Научная статья
УДК 579.262; 636.09
DOI: 10.26897/0021-342X-2026-1-144-153

ЗООТЕХНИЯ, БИОЛОГИЯ И ВЕТЕРИНАРНАЯ МЕДИЦИНА

Характеристика микробиома желудочно-кишечного тракта белой куропатки (*Lagopus lagopus*)

Семен Викторович Николаев✉, **Андрей Викторович Филатов**

Институт агробиотехнологий им. А.В. Журавского Коми НЦ УрО РАН,
Сыктывкар, Россия

✉**Автор, ответственный за переписку:** semen.nikolaev.90@mail.ru

Аннотация
Белая куропатка распространена в северных регионах и предпочитает кустарниковую растительность. Зимой ее рацион ограничен побегами ив и берез, поэтому пищеварительная система куропаток адаптирована к усвоению грубой растительной пищи, что обеспечивается особенностями строения ЖКТ. Цель исследований – изучение микробиома пищеварительного тракта белой куропатки в зимний период. Объектом исследований являлись образцы содержимого зоба, тощей, подвздошной и слепой кишок. Анализ проводили методом ПЦР в реальном времени с использованием набора «Колонофлор Премиум». По результатам исследований в кишечнике белой куропатки были выявлены бактерии с целлюлозолитической и антагонистической активностью – такие, как *Bacteroides spp., Blautia spp., Roseburia inulinivorans и Faecalibacterium prausnitzii*. Наиболее многочисленными представителями являлись бактероиды, количество которых в слепых отростках составляла $3{,}0 \times 10^{11}$–$4{,}0 \times 10^{11}$ ГЭ/г, в тощей и подвздошной кишках – $1{,}0 \times 10^{7}$–$9{,}0 \times 10^{7}$ и $7{,}0 \times 10^{7}$–$1{,}0 \times 10^{8}$ ГЭ/г соответственно. *Roseburia inulinivorans* в основном встречалась в содержимом слепых отростков, где ее концентрация находилась в диапазоне от $3{,}0 \times 10^{6}$ до $2{,}0 \times 10^{7}$ ГЭ/г. *Faecalibacterium prausnitzii* детектировалась в зобе на уровне $1{,}0 \times 10^{5}$–$4{,}0 \times 10^{5}$ ГЭ/г, а также в тощей и подвздошной кишках в количестве $2{,}0 \times 10^{6}$ ГЭ/г. Концентрация представителей рода *Bifidobacterium* в различных отделах ЖКТ находилась в диапазоне от $1{,}0 \times 10^{7}$ до $8{,}0 \times 10^{10}$ ГЭ/г, а *Lactobacillus* – от $1{,}0 \times 10^{7}$до $4{,}0 \times 10^{7}$ ГЭ/г. Метагенные бактерии *Methanobrevibacter smithi* не были обнаружены в ЖКТ белой куропатки, а *Methanosphaera stadmanae* был идентифицирован только в слепых отростках на уровне $9{,}0 \times 10^{7}$–$6{,}0 \times 10^{8}$ ГЭ/г. Условно-патогенная микрофлора была представлена бактериями рода *Acinetobacter, Escherichia, Enterobacter, Enterococcus, Staphylococcus.* Выявленные представители симбиотической микрофлоры представляют научный интерес и могут быть использованы в качестве штаммов-продуцентов для разработки ферментативных и пробиотических средств.

Ключевые слова
белая куропатка, микробиом кишечника, слепая кишка, пробиотические микроорганизмы, полимеразная цепная реакция, условно-патогенная микрофлора

Для цитирования
Николаев С.В., Филатов А.В. Характеристика микробиома желудочно-кишечного тракта белой куропатки (*Lagopus lagopus*) // *Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии.* 2026. № 1. С. 144–153.

Characteristics of the gastrointestinal microbiome of the white partridge (*Lagopus lagopus*)

Semen V. Nikolaev✉**, Andrey V. Filatov**

A.V. Zhuravsky Institute of Agrobiotechnology, Komi Science Centre of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Syktyvkar, Komi Republic, Russia

✉**Corresponding author:** semen.nikolaev.90@mail.ru

Abstract

The white partridge is widely distributed across northern regions, primarily inhabiting shrub-dominated environments. During winter, its diet is restricted to the shoots of willow and birch; consequently, the bird's digestive system is uniquely adapted for the digestion of coarse plant material, facilitated by specific anatomical features of the gastrointestinal tract. This study ainmed to investigate the gastrointestinal microbiome of the white partridge during the winter period. The study objects included contents from the goiter, jejunum, ileum, and cecum. Analysis was performed via real-time PCR using the Colonoflor Premium test system. The results revealed the presence of bacteria with cellulolytic and antagonistic activities, such as *Bacteroides* spp., *Blautia* spp., *Roseburia inulinivorans*, and *Faecalibacterium prausnitzii*. Bacteroides were the most abundant group, with concentrations in the ceca ranging from 3.0×10^{11} to 4.0×10^{11} GE/g, while concentrations in the jejunum and ileum were 1.0×10^{7}–9.0×10^{7} GE/g and 7.0×10^{7}–1.0×10^{8} GE/g, respectively. *Roseburia inulinivorans* was primarily detected in the cecal contents, with concentrations between 3.0×10^{6} and 2.0×10^{7} GE/g. *Faecalibacterium prausnitzii* was identified in the goiter (1.0×10^{5}–4.0×10^{5} GE/g) as well as in the jejunum and ileum (approximately 2.0×10^{6} GE/g). The concentration of *Bifidobacterium* species across various gastrointestinal sections ranged from 1.0×10^{7} to 8.0×10^{10} GE/g, and *Lactobacillus* from 1.0×10^{7} to 4.0×10^{7} GE/g. Among methanogens, *Methanobrevibacter smithii* was not detected, whereas *Methanosphaera stadtmanae* was identified exclusively in the ceca at levels of 9.0×10^{7}–6.0×10^{8} GE/g. The opportunistic microflora was represented by the genera *Acinetobacter*, *Escherichia*, *Enterobacter*, *Enterococcus*, and *Staphylococcus*. The identified symbiotic microorganisms are of significant scientific interest and may serve as producer strains for the development of enzymatic and probiotic agents.

Keywords

partridge, gut microbiome, cecum, probiotic microorganisms, polymerase chain reaction, opportunistic microflora

For citation

Nikolaev S.V., Filatov A.V. Characteristics of the gastrointestinal microbiome of the white partridge (*Lagopus lagopus*). *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy.* 2026;(1):144–153.

Введение

Introduction

Белая куропатка (*Lagopus lagopus*) распространена в северных регионах включая тундру и тайгу Северного полушария. Эти птицы предпочитают открытые пространства и тесно связаны с кустарниковой растительностью, которая служит для них основным источником пищи круглый год. В зимний период условия для куропаток

становятся крайне суровыми, что вынуждает их мигрировать и сталкиваться с недостатком растительной пищи, а также с ухудшением ее качества. Зимой рацион белой куропатки ограничивается несколькими видами ив и берез, что зависит от особенностей региона их обитания [1–3]. Наиболее привлекательными для них являются однолетние ивовые побеги диаметром 1,5–2,5 мм. При их отсутствии куропатки переходят на питание веточками более старых (3–4-летних) ивовых и чозениевых кустов. По наблюдениям А.В. Андреева [4], питательность зимнего рациона зависит не только от калорийности, но и от способности организма птицы усваивать пищу. Эффективность использования растительных кормов зимой обеспечивается особенностями пищеварительной системы белой куропатки, характерными для тетеревиных птиц. У них есть объемистый зоб, хорошо развитый мускульный желудок и слепые отростки кишечника. В пищеварительной системе куропаток есть особый узел, где соединяются тонкая, слепая (с двумя отростками) и прямая кишки. Непереваренное содержимое тонкого кишечника попадает в прямую кишку и выводится в виде экскрементов, а жидкое содержимое поступает в слепые кишки для дальнейшего переваривания и всасывания. Слепая кишка занимает более половины объема брюшной полости [5].

Вопросы, связанные с пищеварением у белой куропатки, остаются недостаточно изученными, а некоторые описания исследователей могут быть противоречивыми. Поэтому исследование микробиома кишечника этого вида представляет большой интерес.

Важно отметить, что классические методы изучения микрофлоры пищеварительного тракта, основанные на культивировании микроорганизмов, не позволяют полностью оценить их видовое разнообразие. Это связано с тем, что многие виды не могут быть выращены в лабораторных условиях. В связи с этим наиболее перспективными и результативными подходами к исследованию микробиома являются технологии, основанные на анализе микробной ДНК [6–8].

Цель исследований: изучение особенностей микробиома различных отделов ЖКТ у белой куропатки.

Методика исследований

Research method

Объектом исследований являлись образцы содержимого желудочно-кишечного тракта белой куропатки (*Lagopus lagopus*) (n = 3), добытых в зимний период на территории биогеографического региона Малоземельской тундры Ненецкого автономного округа. Материал для молекулярно-генетического анализа отбирали из зоба, тощей и подвздошной кишок, а также из слепых отростков. Образцы были получены с соблюдением асептических условий и заморожены при температуре –20°С, после чего транспортированы в молекулярно-генетическую лабораторию компании «БИОТРОФ» в криоконсервированном состоянии для дальнейшего анализа.

В условиях лаборатории выделение тотальной ДНК проводили с использованием набора «Экспресс ДНК Био» («Алкор Био», г. Санкт-Петербург), постановку ПЦР в реальном времени осуществляли на детектирующем амплификаторе ДТ Lite-4 (ООО «НПО ДНК-Технология», г. Москва) с использованием реагентов «Колонофлор Премиум» (ООО «АльфаЛаб», г. Санкт-Петербург) в режимах, рекомендованных производителем.

По результатам анализа была определена концентрация геном-эквивалентов (ГЭ) микробной ДНК на 1 г содержимого отдельных представителей микробного сообщества.

Результаты и их обсуждение
Results and discussion

ПЦР-исследования показали (табл.), что в содержимом ЖКТ белой куропатки присутствуют как представители нормофлоры, так и условно-патогенные для большинства животных и птицы виды микроорганизмов.

Таблица

Количественная характеристика микробиоты различных отделов ЖКТ белой куропатки, ГЭ/г

Table

Quantitative characteristics of the microbiota in various sections of the white partridge gastrointestinal tract, GE/g

Наименование микроорганизма	Отдел желудочно-кишечного тракта			
	зоб	кишка		
		тощая	подвздошная	слепая
Нормофлора				
Blautia spp.	<п.о.	$4{,}0\times10^{5}$	$2{,}0\times10^{6}$	<п.о.
Bacteroides spp.	$8{,}0\times10^{8}$–$2{,}0\times10^{9}$	$1{,}0\times10^{7}$–$9{,}0\times10^{7}$	$7{,}0\times10^{7}$–$1{,}0\times10^{8}$	$3{,}0\times10^{11}$–$4{,}0\times10^{11}$
Bacteroides thetaomicron	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Prevotella spp.	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Eubacterium rectale	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Ruminococcus spp.	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Roseburia inulinivorans	<п.о.	$6{,}0\times10^{4}$	<п.о.	$3{,}0\times10^{6}$–$2{,}0\times10^{7}$
Bifidobacterium spp.	$4{,}0\times10^{7}$–$3{,}0\times10^{8}$	$1{,}0\times10^{7}$–$7{,}0\times10^{8}$	$4{,}0\times10^{7}$–$9{,}0\times10^{7}$	$5{,}0\times10^{10}$–$8{,}0\times10^{10}$
Lactobacillus spp.	$9{,}0\times10^{6}$–$4{,}0\times10^{7}$	$5{,}0\times10^{6}$–$4{,}0\times10^{7}$	$1{,}0\times10^{7}$–$4{,}0\times10^{7}$	$1{,}0\times10^{7}$–$1{,}1\times10^{7}$
Faecalibacterium prausnitzii	$1{,}0\times10^{5}$–$4{,}0\times10^{5}$	$2{,}0\times10^{6}$	$2{,}0\times10^{6}$	<п.о.
Akkermansia muciniphila	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Methanobrevibacter smithii	$8{,}0\times10^{5}$	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Methanosphaera stadmanae	<п.о.	<п.о.	<п.о.	$9{,}0\times10^{7}$–$6{,}0\times10^{8}$

Окончание табл. 3

Наименование микроорганизма	Отдел желудочно-кишечного тракта			
	зоб	кишка		
		тощая	подвздошная	слепая
Условно-патогенная и патогенная микрофлора				
Acinetobacter spp.	$3{,}0\times10^{7}$–$5{,}0\times10^{7}$	$4{,}0\times10^{7}$–$1{,}0\times10^{9}$	$2{,}0\times10^{7}$–$3{,}0\times10^{7}$	$2{,}0\times10^{7}$–$5{,}0\times10^{7}$
Enterobacter spp.	<п.о.	$1{,}0\times10^{6}$	<п.о.	<п.о.
Enterococcus spp.	<п.о.	<п.о.	$4{,}0\times10^{5}$	$2{,}0\times10^{5}$
Escherichia coli	$4{,}0\times10^{9}$–$1{,}0\times10^{10}$	$2{,}0\times10^{5}$–$3{,}0\times10^{5}$	$5{,}0\times10^{5}$–$2{,}0\times10^{6}$	$3{,}0\times10^{7}$–$3{,}0\times10^{8}$
Klebsiella (*в т.ч. K. pneumoniae и K. oxytoca*)	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Parvimonas micra	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Citrobacter spp.	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Clostridium difficile	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Clostridium perfringens	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Proteus vulgaris/mirabilis	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Salmonella spp.	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Shigella spp.	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Staphylococcus aureus	<п.о.	<п.о.	<п.д.	$5{,}0\times10^{6}$
Streptococcus spp.	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Энтеропатогенная E. coli	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Fusobacterium nucleatum	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.
Candida spp.	<п.о.	<п.о.	<п.о.	<п.о.

Примечание. <п.о. – концентрация микроорганизма ниже предела обнаружения тест-системой.

Среди представителей нормальной микрофлоры кишечника определены бактерии с целлюлозолитической активностью, бактерии-антагонисты возбудителей заболеваний и прочие симбиотические формы. Так, были детектированы представители родов *Bacteroides* и *Blautia,* а также штаммы *Roseburia inulinivorans*, которые отличаются высокой целлюлозолитической и амилолитической активностью.

Микроорганизмы, относящиеся к роду *Bacteroides*, оказались наиболее широко распространенными на протяжении всего пищеварительного тракта белой куропатки. В зобе наблюдалась концентрация бактероидов, достигающая уровня $8{,}0 \times 10^8$–$2{,}0 \times 10^9$ ГЭ/г. В тощей и подвздошной кишках количество данных микроорганизмов было несколько ниже, составляя $1{,}0 \times 10^7$–$9{,}0 \times 10^7$ и $7{,}0 \times 10^7$–$1{,}0 \times 10^8$ ГЭ/г соответственно. Наибольшая численность бактероидов отмечена в слепых отростках кишечника, где она достигает $3{,}0 \times 10^{11}$–$4{,}0 \times 10^{11}$ ГЭ/г. Эти данные могут свидетельствовать о преобладании энергетического и углеводного метаболизма в данном отделе пищеварительного тракта.

Грамположительные анаэробные бактерии рода *Blautia* считаются одними из многочисленных представителей кишечной микробиоты. В наших исследованиях бактерии данного рода были идентифицированы не во всех отделах пищеварительной системы. Так, в содержимом зоба и слепых отростков они отсутствовали в детектируемом количестве. В образцах химуса тощей и подвздошной кишок куропаток представители рода *Blautia* были выявлены в концентрациях $4{,}0 \times 10^5$ и $2{,}0 \times 10^6$ ГЭ/г соответственно.

По данным литературы [9], представители рода *Blautia* играют ключевую роль в регуляции метаболизма у птиц. Они оказывают влияние на энергетический гомеостаз организма хозяина и модулируют иммунный ответ. Эти микроорганизмы способны продуцировать бутират, который является основным источником энергии для клеток эпителия толстой кишки. Кроме того, они участвуют в метаболизме белков, что может быть связано с процессами их переваривания в желудочно-кишечном тракте птиц. В последние годы было проведено значительное количество исследований, направленных на изучение пробиотических эффектов представителей рода *Blautia*. Результаты исследований выявили их способность к биологической трансформации, а также влияние на здоровье хозяина и возможность использования для профилактики и лечения метаболического синдрома.

В содержимом тощей кишки и слепых отростков присутствовал генетический материал бактерии *Roseburia inulinivorans*. В тонком отделе кишечника данный микроорганизм обнаружен в небольшой концентрации (до $6{,}0 \times 10^4$ ГЭ/г), а наибольшая численность представителя была установлена в биотопе слепых отростков – $3{,}0 \times 10^6$–$2{,}0 \times 10^7$ ГЭ/г. *Roseburia inulinivorans* продуцирует короткоцепочечные жирные кислоты, в том числе бутират, который является источником энергии для эпителиоцитов, обеспечивая нормальное развитие клеток, поддерживая гомеостаз. Показано, что *Roseburia inulinivorans* косвенно усиливает целостность эпителиального барьера кишечника, тем самым влияя на естественную резистентность организма. Поэтому как крупный продуцент бутирата, род *Roseburia* имеет большие перспективы применения при разработке новых пробиотических средств [10].

Faecalibacterium prausnitzii рассматривается также как один из продуцентов бутирата. В ЖКТ белой куропатки этот микроорганизм обнаружен в биотопе зоба на уровне $1{,}0 \times 10^5$–$4{,}0 \times 10^5$ ГЭ/г, в тощей и подвздошной кишках – в концентрации до $2{,}0 \times 10^6$ ГЭ/г. В слепых отростках птицы *F. prausnitzii* в детектируемой количестве не обнаружен.

Во всех исследованных образцах были выявлены представители *Bifidobacterium* в сравнительно высокой концентрации по всем отделам ЖКТ. Наибольшее количество бифидобактерий присутствовало в слепых отростках и подвздошной кишке: $5{,}0 \times 10^{10}$–$8{,}0 \times 10^{10}$ и $4{,}0 \times 10^{7}$–$9{,}0 \times 10^{7}$ ГЭ/г соответственно. Также во всех исследованных образцах были обнаружены представители *Lactobacillus spp.* Содержание лактобактерий не имело значительных колебаний в разных отделах ЖКТ белой куропатки. Максимальное их количество детектировано в химусе слепых отростков и подвздошной кишки: $1{,}0 \times 10^{7}$–$1{,}1 \times 10^{7}$ ГЭ/г и $1{,}0 \times 10^{7}$–$4{,}0 \times 10^{7}$ ГЭ/г соответственно. Важно подчеркнуть, что иммуномодулирующая способность *Lactobacillus* и *Bifidobacterium* оказывает существенное влияние на естественную резистентность организма. Антимикробная активность этих микроорганизмов направлена на подавление роста и размножения патогенных агентов, конкурирование за субстрат и стимуляции иммунного ответа организмом животного, что способствует поддержанию целостности и функциональной стабильности микробиоты кишечника, а также общей резистентности [11].

Methanobrevibacter smithii и *Methanosphaera stadmanae* являются представителями археобактерий, которые в кишечнике преобразуют водород и углекислый газ в присутствии метанола в метан. Метаноген *Methanobrevibacter smithii* широко распространен в микробиоме кишечника человека и животных, а также в содержимом рубца жвачных животных [10, 12]. Исследования показали, что данный архей не был обнаружен ни в одном из образцов содержимого различных отделов ЖКТ белой куропатки. В свою очередь, *Methanosphaera stadmanae* в значительном количестве ($9{,}0 \times 10^{7}$–$6{,}0 \times 10^{8}$ ГЭ/г) присутствовал только в содержимом слепых отростков птиц.

На протяжении всего пищеварительного тракта белой куропатки присутствовали представители условно-патогенной микрофлоры. Эти оппортунистические микроорганизмы в норме обнаруживаются у здоровых особей, но при снижении резистентности организма или в стрессовых условиях они могут стать причиной развития заболеваний различной этиологии. В частности, во всех исследуемых образцах содержимого ЖКТ белой куропатки было выявлено присутствие ацинетобактерий рода *Acinetobacter*. Наибольшая их концентрация установлена в содержимом тощей кишки птицы – $4{,}0 \times 10^{7}$–$1{,}0 \times 10^{9}$ ГЭ/г. Однако также в зобе, слепых отростках и подвздошной кишке ацинетобактерии выделялись на уровне 10^{5} ГЭ/г.

Кроме того, среди условно-патогенных бактерий во всех отделах ЖКТ птицы была выявлена кишечная палочка *Escherichia coli*. Наибольшее количество кишечной палочки детектировано в содержимом зоба ($4{,}0 \times 10^{9}$–$1{,}0 \times 10^{10}$ ГЭ/г), а наименьшее – в химусе тощей кишки ($2{,}0 \times 10^{5}$–$3{,}0 \times 10^{5}$ ГЭ/г). В слепых отростках и в подвздошной кишке содержание этого микроорганизма занимало промежуточные значение: $3{,}0 \times 10^{7}$–$3{,}0 \times 10^{8}$ и $5{,}0 \times 10^{5}$–$2{,}0 \times 10^{6}$ ГЭ/г соответственно. Кишечная палочка способна вызывать различные заболевания, приводить к диарее и даже смерти птицы. Однако энтеропатогенная *Escherichia coli* не выявлялась ни в одном из отделов пищеварения.

В образцах, взятых из различных отделов ЖКТ, не во всех случаях были обнаружены представители родов *Enterobacter spp*. и *Enterococcus spp*. Энтеробактерии были найдены только в биотопе тощей кишки, где их концентрация достигала до $1{,}0 \times 10^{6}$ ГЭ/г. Энтерококки в свою очередь были выявлены в слепых отростках в количестве $2{,}0 \times 10^{5}$ ГЭ/г и в подвздошной кишке – $4{,}0 \times 10^{5}$ ГЭ/г. В содержимом слепых отростков у куропаток был обнаружен *Staphylococcus aureus*. Концентрация данного патогена в анализируемых образцах достигала $5{,}0 \times 10^{6}$ ГЭ/г.

Выводы
Conclusions

Молекулярно-генетический метод позволил детально изучить качественный и количественный состав бактерий в различных отделах желудочно-кишечного тракта белой куропатки. Анализ микрофлоры из разных участков ЖКТ показал, что процессы пищеварения, в которых участвуют бактерии, начинаются уже в зобе и продолжаются в других отделах пищеварительной системы. Количественный и качественный состав микробиоты варьирует между отделами, что связано с их различными функциями в процессе пищеварения. Наиболее богатыми по количеству микроорганизмов на 1 г содержимого являются слепые отростки кишечника птиц.

По результатам исследований были обнаружены бактерии с целлюлозолитической и амилолитической активностью, а также бактерии-антагонисты патогенов и другие симбиотические формы. В частности, представители родов *Bacteroides*, *Blautia*, *Ruminococcus*, *Lactobacillus*, *Bifidobacterium* и *Roseburia* представляют интерес для дальнейших научных исследований и могут служить основой в качестве штаммов-продуцентов при создании ферментативных и пробиотических препаратов.

Список источников

1. Воронин Р.Н. *Белая куропатка Большеземельской тундры*: *экология, морфология, хозяйственное значение*. Ленинград: Санкт-Петербургская издательско-книготорговая фирма «Наука», 1978. 168 с. EDN: RWMFEJ

2. Исаев А.П. Тетеревиные птицы в Якутии // *Влияние климатических и экологических изменений на мерзлотные экосистемы*: *Труды Третьей Международной конференции «Роль мерзлотных экосистем в глобальном изменении климата»*. Якутск: Якутский научный центр комплексных медицинских проблем СО РАМН, 2007. С. 35–41. EDN: RWYCTX

3. Потапов Р.Л. О происхождении и эволюции белых куропаток (род *Lagopus, Tetraonidae*) // *Русский орнитологический журнал*. 2016. Т. 25, № 1272. С. 1300–1308. EDN: VPMKLF

4. Андреев А.В. *Адаптация птиц к зимним условиям Субарктики*: Монография. Москва: Наука, 1980. 176 с. EDN: PODPUV

5. Кочкарев П.В. Роль слепых отростков белой куропатки (*Lagopus lagopus Montin. 1776*) в процессе регулирования микроэлементного состава // *Вестник КрасГАУ*. 2014. № 10 (97). С. 122–126. EDN: SZFFUB

6. Филатов А.В., Минин А.В., Николаев С.В. Структура микробиоты толстой кишки молодняка свиней в норме и при патологии желудочно-кишечного тракта // *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2025. Т. 26, № 2. С. 388–395. https://doi.org/10.30766/2072-9081.2025.26.2.388-395

7. Ilina L.A., Filippova V.A., Yildirim E.A., Brazhnik E.A. The succession of reindeer' rumen symbiotic bacteria. *Journal of Animal Science*. 2021;99(3):482. https://doi.org/10.1093/jas/skab235.850

8. Hird S.M., Sánchez C., Carstens B.C., Brumfield R.T. Comparative Gut Microbiota of 59 Neotropical Bird Species. *Front Microbiol.* 2015;21(6):1403. https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01403

9. Liu X., Mao B., Gu J., Wu J. et al. Blautia – a new functional genus with potential probiotic properties? *Gut Microbes*. 2021;13(1):1-21. https://doi.org/10.1080/19490976.2021.1875796

10. Nie K., Ma K., Luo W., Shen Z. et al. Roseburia intestinalis: A Beneficial Gut Organism From the Discoveries in Genus and Species. *Front Cell Infect Microbiol*. 2021;11:757718. https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.757718

11. Филатов А.В., Николаев С.В., Сюткина А.С. Эффективность раннего применения пробиотического препарата при выращивании телят // *Международный вестник ветеринарии*. 2024. № 3. С. 155–161. https://doi.org/10.52419/issn2072-2419.2024.3.155

12. Dridi B., Henry M., El Khéchine A., Raoult D. et al. High Prevalence of Methanobrevibacter smithii and Methanosphaera stadtmanae Detected in the Human Gut Using an Improved DNA Detection Protocol. *PLoS ONE.* 2009;4(9): e7063. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0007063

References

1. Voronin R.N. *the willow ptarmigan in the Bol'shezemel'skaya tundra*. Leningrad, USSR: State unitary enterprise St. Petersburg publishing house Nauka of the Russian Academy of Sciences (a subsidiary of the Academic Publishing Centre of the Russian Academy of Sciences), 1978:168. (In Russ.)

2. Isaev A.P. Grouse birds in Yakutia. *Tret'ya mezhdunarodnay konferentsiya 'Rol merzlotnykh ekosistem v globalnom izmenenii klimata'. August 27-31, 2006.* Yakutsk, Russia: Yakut Science Centre of complex medical problems, 2007:35-41. (In Russ.)

3. Potapov R.L. On the origin and evolution of the genus *Lagopus* (*Tetraonidae*). *Russkiy ornitologicheskiy zhurnal*. 2016;25(1272):1300-1308. (In Russ.)

4. Andreev A.V. *Adaptation of birds to winter conditions of the Subarctic*: a monography. Moscow, USSR: Nauka, 1980:176. (In Russ.)

5. Kochkarev P.V. The role of the ptarmigan (*lagopus lagopus Montin. 1776*) caecum in the regulation process ofmicroelement structure. *Bulletin of KSAU*. 2014;(10(9 7)):122-126. (In Russ.)

6. Filatov A.V., Minin A.V., Nikolaev S.V. The structure of the microbiota of the colon of young pigs is normal and in the pathology of the gastrointestinal tract. *Agricultural Science Euro-North-East*. 2025;26(2):388-395. (In Russ.) https://doi.org/10.30766/2072-9081.2025.26.2.388-395

7. Ilina L.A., Filippova V.A., Yildirim E.A., Brazhnik E.A. The succession of reindeer' rumen symbiotic bacteria. *Journal of Animal Science*. 2021;99(3):482. https://doi.org/10.1093/jas/skab235.850

8. Hird S.M., Sánchez C., Carstens B.C., Brumfield R.T. Comparative Gut Microbiota of 59 Neotropical Bird Species. *Front Microbiol.* 2015;21(6):1403. https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01403

9. Liu X., Mao B., Gu J., Wu J. et al. Blautia – a new functional genus with potential probiotic properties? *Gut Microbes*. 2021;13(1):1-21. https://doi.org/10.1080/19490976.2021.1875796

10. Nie K., Ma K., Luo W., Shen Z. et al. Roseburia intestinalis: A Beneficial Gut Organism From the Discoveries in Genus and Species. *Front Cell Infect Microbiol*. 2021;11:757718. https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.757718

11. Filatov A.V. Nikolaev S.V., Syutkina A.S. The effectiveness of early use of a probiotic drug in calf rearing. *International Bulletin of Veterinary Medicine*. 2024;(3):155-161. (In Russ.) https://doi.org/10.52419/issn2072-2419.2024.3.155

12. Dridi B, Henry M, El Khéchine A., Raoult D. et al. High Prevalence of Methanobrevibacter smithii and Methanosphaera stadtmanae Detected in the Human Gut Using an Improved DNA Detection Protocol. *PLoS ONE.* 2009;4(9): e7063. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0007063

Сведения об авторах

Николаев Семен Викторович, канд. вет. наук, ведущий научный сотрудник, Институт агробиотехнологий им. А.В. Журавского Коми научного центра Уральского отделения Российской академии наук; 167023, Российская Федерация, Республика Коми, г. Сыктывкар, ул. Ручейная, 27; e-mail: semen.nikolaev.90@mail.ru; https://orcid.org/0000-0001-5485-4616

Филатов Андрей Викторович, д-р вет. наук, ведущий научный сотрудник, Институт агробиотехнологий им. А.В. Журавского Коми научного центра Уральского отделения Российской академии наук; 167023, Российская Федерация, Республика Коми, г. Сыктывкар, ул. Ручейная, 27; e-mail: fav6819@yandex.ru; https://orcid.org/0000-0003-4557-844X

Information about the authors

Semen V. Nikolaev, CSc (Vet), Leading Research Associate, A.V. Zhuravsky Institute of Agrobiotechnology, Komi Science Centre of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences; 27 Rucheynaya St., Syktyvkar, Komi Republic, 167023, Russian Federation; e-mail: semen.nikolaev.90@mail.ru; https://orcid.org/0000-0001-5485-4616

Andrey V. Filatov, DSc (Vet), Leading Research Associate, A.V. Zhuravsky Institute of Agrobiotechnology, Komi Science Centre of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences; 27 Rucheynaya St., Syktyvkar, Komi Republic, 167023, Russian Federation; e-mail: fav6819@yandex.ru; https://orcid.org/0000-0003-4557-844X