

ОСОБЕННОСТИ МЕТАНОГЕНЕЗА У МОЛОДНЯКА РАЗНЫХ ВИДОВ ЖВАЧНЫХ ЖИВОТНЫХ

*Колесник Никита Сергеевич, м.н.с., отдел физиологии и биохимии сельскохозяйственных животных, E-mail: kominisiko@mail.ru
ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста»*

Аннотация: В статье приведены результаты поисковых исследований за последние 10 лет в развитии метаногенного сообщества у молодняка жвачных животных.

Ключевые слова: жвачные животные, молодняк, микробная колонизация, метаногены, рубец

Введение. В связи с растущими экологическими проблемами, связанными с выбросами метана в процессе содержания жвачных животных, многочисленные исследования направлены на изучение и управления метаногенезом в рубце. Изменения микробной колонизации кишечника сельскохозяйственных животных в раннем возрасте часто приводят к необратимым последствиям для формирования микробиоты рубца (Furman et al., 2020; Guo et al., 2020). Микробиота рубца в основном представлена анаэробами, которые производят различные соединения во время ферментации, используемые непосредственно хозяином или другими микроорганизмами. Метан вырабатывается метаногенами за счет использования метаболического водорода во время ферментации рубца (Hassan et al., 2020). Рубцовая микробиота взрослых жвачных животных обеспечивает стабильность среды рубца и поддерживает пищеварительную функцию хозяина в различных условиях кормления и содержания (Weimer, 2015). Данные свойства препятствуют управлению ферментацией рубца путем избирательного воздействия на группы микроорганизмов. Однако некоторые исследования на мелких жвачных животных показывают, что в раннем возрасте микробное сообщество рубца может быть более пластичным и, следовательно, им легче манипулировать (Yáñez-Ruiz et al., 2010; De Barbieri et al., 2015).

Цель нашего исследования заключалась в обзоре современной литературы по вопросу образования метана в организме молодняка разных видов жвачных животных.

Материалы и методы. С этой целью были проанализированы научные статьи, публикуемые в базах WoS, Scopus за последние 10 лет.

Результаты и их обсуждение. Прогрессирующая микробная колонизация желудочно-кишечного тракта жвачных начинается с первых дней жизни, когда происходит первый контакт с окружающей средой (Rey et al., 2013).

Активация процессов брожения в рубце начинается с введения в рацион грубых кормов, причем резкий сдвиг происходит при полном исключении из рациона молока, при этом сильно меняется состав микробиома рубца и кишечника (Meale et al., 2017; 2016). В исследовании Zhou et al. (2014) изучалось распределение и состав метаногенного сообщества в рубце, подвздошной кишке и толстой кишке 3–4-недельных молочных телят ($n = 4$) с использованием анализа библиотеки клонов генов 16S рРНК. Основная цель этих исследований заключалась в том, чтобы понять состав сообщества метаногенов и выявить факторы, изменяющие популяции метаногенов, чтобы можно было сократить производство метана и повысить продуктивность животных и/или эффективность кормов. Филотипический анализ показал, что большинство операционных таксономических единиц (OTU) напоминали виды *Methanobrevibacter*, такие как *Methanobrevibacter ruminantium*, *Methanobrevibacter* sp AbM4, *Methanobrevibacter smithii* и *Methanobrevibacter wolinii*, о которые являются основными филотипами, присутствующими в рубце взрослого крупного рогатого скота. Метаногенные сообщества, присутствующие в 3 отделах желудочно-кишечного тракта новорожденных телят в этом исследовании, были менее разнообразны, чем сообщалось ранее для взрослых животных, что позволяет предположить, что симбиотические метаногены изменяются с возрастом и становятся более разнообразными при переходе от молока к питанию клетчаткой (Zhou et al., 2014). Исследование Guzman et al. (2015) показывает, что менее чем через 20 минут после рождения в ЖКТ телят присутствуют метаногены, *Geobacter* spp. и фибролитические бактерии. Более того, состав микробного сообщества на всем протяжении ЖКТ телят до 3-дневного возраста варьировал по численности между компартментами (рубец, слепая кишка и сычуг) и фекалиями. Метаногены были обнаружены до колонизации простейшими, что позволяет предположить, что другие микроорганизмы, такие как *Geobacter* виды могут играть роль в снабжении водородом и переносе электронов. Присутствие фибролитических бактерий в рубце и слепой кишке до того, как телята научились потреблять и переваривать твердую клетчатку, указывают на то, что данные бактерии могут использовать питательные вещества, полученные из молозива или обеспечиваемые другими видами микроорганизмов (Guzman et al., 2015). Friedman et al. (2017) исследовали метаболический потенциал и таксономический состав метаногенных сообществ на разных стадиях развития рубца. Выявлено, что метаногенные сообщества у новорожденных телят способны к метаболическим функциям, о чем свидетельствует их способность продуцировать метан уже через 2 дня после рождения. Метаногенные таксоны обнаруживаются исключительно в рубце новорожденных и развивающихся телят, таких как отряд *Methanosarcinales*, было показано, что они растут на широком диапазоне субстратов, отличных от H_2 и CO_2 , таких как метанол, метиламины и ацетат, предлагая альтернативные стратегии производства метана, которые позволяют им процветать на этих начальных стадиях. Наоборот, у половозрелых животных подавляющее преобладание отряда *Methanobacteriales* (>95% у 2-летних телок), который, как известно, преимущественно производит метан по гидрогенотрофному пути, может объяснить значительно более высокое

увеличение производства метана при добавлении водорода. Эти данные свидетельствуют о том, что фильтрация окружающей среды действует на сообщества архей и отбирает разные метаногенные линии на разных стадиях роста, влияя на функциональность этой экосистемы (Friedman et al., 2017.).

Результаты исследования Wang et al. (2017) на черных козлятах показали, что активные метаногены колонизировались в рубце через первые сутки после рождения. *Methanobrevibacter*, *Candidatus Methanomethylophilus* и *Methanosphaera* были тремя ведущими родами (Wang et al. 2017).

В исследовании Mao et al. (2021) охарактеризовали микробиоту рубца в возрасте 30 и 45 дней до отъема и изменения, которые происходят после отъема (5 дней) в разнообразии, составе и прогнозируемых функциональных особенностях бактериальных и архейных сообществ рубца. Ягнята в двух возрастных группах получали одинаковый рацион и демонстрировали одинаковые уровни потребления корма. В данном исследовании во всех образцах рубца был идентифицирован только тип Euryarchaeota, при этом род *Methanobrevibacter* преобладал значительно больше (92,3–97%), чем *Methanosphaera* (3–7,7%). Не было существенной разницы в относительной численности любого из этих двух родов в рубцовом содержимом ягнят ($P > 0,05$). Более того, сообщества архей были признаны менее разнообразными (3–4% микробиома рубца) и менее изменчивыми, чем другие микробные домены, что может быть связано с установлением стабильных метаногенных сообществ в рубце в очень раннем возрасте (Mao et al. 2021).

Заключение. В результате анализа источников литературы выявлено, что у ягнят и козлят в течение первых суток после рождения активно выявлены два рода метаногенов – *Methanobrevibacter* и *Methanosphaera*, тогда как у телят обнаружен – *Methanosarcinales*. И как показывают последние исследования, метаногенные сообщества рубца молодняка жвачных животных в раннем возрасте менее разнообразны и большее влияние на их развитие оказывают влияния факторы окружающей среды.

Библиографический список

1. Furman, O., Shenhav, L., Sasson, G., et al. Stochasticity constrained by deterministic effects of diet and age drive rumen microbiome assembly dynamics / O. Furman, L Shenhav, G. Sasson et al. // Nat Commun. – 2020. – 11. – P. 1–3.
2. Guo, C.Y., Ji, S.K., Yan, H., et al. Dynamic change of the gastrointestinal bacterial ecology in cows from birth to adulthood / C.Y. Guo, S.K. Ji, H. Yan et al. // Microbiol Open.- 2020. – 9. -e1119.
3. Hassan F.U., Arshad M.A., Ebeid H.M., Rehman M.S., Khan M.S., Shahid S., Yang C. Phytogetic additives can modulate rumen microbiome to mediate fermentation kinetics and methanogenesis through exploiting diet–microbe interaction / Hassan F.U., Arshad M.A., Ebeid H.M., et al. - Front Vet Sci. – 2020. -7. – P. 575801.DOI: 10.3389/fvets.2020.575801
4. Weimer, P. J. Redundancy, resilience and host specificity of the ruminal microbiota: Implications for engineering improved ruminal fermentations / P. J. Weimer // Front. Microbiol. – 2015. – 6. – P. 296. DOI: 10.3389/fmicb.2015.00296

5. Yáñez-Ruiz, D. R., Macías, B., Pinloche, E., Newbold, C. J. The persistence of bacterial and methanogenic archaeal communities residing in the rumen of young lambs / D. R. Yáñez-Ruiz, B. Macías, E. Pinloche, C. J. Newbold // *FEMS Microbiol. Ecol.* – 2010. – 72. – P. 272–278. DOI:10.1111/j.1574-6941.2010.00852.x;
6. De Barbieri, I., Hegarty, R. S., Silveira, C., Gulino, L. M., Oddy, V. H., Gilbert, R. A., et al. Programming rumen bacterial communities in newborn Merino lambs/ I. De Barbieri, R. S. Hegarty, C. Silveira, L. M. Gulino, V. H. Oddy, R. A. Gilbert, et al. // *Small Ruminant Res.* – 2015. – 129. – P.48–59. DOI:10.1016/j.smallrumres.2015.05.015.
7. Rey, M., Enjalbert, F., Combes, S., et al. Establishment of ruminal bacterial community in dairy calves from birth to weaning is sequential / M Rey, F Enjalbert, S Combes et al. // *J Appl Microbiol.* – 2013. – 116. – P. 245–257. DOI: 10.1111/jam.12405
8. Meale, S. J., Li, S. C., Azevedo P. et al. Weaning age influences the severity of gastrointestinal microbiome shifts in dairy calves / S. J. Meale, S. C. Li, P. Azevedo et al. // *Sci Rep.* – 2017. – 7. – P. 198. DOI: 10.1038/s41598-017-00223-7/
9. Meale, S. J. et al. Development of ruminal and fecal microbiomes are affected by weaning but not weaning strategy in dairy calves / S. J. Meale, et al. // *Front Microbiol.* – 2016. – 7. DOI:10.3389/fmicb.2016.00582
10. Zhou, M. , Chen, Y., Griebel P. J et al. Methanogen prevalence throughout the gastrointestinal tract of pre-weaned dairy calves / M. Zhou, Y. Chen, P. J Griebel et al. // *Gut Microbes.* – 2014. - 5(5). – P. 628–638. DOI:10.4161/19490976.2014.969649
11. Guzman, C.E., Bereza-Malcolm, L.T., De Groef, B. et al. Presence of selected methanogens, fibrolytic bacteria, and proteobacteria in the gastrointestinal tract of neonatal dairy calves from birth to 72 hours / C.E Guzman, L.T. Bereza-Malcolm, B. De Groef, et al. // *PLoS One.* 2015. – 10(7). -e0133048. DOI:10.1371/journal.pone.0133048
12. Friedman, N., Jami, E., Mizrahi I. Compositional and functional dynamics of the bovine rumen methanogenic community across different developmental stages / N. Friedman, E. Jami, I. Mizrahi // *Environ Microbiol.* – 2017. - 19(8). – P. 3365–3373. DOI: 10.1111/1462-2920.13846
13. Wang, Z., Elekwachi, C. O., Jiao J. et al. Investigation and manipulation of metabolically active methanogen community composition during rumen development in black goats / Z. Wang, C. O. Elekwachi, J. Jiao et al. // *Sci Rep.* – 2017. – 7. – P. 422. DOI: 10.1038/s41598-017-00500-5/
14. Mao, H., Zhang, Y., Yun, Y. et al. Weaning Age Affects the Development of the Ruminal Bacterial and Archaeal Community in Hu Lambs During Early Life / H. Mao, Y. Zhang, Y. Yun et al. // *Front Microbiol.* – 2021. – 12. – P. 636865. DOI:10.3389/fmicb.2021.636865