

УДК 579.62

ИЗМЕНЕНИЕ МИКРОБИОТЫ РУБЦА У МОЛОЧНЫХ КОРОВ НА ФОНЕ ПРИМЕНЕНИЯ ПРОБИОТИКОВ**А.М. Харченко¹, М.И. Маркелова¹, Е.А. Булыгина¹, М.Н. Синягина¹, С.Ю. Маланин¹, Д.Р. Хуснутдинова¹, Е.О. Крупин², Ш.К. Шакиров², Т.В. Григорьева¹**¹Казанский (Приволжский) федеральный университет; ²Татарский научно-исследовательский институт сельского хозяйства, Казань, Россия

Применение методов секвенирования нового поколения в анализе микробиологических сообществ расширило наше понимание сложности и разнообразия целого ряда экосистем. В настоящее время насчитывается значительное количество зарубежных публикаций, описывающих микробиоту рубца молочных коров. Выясняется взаимосвязь различных заболеваний, диеты, психического состояния, а также географического распределения с микрофлорой рубца. Также по данным многих проектов известно, что микробиота связана с состоянием здоровья крупного рогатого скота и их продуктивностью [1, 2]. Понимание динамики и функции микробного сообщества открывает возможность коррекции микрофлоры в целях повышения качества жизни высокопродуктивных коров и их продуктивности [3]. Целью работы является оценка влияния пробиотического препарата КОК «Флорузим» на микрофлору рубца высокопродуктивных коров методом секвенирования нового поколения по 16S рРНК. Параметрами отбора в экспериментальную группу служили: принадлежность одному хозяйству, наличие лактации, отсутствие клинических проявлений заболеваний. В исследовании было 4 группы по 3 особи. В рацион трёх групп добавляли препарат КОК «Флорузим», содержащий микроорганизмы *Ruminococcus albus*, *Bacillus subtilis* и витаминподобное вещество L-карнитин, в дозах 150 г/гол; 200 г/гол и 250 г/гол. Четвёртая группа была контрольной. Нами было проведено выделение ДНК модифицированным фенольным методом из рубцовой жидкости, подготовка библиотек и последующее секвенирование по гену 16S рРНК на платформе IlluminaMiSeq. По результатам секвенирования было обнаружено, что в зависимости от дозы пробиотика увеличивалась относительная представленность рода *Butyrivibrio* и снижалась относительная представленность неклассифицированного рода *Succinivibrionaceae*. Вне зависимости от дозы пробиотика у особей, получавших препарат, наблюдалось появление рода *Oscillospira*, увеличение относительной представленности рода *YRC22*, рода *Butyrivibrio* и неклассифицированного рода *RFP12* по сравнению с контрольной группой. Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (Проект №18-34-00268) в рамках Программы повышения конкурентоспособности Казанского (Приволжского) федерального университета.

Ключевые слова: секвенирование нового поколения, 16S рДНК, метабеномика, сельское хозяйство.

Литература

1. Franzolin R. Microorganisms in the rumen and reticulum of buffalo (*Bubalus bubalis*) fed two different feeding systems / R. Franzolin, A. G. Wright // BMC Research Notes. 2016. V.9. 243p.
2. Ji Sh. Comparison of rumen bacteria distribution in original rumen digesta, rumen liquid and solid fractions in lactating Holstein cows / Sh. Ji, H. Zhang, H. Yan, A. Azarfar, H. Shi, G. Alugongo, Sh. Li, Zh. Cao, Y. Wang // Journal of Animal Science and Biotechnology. 2017. V.8. 16p.
3. Uyeno Y. Effect of Probiotics/Prebiotics on Cattle Health and Productivity / Y. Uyeno, S. Shigemori, T. Shimamoto // Microbes and Environments. 2015. V.30, N2. P. 126-132.