/8 катадин	4
	1/16А×3/16Р×8/16К	1/16 архар × 3/16 романовская × 8/16 катадин	4
	1/32А×7/32Р×8/32М×16/32К	1/32 архар × 7/32 романовская × 8/32 муфлон × 16/32 катадин	4

От КРС рубцовое содержимое (20...30 г, по 3 повторности от каждой особи) отбирали после убоя, с соблюдением требований асептики, через надрез в стенке рубца.

Основные группы культивируемых микроорганизмов выделяли путем высева рубцового содержимого методом десятикратных разведений на 0,9 %-ном физиологическом растворе с последующим поверхностным посевом 0,2 мл или глубинным посевом по 1 мл на плотные питательные среды: общее микробное число – на МПА;

молочнокислые микроорганизмы (*Lactobacillus spp.* и *Bifidobacterium spp.*) – на MRS и Бифидум-среду; бактерий рода кишечной палочки – на Эндо-ГРМ; энтерококки (*Enterococcus spp.*) – на энтерококкагар; дрожжи, дрожжеподобные и плесневые грибы – на агар Сабуро с добавлением 5 % теллурида калия, YPD-агар. Посевы инкубировали в термостате при температуре 35...39 °C для бактерий и 28...32 °C для грибов в течение соответственно 24...48 ч и 2...7 суток. После культивирования проводили подсчет количества колониеобразующих единиц (КОЕ/г). Наличие целлюлозолитических микроорганизмов (*Ruminococcus spp.*) определяли в средах с целлюлозой и рубцовой жидкостью по методу Хангейта и Гетчинсона [9]. Посевы культивировали в строго анаэробных условиях в инкубаторе CO₂ (INC 108, MEMMERT) с уровнем CO₂ – 5 % при температуре 37 °C.

Для определения видовой принадлежности с поверхности плотной дифференциально-диагностической среды отбирали от 3 до 5 одинаковых по морфотипу изолированных колоний и проводили серию последовательных пересевов для получения чистых культур. Видовую идентификацию микроорганизмов осуществляли, оценивая морфологию и микроскопию колоний, результаты биохимической идентификации на микробиологических средах («ФБУН ГНЦ прикладной микробиологии и биотехнологии», Московская обл., «Himedia», Индия) и панелях тест-систем («BioMerieux», Франция).

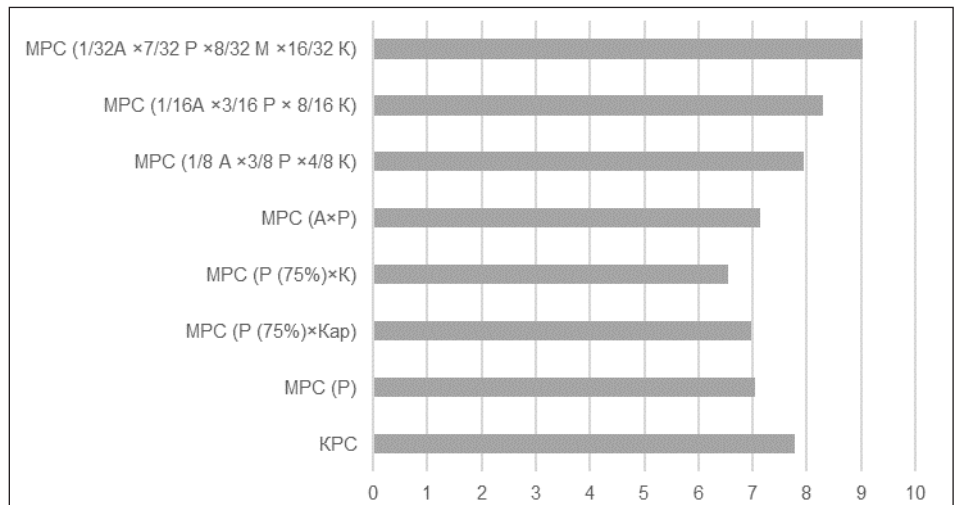


Рис. 1. Численность *Ruminococcus sp.* в содержимом рубца КРС и МРС разного генотипа, Log₁₀ КОЕ/мл.

Полученные результаты обрабатывали биометрически методом дисперсионного анализа (ANOVA) с использованием программы STATISTICA, version 13, StatSoft, Inc., 2011 (www.statsoft.com). Различия считали высокостатистически значимыми при $p \geq 0,001$ и достоверными при $p \geq 0,01$; $p \geq 0,05$.

Результаты и обсуждение. Микробный состав рубца зависел от породы и генотип животных, а рубцовая фракция (жидкая и твердая) на микробный профиль не влияла. Так, численность бактерий рода *Ruminococcus* в рубце КРС была достоверно ($p \geq 0,05$) выше, чем у чистопородных овец романовской породы (на 0,74 Log₁₀ КОЕ/мл), гибридов Р×Кар (на 0,81 Log₁₀ КОЕ/мл), Р×К (на 0,65 Log₁₀ КОЕ/мл) и А×Р (на 1,24 Log₁₀ КОЕ/мл). При этом наибольшее количество бактерий рода *Ruminococcus sp.* ($p \geq 0,05$) обнаружено у гибридов 1/32А×7/32Р×8/32М×16/32К, у которых оно было выше, чем в рубце овец романовской породы и коров симментальской породы соответственно на 1,99 и 1,25 Log₁₀ КОЕ/мл (рис. 1).

В рубцовом содержимом овец гибридов А×Р отмечено наибольшее количество ($6,80 \pm 0,60$ Log₁₀ КОЕ/мл) *Bifidobacterium sp.*, по сравнению с другими генотипами (рис. 2). Содержание этих микроорганизмов в рубце чистопородных овец и гибридов 1/8А×3/8Р×4/8К находилось на одном уровне ($6,13 \pm 0,64$ Log₁₀ КОЕ/мл и $6,10 \pm 0,51$ Log₁₀ КОЕ/мл). У гибридов остальных групп содержание бактерий

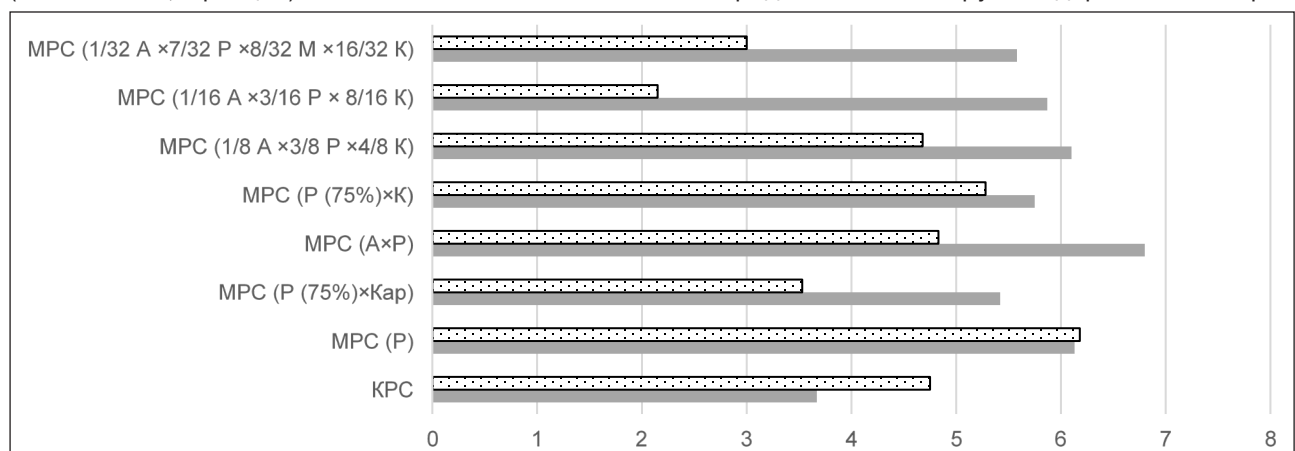


Рис. 2. Численность *Lactobacillus sp.* и *Bifidobacterium sp.* в содержимом рубца КРС и МРС разного генотипа, Log₁₀ КОЕ/мл: □ – *Lactobacillus sp.*, ■ – *Bifidobacterium sp.*

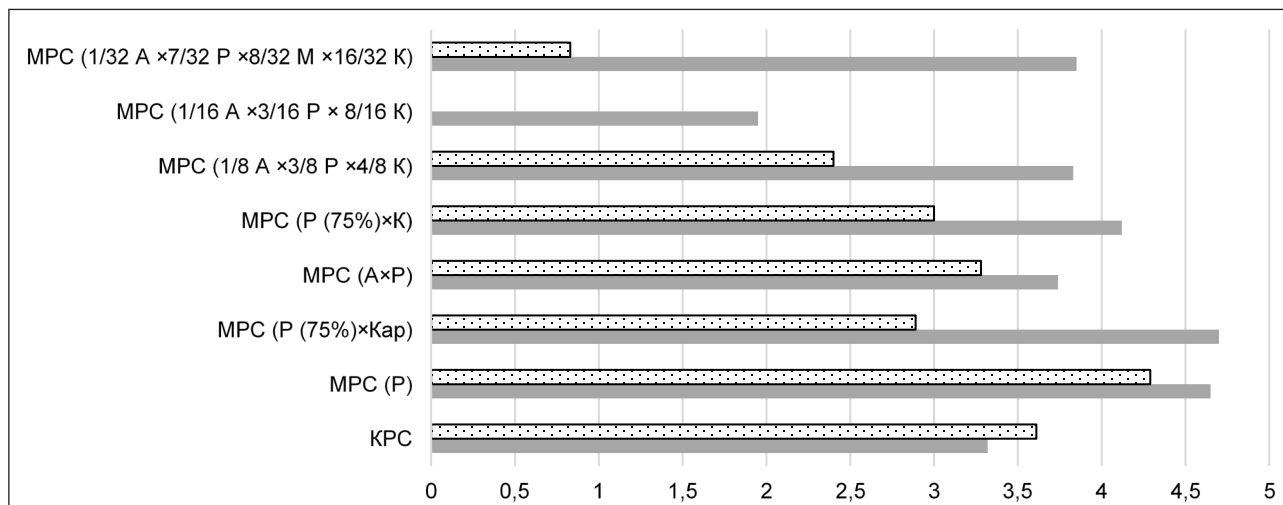


Рис. 3. Численность *lac+* и *lac-* *E. coli* в содержимом рубца КРС и МРС разного генотипа, Log₁₀ КОЕ/мл: □ – *lac+*, ■ – *lac-*.

Bifidobacterium sp. варьировало от $5,42 \pm 1,52$ до $5,87 \pm 0,61$ Log₁₀ КОЕ/мл. Наименьшее ($3,67 \pm 1,29$ Log₁₀ КОЕ/мл) содержание бактерий рода *Bifidobacterium* отмечено в рубцовом содержимом КРС. Повышенное количество этих микроорганизмов в рубце может увеличивать ежедневный привес и коэффициент конверсии корма [15].

Содержание *Lactobacillus sp.* в рубце чистопородных овец было выше, чем у КРС, на $1,43$ Log₁₀ КОЕ/мл (см. рис. 2). Важно отметить, что оно варьировало и в зависимости от генотипа МРС. Так, минимальное количество бактерий рода *Lactobacillus sp.*, по сравнению со всеми остальными группами, наблюдали у гибридов (1/16 А x 3/16 Р x 8/16 К). При одинаковой кровности по романовской породе в генотипах Р x Кар и Р x К, количество *Lactobacillus* у гибридов с кровью катадинов было больше, чем у помесей с карачаевской породой (соответственно $5,28 \pm 0,51$ Log₁₀ КОЕ/мл и $3,53 \pm 0,19$ Log₁₀ КОЕ/мл). У гибридов (А x Р) и (1/8 А x 3/8 Р x 4/8 К) их численность оказалась практически одинаковой – $4,83 \pm 0,10$ и $4,68 \pm 0,67$ Log₁₀ КОЕ/мл. Более высокое содержание *Lactobacillus sp.* в рубце свидетельствуют о повышенной адаптивности животных, однако их благотворное воздействие на овец разных генотипов требует дальнейшего изучения.

Один из видов *Enterobacteriaceae* – *Escherichia coli*, колонизирующие пищеварительный тракт, которые выполняют функцию комменсалов. В

случае колонизации организма за пределами желудочно-кишечного тракта они становятся условно-патогенными [16]. Максимальное количество *E. coli* отмечено в рубце овец романовской породы ($4,65 \pm 0,44$ Log₁₀ КОЕ/мл), при соотношении *lac+* и *lac-* *E. coli* 1,08 (рис. 3). В рубце животных с генотипом 1/16А x 3/16Р x 8/16К выявлены только лактозоположительные *E. coli*, а у овец генотипа Р x Кар и Р x К отмечена одинаковая картина по количеству *lac+* и *lac-* *E. coli* и их соотношению (1,63 и 1,37 соответственно). Максимальную разницу между численностью *lac+* и *lac-* *E. coli* наблюдали в рубце овец генотипа 1/32А x 7/32Р x 8/32М x 16/32К – соответственно $3,85 \pm 0,89$ Log₁₀ КОЕ/мл и $0,83 \pm 0,95$ Log₁₀ КОЕ/мл. Численность *lac+* и *lac-* *E. coli* в рубце КРС находилось на уровне овец с генотипом А x Р, при этом количество *lac+* *E. coli* было больше на $0,29$ Log₁₀ КОЕ/мл.

Изучение изменения видового и количественного соотношения микрофлоры желудочно-кишечного тракта животных при введении пробиотиков остается актуальным. При этом все пробиотические бактерии, так или иначе, встречаются в кишечнике животных. Так, *Enterococcus* – один из основных родов молочнокислых бактерий, который уже десятилетиями используют в качестве пробиотиков. *E. faecium* помогает поддерживать активность бактерий, утилизирующих лактат, и стимулирует рост микробов в рубце, что, в свою очередь,

может увеличить снабжение жвачных животных энергией глюкогенного пропионата, одновременно продуцируя противомикробные агенты [17, 18]. Увеличение численности *E. faecium* приводит к снижению количества метаногенов [19]. Наибольшее количество *Enterococcus sp.* в нашем исследовании отмечено в рубце МРС романовской породы – $5,49 \pm 0,21$ Log₁₀ КОЕ/мл и гибридов Р x К – $5,16 \pm 0,32$ Log₁₀ КОЕ/мл (рис. 4). На одном уровне была величина этого показателя была у МРС генотипов А x Р, Р x Кар и 1/8А x 3/8Р x 4/8К (от 4,16

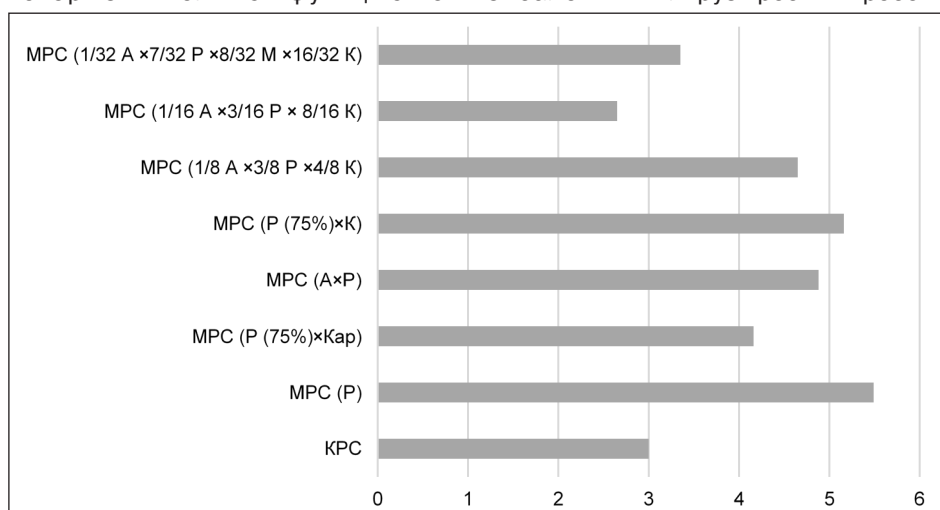


Рис. 4. Численность *Enterococcus sp.* в содержимом рубца КРС и МРС разного генотипа, Log₁₀ КОЕ/мл.

до $4,88 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$). Минимальное количество *Enterococcus* sp. в нашем исследовании обнаружено в рубце МРС генотипа 1/16А×3/16Р×8/16К ($2,65 \pm 0,15 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$). В рубце КРС уровень *Enterococcus* sp. был ниже, чем у МРС генотипа 1/32А×7/32Р×8/32М×16/32К, на $0,35 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$.

Общая численность грибов в рубцовом содержимом КРС составила $0,38 \pm 0,27 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$, МРС романовской породы – $3,47 \pm 0,15 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$. У остальных гибридов МРС дрожжеподобных грибов не выявили. Выделенные штаммы дрожжей были отнесены к родам *Rhodotorula* и *Candida*. Так как дрожжи этих родов способны за короткое время продуцировать большое количество биомассы, целлюлазы и каротинов, поддерживая низкий уровень кислотности, 21 штамм был отобран для дальнейшего изучения и возможного использования в качестве пробиотических культур.

Так как микробиота рубца рассматривается в тесной связи с формированием кишечной иммунной системы, здоровьем и продуктивностью животных, остается актуальным изучение микробных соотношений и возможность их коррекции при негативных изменениях. Мы исследовали микробный состав рубца у МРС разного генотипа, в сравнении с КРС, по основным его представителям при использовании стандартных рационов без каких-либо дополнительных стимулирующих добавок. Для более широкой оценки физиологического состояния целесообразно провести дополнительные исследования, так как разные штаммы и виды микроорганизмов, присутствующие в рубце животных разных генотипов могут отличаться по качественному и количественному составу, но при этом выполнять схожие метаболические роли и быть пригодными для использования в качестве пробиотика для разных видов млекопитающих, несмотря на вида их исходного хозяина.

Литература.

1. Fan Q. S., Wanapat M., Hou F. J. Chemical composition of milk and rumen microbiome diversity of yak, impacting by herbage grown at different phenological periods on the Qinghai-Tibet Plateau // *Animals*. 2020. Vol. 10. No. 6. Article 1030. URL: <https://www.mdpi.com/2076-2615/10/6/1030> (дата обращения: 21.07.2023). doi: 10.3390/ani10061030.
2. Exploring the bovine rumen bacterial community from birth to adulthood. / E. Jami, A. Israel, A. Kotser, et al. // *The ISME Journal*. 2013. Vol. 7. No. 6. P. 1069–1079. doi: 10.1038/ismej.2013.2.
3. Holstein and jersey steers differ in rumen microbiota and enteric methane emissions even fed the same total mixed ration / M. Islam, S-H. Kim, S. C. Ramos, et al. // *Front. Microbiol.* 2021. Vol. 12. Article 601061. URL: <https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2021.601061/full> (дата обращения: 21.07.2023). doi: 10.3389/fmicb.2021.601061.
4. Heat stress influence the microbiota and organic acids concentration in beef cattle rumen / G. F. Correia Sales, B. F. Carvalho, R. F. Schwan, et al. // *Journal Therm Biol*. 2021. Vol. 97. Article 102897. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0306456521000644?via%3Dihub> (дата обращения: 21.07.2023). doi: 10.1016/j.jtherbio.2021.102897.
5. Characterization of the rumen microbiota and its relationship with residual feed intake in sheep / Y. K. Zhang, X. X. Zhang, F. D. Li, et al. // *Animal*. 2021. Vol. 15. No. 3. Article 100161. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1751731120301634?via%3Dihub> (дата обращения: 21.07.2023). doi: 10.1016/j.animal.2020.100161.
6. Diversity of microbes colonizing forages of varying lignocellulose properties in the sheep rumen / M. F. Vahidi, J. Gharechahi, M. Behmanesh, et al. // *Peer J*. 2021. Vol. 11. No. 9. Article e10463. URL: <https://peerj.com/articles/10463/> (дата обращения: 21.07.2023). doi: 10.7717/peerj.10463.
7. Metagenomic analysis of the cow, sheep, reindeer and red deer rumen / L. Glendinning, B. Genc, R. J. Wallace, et al. // *Sci Rep*. 2021. Vol. 11. No. 1. Article 1990. URL: <https://www.nature.com/articles/s41598-021-81668-9> (дата обращения: 21.07.2023). doi: 10.1038/s41598-021-81668-9.
8. Rumen microbiome composition is altered in sheep divergent in feed efficiency / S. McLoughlin, C. Spillane, N. Claffey, et al. // *Front. Microbiol.* 2020. Vol. 11. Article 1981. URL: <https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2020.01981/full> (дата обращения: 28.09.2023). doi: 10.3389/fmicb.2020.01981.
9. Diet and feed efficiency status affect rumen microbial profiles of sheep / M. J. Ellison, G. C. Conant, W. R. Lamberson, et al. // *Small Rumin. Res.* 2017. Vol. 156. P. 12–19. doi: 10.1016/j.smallrumres.2017.08.009.
10. Таксономические и функциональные особенности микробиоты рубца у дойных коров с диагнозом кетоз / Г. Ю. Лаптев, Е. А. Йылдырым, Т. П. Дунашев и др. // *Сельскохозяйственная биология*. 2021. Т. 56. № 2. С. 356–373. doi: 10.15389/agrobiology.2021.2.356rus.
11. Contribution of gut microbiomes and their metabolites to the performance of Dorper and Tan sheep / Y. Ma, X. Yang, G. Hua, et al. // *Front. Microbiol.* 2022. Vol. 13. Article 1047744. URL: <https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2022.1047744/full> (дата обращения: 21.06.2023). doi: 10.3389/fmicb.2022.1047744.

Выводы. Изучение и сравнение микробного состава рубца крупного и мелкого рогатого скота показало различия в соотношениях бактерий, в зависимости от генотипа и вида животного. В рубцовом содержимом овец романовской породы обнаружено наибольшее количество *Bifidobacterium* sp. ($6,13 \pm 0,64 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$), *Lactobacillus* sp. ($6,18 \pm 0,06 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$), *Enterococcus* sp. ($5,49 \pm 0,21 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$), *E. coli* ($4,65 \pm 0,44 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$) и дрожжеподобных грибов ($3,47 \pm 0,15 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$), по сравнению с другими группами МРС и КРС. У МРС генотипа 1/32А×7/32Р×8/32М×16/32К было обнаружено наибольшее количество бактерий рода *Ruminococcus* ($9,03 \pm 0,29 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$), а у КРС их численность была достоверно ($p \geq 0,05$) больше, чем в рубце овец романовской породы, на $0,74 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$. Наименьшее количество *Lactobacillus* sp. ($2,15 \pm 0,45 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$), *Enterococcus* sp. ($2,65 \pm 0,15 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$), *lac+* и *lac-* *E. coli* ($0,00 \pm 0,00$ и $1,95 \pm 0,29 \text{ Log}_{10} \text{ КОЕ/мл}$) отмечено в рубцовом содержимом МРС генотипа 1/16А×3/16Р×8/16К.

ФИНАНСИРОВАНИЕ РАБОТЫ

Работа финансировалась из средств Российского научного фонда, проект № 23 – 16 – 00167. Никаких дополнительных грантов на проведение или руководство данным конкретным исследованием получено не было.

СОБЛЮДЕНИЕ ЭТИЧЕСКИХ СТАНДАРТОВ

Исследования проведены согласно нормам гуманного обращения с животными и одобрены комиссией по биоэтике ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им Л.К. Эрнста (Протокол заседания № 5 от 13 июля 2023 г.). Были соблюдены все применимые международные, национальные и/или институциональные принципы ухода и использования животных.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы работы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

12. Isolation and identification of a cellulolytic *Enterobacter* from rumen of Aceh cattle / W. N. Sari, Safika, Darmawi, et al. // *Veterinary World*. 2017. Vol. 10. No. 12. P. 1515–1520. doi: 10.14202/vetworld.2017.1515-1520.
13. Population structure of rumen *Escherichia coli* associated with subacute ruminal acidosis (SARA) in dairy cattle / E. Khafipour, J. C. Laizier, P. C. Aikman, et al. // *J. Dairy Sci.* 2011. Vol. 94. P. 351–360. doi: 10.3168/jds.2010-3435.
14. Aditya A., Rahaman S. O., Biswas D. Impact of *Lactobacillus*-originated metabolites on enterohemorrhagic *E. coli* in rumen fluid // *FEMS Microbiol Ecol.* 2022. Vol. 98. No. 12. Article 128. URL: <https://academic.oup.com/femsec/article/98/12/fiac128/6795928?login=false> (дата обращения: 21.06.2023). doi: 10.1093/femsec/fiac128.
15. Rumen and hindgut microbiome regulate average daily gain of preweaning Holstein heifer calves in different ways / Sy. Xu, Xr. Feng, W. Zhao, et al. // *Microbiome*. 2024. Vol. 12. Article 131. URL: <https://microbiomejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40168-024-01844-7> (дата обращения: 15.04.2024). doi:10.1186/s40168-024-01844-7.
16. Martinson J. N. V., Walk S. T. *Escherichia coli* residency in the gut of healthy human adults // *EcoSal Plus*. 2020. Vol. 9. No. 1. URL: <https://journals.asm.org/doi/10.1128/ecosalplus.esp-0003-2020> (дата обращения: 15.04.2024). doi: 10.1128/ecosalplus.esp-0003-2020.
17. The beneficial effect of *Enterococcus faecium* on the in vitro ruminal fermentation rate and extent of three typical total mixed rations in northern China / D. G. Pang, H. J. Yang, B. B. Cao, et al. // *Livest Sci.* 2014. Vol. 167. P. 154–160. doi: 10.1016/j.livsci.2014.06.008.
18. Microbiota in fermented feed and swine gut / C. Wang, C. Shi, Y. Zhang, et al. // *Appl Microbiol Biotechnol.* 2018. Vol. 102. P. 2941–2948. doi: 10.1007/s00253-018-8829-4.
19. Rumen fermentation and microbial community composition influenced by live *Enterococcus faecium* supplementation / L. Mamud, S. H. Kim, A. Biswas, et al. // *AMB Express*. 2019. Vol. 9. No. 123. P. 1–12. URL: <https://amb-express.springeropen.com/articles/10.1186/s13568-019-0848-8> (дата обращения: 21.06.2023). doi: 10.1186/s13568-019-0848-8.

References

1. Fan QS, Wanapat M, Hou FJ. Chemical composition of milk and rumen microbiome diversity of yak, impacting by herb-age grown at different phenological periods on the Qinghai-Tibet Plateau. *Animals* [Internet]. 2020 [cited 2023 Jul 21];10(6): Article 1030. Available from: <https://www.mdpi.com/2076-2615/10/6/1030>. doi: 10.3390/ani10061030.
2. Jami E, Israel A, Kotser A, et al. Exploring the bovine rumen bacterial community from birth to adulthood.. *The ISME Journal*. 2013;7(6):1069–79. doi: 10.1038/ismej.2013.2.
3. Islam M, Kim S-H, Ramos SC, et al. Holstein and jersey steers differ in rumen microbiota and enteric methane emissions even fed the same total mixed ration. *Front. Microbiol* [Internet]. 2021 [cited 2023 Jul 21];12: Article 601061. Available from: <https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2021.601061/full>. doi: 10.3389/fmicb.2021.601061.
4. Correia Sales GF, Carvalho BF, Schwan RF, et al. Heat stress influence the microbiota and organic acids concentration in beef cattle rumen. *Journal Therm Biol* [Internet]. 2021 [cited 2023 Jul 21];97: Article 102897. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0306456521000644?via%3Dihub>. doi: 10.1016/j.jtherbio.2021.102897.
5. Zhang YK, Zhang XX, Li FD, et al. Characterization of the rumen microbiota and its relationship with residual feed intake in sheep. *Animal* [Internet]. 2021 [cited 2023 Jul 21];15(3): Article 100161. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1751731120301634?via%3Dihub>. doi: 10.1016/j.animal.2020.100161.
6. Vahidi MF, Gharechahi J, Behmanesh M, et al. Diversity of microbes colonizing forages of varying lignocellulose properties in the sheep rumen. *Peer J* [Internet]. 2021 [cited 2023 Jul 21];11(9): Article e10463. Available from: <https://peerj.com/articles/10463/>. doi: 10.7717/peerj.10463.
7. Glendinning L, Genc B, Wallace RJ, et al. Metagenomic analysis of the cow, sheep, reindeer and red deer rumen. *Sci Rep* [Internet]. 2021 [cited 2023 Jul 21];11(1): Article 1990. Available from: <https://www.nature.com/articles/s41598-021-81668-9>. doi: 10.1038/s41598-021-81668-9.
8. McLoughlin S, Spillane C, Claffey N, et al. Rumen microbiome composition is altered in sheep divergent in feed efficiency. *Front. Microbiol* [Internet]. 2020 [cited 2023 Sep 28];11: Article 1981. Available from: <https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2020.01981/full>. doi: 10.3389/fmicb.2020.01981.
9. Ellison MJ, Conant GC, Lamberson WR, et al. Diet and feed efficiency status affect rumen microbial profiles of sheep. *Small Rumin. Res.* 2017;156:12–9. doi: 10.1016/j.smallrumres.2017.08.009.
10. Laptev GYu, Ilydyrym EA, Dunyashev TP, et al. [Taxonomic and functional features of the rumen microbiota in dairy cows diagnosed with ketosis]. *Sel'skokhozyaistvennaya biologiya*. 2021;56(2):356–73. doi: 10.15389/agrobiolgy.2021.2.356rus.
11. Ma Y, Yang X, Hua G, et al. Contribution of gut microbiomes and their metabolomes to the performance of Dorper and Tan sheep. *Front. Microbiol* [Internet]. 2022 [cited 2023 Jul 21];13: Article 1047744. Available from: <https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2022.1047744/full>. doi: 10.3389/fmicb.2022.1047744.
12. Sari WN, Safika, Darmawi, et al. Isolation and identification of a cellulolytic *Enterobacter* from rumen of Aceh cattle. *Veterinary World*. 2017;10(12):1515–20. doi: 10.14202/vetworld.2017.1515-1520.
13. Khafipour E, Laizier JC, Aikman PC, et al. Population structure of rumen *Escherichia coli* associated with subacute ruminal acidosis (SARA) in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 2011;94:351–60. doi: 10.3168/jds.2010-3435.
14. Aditya A, Rahaman SO, Biswas D. Impact of *Lactobacillus*-originated metabolites on enterohemorrhagic *E. coli* in rumen fluid. *FEMS Microbiol Ecol* [Internet]. 2022 [cited 2023 Jun 21];98(12): Article 128. Available from: <https://academic.oup.com/femsec/article/98/12/fiac128/6795928?login=false>. doi: 10.1093/femsec/fiac128.
15. Xu Sy, Feng Xr, Zhao W, et al. Rumen and hindgut microbiome regulate average daily gain of preweaning Holstein heifer calves in different ways. *Microbiome* [Internet]. 2024 [cited 2024 Apr 15];12: Article 131. Available from: <https://microbiomejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40168-024-01844-7>. doi:10.1186/s40168-024-01844-7.
16. Martinson JNV, Walk ST. *Escherichia coli* residency in the gut of healthy human adults. *EcoSal Plus* [Internet]. 2020 [cited 2024 Apr 15];9(1). Available from: <https://journals.asm.org/doi/10.1128/ecosalplus.esp-0003-2020>. doi: 10.1128/ecosalplus.esp-0003-2020.
17. Pang DG, Yang HJ, Cao BB, et al. The beneficial effect of *Enterococcus faecium* on the in vitro ruminal fermentation rate and extent of three typical total mixed rations in northern China. *Livest Sci.* 2014;167:154–60. doi: 10.1016/j.livsci.2014.06.008.
18. Wang C, Shi C, Zhang Y, et al. Microbiota in fermented feed and swine gut. *Appl Microbiol Biotechnol.* 2018;102:2941–8. doi: 10.1007/s00253-018-8829-4.
19. Mamud L, Kim SH, Biswas A, et al. Rumen fermentation and microbial community composition influenced by live *Enterococcus faecium* supplementation. *AMB Express* [Internet]. 2019 [cited 2023 Jun 21];9(123):1–12. Available from: <https://amb-express.springeropen.com/articles/10.1186/s13568-019-0848-8>. doi: 10.1186/s13568-019-0848-8.

Поступила в редакцию 16.05.2024 После доработки 13.07.2024 Принята к публикации 21.08.2024