

Сравнительный анализ микробиоты рубца высокопродуктивных коров на фоне применения пробиотиков

Научный руководитель – Григорьева Татьяна Владимировна

Харченко А.М.¹, Вафин Ф.Р.², Хуснутдинова Д.Р.¹, Шакиров Ш.К.², Булыгина Е.А.¹,
Маркелова М.И.³, Снягина М.Н.³

1 - Казанский (Приволжский) федеральный университет, Институт фундаментальной медицины и биологии, Кафедра генетики, Казань, Россия; 2 - Казанская государственная академия ветеринарной медицины имени Н.Э.Баумана, Республика Татарстан, Россия; 3 - Казанский (Приволжский) федеральный университет, Институт фундаментальной медицины и биологии, Кафедра микробиологии, 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 «Флорюзим» 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 «Флорюзим», содержащий микроорганизмы *Ruminococcus albus*, *Bacillus subtilis* и витаминopodobное 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 16SpРНК 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.

Источники и 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. Shimosato // *Microbes and Environments*. 2015. V.30, N2. P. 126-132.