

3. Bhat, M. Y., Dar, T. A., and Laishram Rajendrakumar Singh, S. K. (2016). "Casein proteins: Structural and functional aspects," in Milk proteins. Editor I. Gigli (London, UK: IntechOpen), 296.
4. Ghosh, D., Das, S., Bagchi, D., and Smarta, R. B. (2016). Innovation in healthy and functional foods. Boca Raton, FL, USA: CRC Press.
5. McMahon, D. J., and Brown, R. J. (1984). Composition, structure, and integrity of casein micelles: A review. J. Dairy Sci. 67, 499–512. doi:10.3168/jds.S0022-0302(84)81332-6.
6. Rahmatalla, S.A., Arends, D., Said Ahmed, A., Hassan, L.M.A., Krebs, S., Reissmann, M. and Brockmann, G.A. (2021) Capture Sequencing to Explore and Map Rare Casein Variants in Goats. Front. Genet. 12:620253. doi: 10.3389/fgene.2021.620253.
7. Ramunno, L., Cosenza, G., Pappalardo, M., Longobardi, E., Gallo, D., Pastore, N., et al. (2001a). Characterization of two new alleles at the goat CSN1S2 locus. Anim. Genet. 32, 264–268. doi:10.1046/j.1365-2052.2001.00786.x.
8. Ramunno, L., Longobardi, E., Pappalardo, M., Rando, A., Di Gregorio, P., Cosenza, G., et al. (2001b). An allele associated with a non-detectable amount of alpha s2 casein in goat milk. Anim. Genet. 32, 19–26. doi:10.1046/j.1365-2052.2001.00710.x.
9. Vacca, G. M., Dettori, M. L., Piras, G., Manca, F., Paschino, P., and Pazzola, M. (2014). Goat casein genotypes are associated with milk production traits in the Sarda breed. Anim. Genet. 45, 723–731. doi:10.1111/age.12188.
10. Yue, X. P., Fang, Q., Zhang, X., Mao, C. C., Lan, X. Y., Chen, H., et al. (2013). Effects of CSN1S2 genotypes on economic traits in Chinese dairy goats. Asian-Australas. J. Anim. Sci. 26, 911–915. doi:10.5713/ajas.2013.13018.
11. Lan, X., Chen, H., Zhang, R., Tian, Y., Zhang, Y., Fang, X., et al. (2005). Association of polymorphisms of CSN1S2 gene with average milk yield and body sizes indexes in Xinong Saanen dairy goat. Acta Veterinaria Zootechnica Sinica 36, 318–322.

УДК 619 : 636.52/. 58 : 636.5.087.8 : 616.34

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ИССЛЕДОВАНИЯ МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА ЖЕЛУДОЧНО-КИШЕЧНОГО ТРАКТА ЖИВОТНЫХ

Загарин Артем Юрьевич, аспирант, ассистент, ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева

***Аннотация.** Дан обзор современных исследований микробиома кишечника моногастричных и рубца жвачных животных в зависимости от различных паратипических факторов с применением современных молекулярно-генетических методов исследований – NGS-секвенирования и T-RFLP-анализа.*

Ключевые слова: микробиом, секвенирование, ПЦР-ПДРФ.

Повышение эффективности животноводства требует всестороннего изучения влияния различных факторов на механизмы, лежащие в основе формирования уровня продуктивности и состояния здоровья животных. В первую очередь, это касается факторов питания. Одной из важных составляющих выяснения биологического ответа животного является анализ микробного сообщества его желудочно-кишечного тракта – кишечника моногастричных и рубца жвачных [1].

Традиционно, микробиоценоз любых биологических сред исследовали с применением классических методов микробиологии – посевом и культивированием микроорганизмов на питательных средах и подсчетом КОЕ. Однако, применение данных технологий имеет ряд недостатков перед новыми молекулярно-генетическими методами, в частности – неточность в подсчете колоний, сложность культивирования анаэробных микроорганизмов и невозможность идентификации микроорганизмов, не способных образовывать колонии на питательных средах [2].

Это обуславливает актуальность использования точных инновационных биотехнологий, основанных на идентификации представителей микробного сообщества с помощью анализа их генетического материала. Наиболее часто используемыми методами являются T-RFLP-анализ (Terminal restriction fragment length polymorphism) или ПЦР-ПДРФ (полимеразная цепная реакция – полиморфизм длин рестрикционных фрагментов), механизм которого основан на определении микроорганизмов учитывая их полиморфные длины рестрикционных фрагментов ДНК, и более эффективный способ – NGS-секвенирование нового поколения, который позволяет с высокой точностью определить качественный и количественный состав микробного сообщества на разных таксономических уровнях – филумы, роды, сообщества, виды и т.д. [3, 4].

Цель представленного мини-обзора – обобщение и консолидация данных о микробиомных исследованиях желудочно-кишечного тракта различных сельскохозяйственных животных, выявленных с помощью современных молекулярно-генетических технологий.

В наибольшей степени микробиомные исследования характерны для птицеводства. Так, с помощью метода высокоэффективного NGS-секвенирования было установлено влияние таких алиментарных факторов, как белковые компоненты корма [5], минеральные добавки [6], наличие ксенобиотиков в кормах [7], использование в питании фитобиотиков [8], пробиотиков [9] и синбиотиков [10] на микробиом слепых отростков кишечника цыплят-бройлеров различных кроссов.

Большое количество научной литературы посвящено влиянию кормовых средств и добавок на микробное сообщество ЖКТ кур-несушек. В частности, установлены изменения численности представителей филумов *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Firmicutes*, *Tenericutes* и *Cyanobacteria*, класса *Bacteroidia*, родов

Lactobacillales и *Clostridiales*, семейства *Ruminococcaceae* в слепых отростков кишечника кур-несушек кросса «Хай-Лайн» под влиянием природного адаптогена на основе минерала шунгит [11], филума *Actinobacteria*, порядков *Ruminococcaceae* и *Lactobacillales* – у кур кросса Хайсекс Браун при использовании в питании лактулозосодержащего пребиотика [12], филума *Firmicutes* и семейств *Lactobacillaceae* и *Clostridiaceae* в его структуре – у кур несушек кросса Ломман Уайт под влиянием пробиотика на основе *Bacillus megaterium* штамм В-4801 и *Enterococcus faecium* штамм 1-35 [13].

В свиноводстве, также отличающемся высокими объемами производства на промышленной основе, микробиомные исследования представлены широким диапазоном. Отечественными учеными с использованием высокопроизводительного секвенирования изучены грибной микробиом и виром свиней, характеризующихся разной конверсией корма [14, 15], установлены таксономические особенности микробиома разных отделов кишечника свиней [16].

В то время как у моногастричных животных преимущественно изучают микробиом кишечника, при этом по большей части – слепого отдела (слепых отростков у птицы), у жвачных изучают микробиом рубца в силу множества его функций и большой роли в физиологических процессах организма-хозяина. В частности, был изучен рубцовый микробиом крупного рогатого скота молочного направления продуктивности в зависимости от физиологического состояния.

Результаты исследований свидетельствовали о доминировании в рубце коров черно-пестрой голштинизированной породы суперфилума *Bacteroidota* и филума *Firmicutes*, их численность составила $59,94 \pm 1,86$ и $46,82 \pm 14,40$ % от всего микробиома соответственно. Были выявлены такие особенности, как отсутствие суперфилума *Actinobacteriota* у лактирующих коров, суперфилума *Armatimonadota* у новотельных коров и коров в период стабилизации лактации, филума *Chloroflexi* — у особей в периоды раздоя и стабилизации лактации. Установлено возникновение в составе микробиома рубца коров в новотельный период и сокращение в последующие периоды лактации родов *Asteroleplasma*, *Sharpea*, *Moryella*, *Oribacterium*, *Shuttleworthia* [17].

В скотоводстве активно изучают влияние различных кормовых факторов на структуру микробиома рубца. Так выявлено, что дополнительное введение льняного масла в состав рациона бычков казахской белоголовой породы способствовало повышению видового разнообразия микробиома рубца, концентрации бактерий филума *Bacteroidetes*, а также представителей домена археи, участвующих в метаногенезе рубца [18], использование в их питании подсолнечного масла способствует росту численности семейств *Lachnospiraceae* и *Lentimicrobiaceae*, в то время как совместное использование масла с ультрадисперсными частицами оксида хрома ведет к сокращению семейств *Lachnospiraceae* и *Succinivibrionaceae* [19], а скармливание бычкам данной породы дополнительно источника меди в совокупности с травой полыни приводило к повышению некультивируемых бактерий *Bacteroidales* и

представителей семейства *Candidatus Saccharibacteria* [20].

Микробиом рубца овец также является объектом молекулярно-генетических исследований. Так, изучен микробное разнообразие рубца овец под влиянием минеральных добавок [21], разного уровня концентратов [22], дрожжей [23] и других кормовых факторов.

Таким образом, в научной литературе динамично растет количество работ, направленных на изучение микробного состава желудочно-кишечного тракта кишечника у моногастричных и рубца у жвачных животных, что позволит наиболее полно понимать биологические механизмы, детерминирующие формирование определенного уровня продуктивности и состояния здоровья животных. При этом, молекулярно-генетические методы микробиомных исследований, такие как ПЦР-ПДРФ и NGS-секвенирование, позволяют наиболее точно и эффективно идентифицировать представителей различных таксономических уровней микробиома, что указывает на их преимущества.

Работа выполнена за счет средств программы развития университета в рамках Программы стратегического академического лидерства «Приоритет-2030».

Библиографический список

1. Микробиом сельскохозяйственных животных: связь со здоровьем и продуктивностью / Г. Ю. Лаптев, Н. И. Новикова, Е. А. Ёылдырым [и др.]. – Санкт-Петербург: Проспект Науки, 2020. – 336 с.
2. Современные представления о микрофлоре кишечника птицы при различных рационах питания: молекулярно-генетические подходы / В. И. Фисинин, Г. Ю. Лаптев, И. А. Егоров [и др.]; Всероссийский научно-исследовательский и технологический институт птицеводства Российской академии наук; Общество с ограниченной ответственностью "БИОТРОФ+". – Сергиев Посад: Всероссийский научно-исследовательский и технологический институт птицеводства, 2017. – 263 с.
3. Микробиом кур: современный взгляд / Е. А. Ёылдырым, Л. А. Ильина, В. А. Филиппова [и др.] // Птицеводство. – 2019. – № 1. – С. 43-49.
4. Дмитриев, К.Ю. Применение молекулярно-биологических методов исследований в птицеводстве / К.Ю. Дмитриев // Птицеводство. – 2021. – № 12. – С. 59-63.
5. Экспрессия генов, состав микробиома кишечника и биохимические показатели крови при использовании белого люпина в комбикормах для бройлеров / И. А. Егоров, В. Г. Вертипрахов, Т. Н. Ленкова [и др.] // Птицеводство. – 2020. – № 12. – С. 15-20.
6. Кван, О. В. Влияние ультрадисперсных частиц меди и железа на микробиоценоз кишечника цыплят-бройлеров / О. В. Кван, Е. А. Сизова, И. А. Вершинина // Аграрная наука. – 2024. – № 2. – С. 61-65.
7. Состав и метаболический потенциал микробиома кишечника бройлеров *Gallus gallus* L. Под влиянием кормовых добавок при экспериментальном Т-2 токсикозе / Е. А. Ёылдырым, А. А. Грозина, В. Г. Вертипрахов [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2022. – Т. 57, № 4. – С. 743-761.

8. Метагеномный анализ микробиома кишечника и биохимический состав мяса бройлеров при использовании растительного экстракта *Quercus cortex* в рационах / В. А. Багиров, А. С. Ушаков, Г. К. Дускаев [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2020. – Т. 55, № 4. – С. 682-696.
9. От науки к практике: рациональный подход к контролю микрофлоры кишечника птицы / И. И. Кочиш, О. В. Мясникова, И. Н. Никонов, А. А. Худяков // Птицеводство. – 2023. – № 1. – С. 39-42.
10. Оценка эффективности действия синбиотика на микробиом кишечника цыплят-бройлеров в условиях промышленной птицефабрики / И. И. Кочиш, О. В. Мясникова, И. Н. Никонов [и др.] // Птицеводство. – 2023. – № 6. – С. 29-34.
11. Кочиш, И. И. Анализ микробиома кишечника у молодняка кур-несушек кросса «Хай-Лайн» на фоне применения минерала шунгита / И. И. Кочиш, Р. Г. Аксенов, И. Н. Никонов // Нормативно-правовое регулирование в ветеринарии. – 2023. – № 2. – С. 159-163.
12. Влияние пребиотической кормовой добавки на физиологические, продуктивные показатели и состав микробиома кишечника кур-несушек кросса Хайсекс Браун / И. Ф. Горлов, Н. В. Калинина, З. Б. Комарова [и др.] // Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: Наука и высшее профессиональное образование. – 2024. – № 2(74). – С. 223-230.
13. Микрофлора кишечника кур и экспрессия связанных с иммунитетом генов под влиянием пробиотической и пребиотической кормовых добавок / И. И. Кочиш, О. В. Мясникова, В. В. Мартынов, В. И. Смоленский // Сельскохозяйственная биология. – 2020. – Т. 55, № 2. – С. 315-327.
14. Исследование разнообразия грибного микробиома кишечника свиней при различной конверсии корма / М. Ю. Сыромятников, С. В. Шабунин, Е. Ю. Нестерова [и др.] // Ветеринарный фармакологический вестник. – 2023. – № 4(25). – С. 151-162.
15. Анализ виroma кишечника свиней группы откорма с различной конверсией корма / М. Ю. Сыромятников, С. В. Шабунин, Е. Ю. Нестерова [и др.] // Ветеринарный фармакологический вестник. – 2023. – № 4(25). – С. 106-121.
16. Исследование микробиомного состава отделов кишечника свиней методом высокопроизводительного секвенирования / М. В. Грязнова, Ю. Д. Дворецкая, М. Ю. Сыромятников [и др.] // Ветеринарный фармакологический вестник. – 2022. – № 1(18). – С. 69-78.
17. Биоразнообразие и метаболические функции микробиома рубца у молочных коров в разные физиологические периоды / Г. Ю. Лаптев, Е. А. Йылдырым, Т. П. Дуняшев [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2021. – Т. 56, № 4. – С. 619-640.
18. Влияние дополнительного введения льняного масла на изменение микробиома рубца крупного рогатого скота / Е. В. Шейда, С. В. Лебедев, С. А. Мирошников [и др.] // Животноводство и кормопроизводство. – 2021. – Т. 104, № 2. – С. 84-95.

19. Шейда, Е. В. Изучение влияния различных добавок на ферментативные процессы в рубце и таксономический состав микробиома / Е. В. Шейда // Аграрный вестник Урала. – 2022. – № 3(218). – С. 72-82.

20. Микробиом рубца молодняка крупного рогатого скота, получавшего пищевые добавки с медью и травой полыни: состав и функциональный профиль / Е. В. Шейда, В. А. Рязанов, Г. К. Дускаев, Ш. Г. Рахматуллин // Аграрный научный журнал. – 2024. – № 1. – С. 96-105.

21. Состав микробиоценоза рубца и микроструктура стенки тощей кишки у эдильбаевских баранчиков (*Ovis aries* L.) специального откорма / Т. М. Гиро, Л. А. Ильина, А. В. Куликовский [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2024. – Т. 59, № 2. – С. 258-273.

22. Микробиологические показатели в рубце овец при скармливании разного уровня концентратов / Н. С. Колесник, А. А. Зеленченкова, П. С. Вьючная, О. А. Артемьева // Аграрная наука. – 2024. – № 7. – С. 85-90.

23. Никанова, Д. А. Влияние живых дрожжей на микробиоценоз и ферментативные процессы в рубце овец / Д. А. Никанова // Ветеринария и кормление. – 2023. – № 7. – С. 57-60.

УДК 636.74.044.7

СРАВНИТЕЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА СОБАК ПОРОД КАВКАЗСКАЯ ОВЧАРКА И МОСКОВСКАЯ СТОРОЖЕВАЯ НА ОСНОВЕ АНАЛИЗА МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ И ЭКСТЕРЬЕРНЫХ ПОКАЗАТЕЛЕЙ

Зорин Дмитрий Николаевич, аспирант, ассистент, ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К. А. Тимирязева.

Гладких Марианна Юрьевна, к.с.-х.н., доцент, и.о. зав. кафедрой, ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К. А. Тимирязева.

Аннотация. В статье приведена сравнительная характеристика собак пород кавказская овчарка и московская сторожевая на основе экстренных показателей и результатов генотипирования по 21 микросателлитному маркеру. Морфометрический анализ кавказских овчарок и московских сторожевых собак выявил незначительные различия в экстерьере. Проведённый анализ, генетической структуры показал чёткую генетическую дифференциацию двух пород.

Ключевые слова: служебные собаки, признаки экстерьер, фенотипическое и генетическое разнообразие.

В послевоенный период из-за нехватки служебных собак выполняющих караульные задачи на базе военного кинологического питомника «Красная звезда» в 50-ые года XX века, коллективом под руководством профессора Н.А. Ильина и генерал-майора Медведева Г.П. путём сложного воспроизводитель-