

УДК 636.32:579:636.3

Научная статья



Открытый доступ

DOI: 10.32634/0869-8155-2023-375-10-57-62

М.В. Довыденкова

Федеральный исследовательский центр
животноводства — ВИЖ им. академика
Л.К. Эрнста, пос. Дубровицы, Подольск,
Московская обл., Россия

✉ vijmikrob@mail.ru

Поступила в редакцию:
15.05.2023

Одобрена после рецензирования:
15.09.2023

Принята к публикации:
29.09.2023

Research article



Open access

DOI: 10.32634/0869-8155-2023-375-10-57-62

Maria V. Dovydenkova

Federal Research Center for Animal
Husbandry named after Academy Member
L.K. Ernst

✉ vijmikrob@mail.ru

Received by the editorial office:
15.05.2023

Accepted in revised:
15.09.2023

Accepted for publication:
29.09.2023

Выделение и изучение видового состава микроорганизмов рубца у гибридных овец

РЕЗЮМЕ

Актуальность. Известно, что генотипические особенности животных отражаются на активности функционирования регуляторных систем, что сопровождается изменениями в интенсивности и направленности пищеварительных и обменных процессов. Переваримость и использование питательных веществ, а также потребность в них у животных разного происхождения неодинаковы. Изучение видового состава и ферментативных свойств микроорганизмов у гибридных животных представляет большой интерес. Научные исследования в этой области могут расширить видовое многообразие целлюлозолитических микроорганизмов за счет использования диких форм овец, у которых процесс расщепления и переваривания сырой клетчатки происходит более интенсивно.

Методы. Видовой состав микрофлоры и основные группы микроорганизмов (общее микробное число (ОМЧ), молочнокислые, энтерококки, дрожжеподобные грибы и целлюлозолитические микроорганизмы) определяли в лаборатории микробиологии ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста в 2021–2023 гг. методом посева десятикратных разведений на накопительные и дифференциально-диагностические среды с последующим подсчетом их количества (КОЕ/мл) по группам микроорганизмов.

Результаты. По результатам исследования видового состава рубцового содержимого гибридных овец разной кровности наибольшее количество по основным группам микроорганизмов отмечено у гибридов овец — 1/4 архар × 3/4 романовская. Наибольшее количество целлюлозолитических микроорганизмов, обладающих высокой ферментативной активностью, было выделено у четырехпородных гибридов: 1/32 архар × 7/32 романовская × 8/32 муфлон × 16/32 катадин.

Ключевые слова: рубец, гибридные овцы, микроорганизмы, целлюлозолитические микроорганизмы, жвачные животные

Для цитирования: Довыденкова М.В. Выделение и изучение видового состава микроорганизмов рубца у гибридных овец. *Аграрная наука*. 2023; 375(10): 57–62. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-375-10-57-62>

© Довыденкова М.В.

Isolation and study of the species composition of rumen microorganisms in hybrid sheep

ABSTRACT

Relevance. It is known that genotypic features affect the activity of the functioning of regulatory systems, which is accompanied by changes in the intensity and direction of digestive and metabolic processes. The digestibility and use of nutrients, as well as the need for them in animals of different origins are not the same. Therefore, the study of the species composition and enzymatic properties of microorganisms in hybrid animals is of great interest. Scientific research in this area can expand the species diversity of cellulolytic microorganisms through the use of wild forms of sheep, in which the process of splitting and digesting raw fiber occurs more intensively.

Methods. The species composition of the microflora and the main groups of microorganisms (total microbial number (OMH), lactic acid, enterococci, yeast-like fungi and cellulolytic microorganisms) were determined in the microbiology laboratory of the L.K. Ernst FITZ VIZH in 2021–2023 by seeding tenfold dilutions into accumulative and differential diagnostic media, followed by counting their number (CFU/ml) by groups of microorganisms.

Results. According to the results of the study of the species composition of the scar content of hybrid sheep of different bloodlines, the largest number of microorganisms in the main groups was observed in hybrids — sheep 1/4 Argali × 3/4 Romanovskaya. The largest number of cellulolytic microorganisms with high enzymatic activity was isolated from four-breed hybrids: 1/32 Argali × 7/32 Romanovskaya × 8/32 Mouflon × 16/32 Katadin.

Key words: scar, hybrid sheep, microorganisms, cellulolytic microorganisms, ruminants

For citation: Dovydenkova M.V. Isolation and study of the species composition of rumen microorganisms in hybrid sheep. *Agrarian science*. 2023; 375(10): 57–62 (In Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-375-10-57-62>

© Dovydenkova M.V.

Введение/Introduction

На протяжении последних десятилетий изучение микроорганизмов рубца, их роли в пищеварении и обмене веществ в многокамерном желудке жвачных вызывает повышенный интерес как ученых, так и животноводов-практиков, поскольку результаты этих исследований способствуют организации более рационального и полноценного кормления животных и эффективного использования кормов для повышения продуктивности [1–6].

В преджелудках жвачных развиваются в основном анаэробные микроорганизмы — простейшие (инфузории) и бактерии. По современным оценкам, в 1 мл рубцовой жидкости содержится около 10^{11} бактерий, 10^3 – 10^7 грибов, 10^9 архей и 10^6 простейших. Их взаимодействие и совместное обитание в этой многокомпонентной системе связаны с многообразием источников растительной клетчатки и разнообразием спектра продуцируемых микроорганизмами целлюлаз и других ферментов.

Микроорганизмы рубца играют важную роль в переваривании белков, углеводов, крахмала, сахаров и жиров, обеспечивая организм хозяина энергией и протеином за счет продукции ЛЖК и микробного белка в процессе анаэробного брожения [7]. Помимо вклада в переваривание корма, микроорганизмы рубца синтезируют большое количество ценных для организма животного биологических соединений, в числе которых витамины группы B [8].

В настоящее время большинство исследований по изучению взаимосвязей между эффективностью конверсии корма и микробиомом рубца было проведено на крупном рогатом скоте (КРС) [9–11]. Однако овцеводство — перспективная отрасль животноводства, которая отличается от всех иных отраслей большим разнообразием получаемой продукции. Овцы менее дорогие, требуют меньше корма, быстрее достигают зрелости и более управляемы, чем КРС, что делает этот вид практичной и экономичной моделью для исследований физиологии пищеварения у жвачных [12].

Ранее проводились исследования с использованием классических методов микробиологии по изучению микрофлоры рубца овец чистопородной романовской породы [13], исследована целлюлозолитическая активность микробиоценоза рубца [14]. В настоящее время исследования проводятся преимущественно современным методом молекулярно-генетического анализа (Terminal restriction fragment length polymorphism, T-RFLP) и NGS (секвенирование следующего поколения), который позволяет без стадии культивирования изучить практически 100% популяции микроорганизмов и получить полный профиль биологического разнообразия [15].

Согласно исследованиям, проведенным классическими методами, отмечено, что численность и видовой состав микроорганизмов у гибридных и чистопородных животных при смене структуры рациона значительно не изменились, но наибольшее количество — по всем группам микроорганизмов, а также повышенной целлюлозолитической активностью обладали бактерии у гибридов. Также у гибридов (по сравнению с чистопородными овцами) отмечается увеличение численности молочнокислых микроорганизмов (на 17,0%), обеспечивающих молочнокислое брожение, и целлюлозолитических дрожжеподобных грибов (на 26,5%) [15].

Один из способов повышения продуктивности животноводства и качества получаемой продукции — вовлечение в сельскохозяйственное производство ресурсов дикой фауны посредством создания новых форм животных методом межвидовой гибридизации [16, 17].

В ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста ведется работа по созданию новой селекционной формы межвидовых гибридов романовской породы овец (*Ovis aries*) и с использованием генофонда архаров Памирской популяции (*Ovis ammon Poli*) с измененным нутриентным составом, сочетающая желательные продуктивные, биологические признаки и адаптационные возможности исходных видов [18].

Известно, что генотипические особенности отражаются на активности функционирования регуляторных систем, что сопровождается изменениями в интенсивности и направленности пищеварительных и обменных процессов. Вследствие различий в адаптивных возможностях пищеварительного аппарата у животных разных генотипов в желудочно-кишечном тракте создаются специфические условия, влияющие на активность микроорганизмов и биосинтез метаболитов [19–23].

Изучение видового состава и ферментативных свойств микроорганизмов у гибридных животных представляет большой интерес. Научные исследования в этой области могут расширить видовое многообразие целлюлозолитических микроорганизмов за счет использования диких форм овец, у которых процесс расщепления и переваривания сырой клетчатки происходит более интенсивно [24–26].

Проведенные ранее зарубежными авторами исследования различных представителей жвачных позволили выявить, что состав микробиома рубца может зависеть от многих факторов, в числе которых генотип и иммунитет животных [23, 31, 34, 35], местообитание [36], рацион питания [37], экологические процессы.

Цель исследования — сравнительное изучение микробиоценоза рубцового содержимого гибридных овец разной кровности.

Для достижения поставленной цели в задачи исследований входили: выделение и изучение видового и количественного состава микроорганизмов рубца у гибридных овец; выделение целлюлозолитических микроорганизмов из рубца гибридных овец; определение морфологических и культуральных свойств выделенных целлюлозолитических микроорганизмов, сравнение целлюлозолитической активности чистых штаммов целлюлозолитических бактерий в зависимости от генотипа животного.

Материалы и методы исследования /

Materials and methods

Микробиоценоз рубцового содержимого новых гибридов ранее не был исследован, поэтому провели серию экспериментов в опытах *in vitro* в лаборатории микробиологии ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста в 2021–2023 гг.

Материалом для исследований служило рубцовое содержимое баранов и ярок в возрасте 4–5 месяцев четырех опытных групп с различными генотипами (табл. 1).

Животные содержались на физиологическом дворе ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста. Основной рацион

Таблица 1. Породы гибридных овец

Table 1. Breeds of hybrid sheep

Группа	Генотип	Количество голов
1-я	1/4 Argali × 3/4 Romanovskaya	5
2-я	1/32 Argali × 7/32 Romanovskaya × 8/32 Mouflon × 16/32 Katadin	4
3-я	1/8 Argali × 3/8 Romanovskaya × 4/8 Katadin	3
4-я	1/16 Argali × 3/16 Romanovskaya × 8/16 Katadin	4

для всех групп гибридов состоял из 1,5 кг сена и 0,4 кг комбикорма общей питательностью 1,32 ЭКЕ с содержанием 180 г сырого протеина, 40 г сырого жира, 380 г сырой клетчатки. Кормление осуществлялось два раза в сутки по справочному пособию «Нормы и рационы кормления сельскохозяйственных животных»¹. Образцы содержимого рубца отбирали у овец через фистулу рубца шприцем Жанэ через три часа после утреннего кормления. Все диагностические исследования были проведены согласно нормам гуманного обращения с животными, изложенным в директиве Европейского сообщества (86/609/ЕЕС) и Хельсинской декларации.

Видовой состав микрофлоры и основные группы микроорганизмов (общее микробное число (ОМЧ), молочнокислые, энтерококки, дрожжеподобные грибы и целлюлозолитические микроорганизмы) определяли методом высева десятикратных разведений на накопительные и дифференциально-диагностические среды (ФБУН ГНЦ ПМБ, г. Оболонск, Россия; HIMEDIA, Индия) промышленного производства глубинным и поверхностным способом с последующим подсчетом их количества (КОЕ/мл) по группам микроорганизмов.

Для выделения целлюлозолитических микроорганизмов содержимое рубца фильтровали и засевали в среду Хангейта и Гетчинсона с фильтровальной бумагой в качестве источника целлюлозы [26].

Посевы инкубировали в термостате при температуре 35–39 °С в течение 24–48 часов для бактерий, при 28–32 °С (2–5 суток) — для грибов. Целлюлозолитические микроорганизмы культивировали в строго анаэробных условиях (уровень CO₂ — 5%) в CO₂ инкубаторе (ЕСКО, CelCulture CCL-050, Корея) при температуре 37 °С в течение 3–7 суток².

Целлюлозолитическую активность содержимого рубца определяли по методу И.А. Долгова, основанному на измерении разницы в весе целлюлозы до и после ее инкубации в модифицированной среде Чюрлиса с содержимым рубца³.

Для дальнейшей работы с поверхности плотной среды отбирали от 3 до 5 одинаковых по морфотипу изолированных колоний и проводили серию последовательных пересевов для получения чистых культур.

Идентификацию проводили по определителям Берджи (для бактерий⁴).

Морфология клеток бактерий была изучена методом световой микроскопии с использованием иммерсии по методике окрашивания микроорганизмов по Граму⁵.

Ферментативные свойства изучены с использованием сахаров (*D*-мальтоза, *L*-рамноза, *L*-арабиноза, раффиноза, *D*-галактоза, целлобиоза)⁶.

рН содержимого рубца измеряли рН-метром («НПКФ «Аквилон» Россия), диапазон измерения рН — от 0 до 14.

Таблица 2. Параметры рубцового содержимого овец различных генотипов
Table 2. Parameters of the scar content of sheep of various genotypes

Показатели	Группа животных (генотип)				P-value
	1-я	2-я	3-я	4-я	
рН рубцового содержимого	6,98 ± 0,05	6,98 ± 0,02	6,97 ± 0,02	6,98 ± 0,02	0,99
ОМЧ, log ₁₀ КОЕ/мл	4,73 ± 0,19	4,06 ± 0,21	4,22 ± 0,14	4,08 ± 0,09	0,05
<i>Lactobacillus</i> spp., log ₁₀ КОЕ/мл	4,01 ± 0,29 ^{AC}	1,00 ± 0,30 ^{AF}	3,24 ± 0,06 ^F	2,65 ± 0,27 ^C	< 0,001
<i>Enterobacteriaceae</i> spp., log ₁₀ КОЕ/мл	3,25 ± 0,15 ^{AC}	0,13 ± 0,13 ^{AD}	3,88 ± 0,41 ^{DF}	2,08 ± 0,28 ^{CF}	< 0,001
Дрожжеподобные грибы, log ₁₀ КОЕ/мл	2,02 ± 0,17 ^{AC}	1,02 ± 0,24 ^A	1,62 ± 0,08	0,97 ± 0,18 ^C	0,004
<i>Bifidobacterium</i> spp., log ₁₀ КОЕ/мл	3,13 ± 0,17 ^{ABC}	6,68 ± 0,29 ^A	6,17 ± 0,17 ^B	6,30 ± 0,11 ^C	< 0,001
Целлюлозолитические бактерии, log ₁₀ КОЕ/мл	7,44 ± 0,05 ^A	9,03 ± 0,25 ^A	8,71 ± 0,15	8,29 ± 0,37	< 0,001
% расщепления целлюлозы в рубцовом содержимом	31,5 ± 1,15	28,88 ± 0,75	29,75 ± 0,25	30,25 ± 1,13	0,38

Примечание: дисперсионный анализ (ANOVA), жирным шрифтом отмечены эффекты, значимые на уровне $p < 0,05$. Указаны межгрупповые различия (A-A, B-B, C-C, D-D, E-E, F-F) по критерию Тьюки для неравных выборок, $p < 0,05$.

Биометрическую обработку осуществляли с использованием метода дисперсионного анализа (ANOVA) в программе Statistica 10 (StatSoft, Inc., США). В качестве фактора, влияющего на микробный состав рубца гибридов, учитывали породную принадлежность особей. Вычисляли средние арифметические значения (M) и стандартные ошибки средних ($\pm SEM$). Для выявления статистической значимости различий средних величин использовали t -критерий Стьюдента. Для парного сравнения каждого показателя в зависимости от анализируемых факторов использовали тест Тьюки для неравных выборок⁷.

Результаты и обсуждения / Results and discussions

Исследования показывают состав и среднее количество каждой исследуемой группы микробного сообщества рубцового содержимого гибридных овец (табл. 2).

В рубцовом содержимом гибридов 1-й группы наблюдалась наибольшая концентрация основных групп микроорганизмов. Общее микробное число между всеми группами опытных животных различалось незначительно ($p = 0,05$). Для 1-й группы ОМЧ — $4,73 \pm 0,19 \log_{10}$ КОЕ/мл, во 2-й, 3-й и 4-й — меньше на 0,67, 0,51 и 0,70 \log_{10} КОЕ/мл соответственно.

Лактобациллы являются частью нормальной микрофлоры человека и животных, колонизирующей ротовую полость, желудочно-кишечный тракт (ЖКТ). Обладают выраженной антагонистической активностью в отношении патогенных бактерий, регулируют количественный и качественный состав микрофлоры кишечника, замедляют рост и размножение патогенных и условно-патогенных микробов [27]. В преджелудках животных играют важную роль при сбраживании простых углеводов (глюкоза, мальтоза, галактоза, лактоза и сахароза) [28].

Содержание *Lactobacillus* spp. и дрожжеподобных грибов также было выше в 1-й группе — $4,01 \pm 0,29$ и $2,02 \pm 0,17 \log_{10}$ КОЕ/мл соответственно. Содержание *Lactobacillus* spp. в 1-й группе было достоверно выше по сравнению со 2-й на $3,01 \log_{10}$ КОЕ/мл, а с 4-й —

¹ Нормы и рационы кормления сельскохозяйственных животных. Справочное пособие. 3-е изд., перераб. и доп. / Под ред. А.П. Калашникова, В.И. Фисинина, В.В. Щеглова, Н.И. Клейменова. Москва. 2003; 456.

² ГОСТ ISO 7218-2011 Микробиология пищевых продуктов и кормов для животных. Общие требования и рекомендации по микробиологическим исследованиям.

³ Тараканов Б.В. Методы исследования микрофлоры пищеварительного тракта сельскохозяйственных животных и птицы. М.: Научный мир. 2006; 188.

⁴ Определитель бактерий Берджи. В 2 т. Т. 1 / [Р. Беркли и др.]; под ред. Дж. Хоулта [и др.]; пер. с англ. под ред. Г.А. Заварзина. 9-е изд. М.: Мир. 1997; 430.

⁵ Литусов Н.В. Бактериоскопические методы исследования. Иллюстрированное учебное пособие. Екатеринбург: Изд-во ГБОУ ВПО УГМУ. 2015; 55.

⁶ Воробьев А.А. Медицинская и санитарная микробиология: учеб. пособие для студентов высших медицинских учебных заведений / А.А. Воробьев, Ю.С. Кривошеин, В.П. Ширококов. 2-е изд., стер. М.: Академия. 2006; 464.

⁷ Лемешко Б.Ю. Критерии проверки гипотез об однородности. Руководство по применению. Новосибирск. 2018; 249.

на $1,36 \log_{10}$ КОЕ/мл соответственно ($p < 0,001$). Различие по содержанию дрожжеподобных грибов между 1-й и 2-й группами — $1,00 \log_{10}$ КОЕ/мл ($p = 0,004$), между 1-й и 4-й — $1,05 \log_{10}$ КОЕ/мл ($p = 0,004$). Также наблюдалась достоверная разница ($p < 0,001$) между содержанием *Lactobacillus spp.* в рубцовом содержимом гибридов 2-й и 3-й групп, разница составила $2,24 \log_{10}$ КОЕ/мл.

Enterobacteriaceae spp. представляют большое число нормальной микрофлоры ЖКТ живого организма. Энтерококки как естественные обитатели кишечника принимают активное участие в метаболических процессах (синтезе витаминов, гидролизе сахаров, в частности лактозы, деконьюгировании желчных кислот) и элиминации патогенных бактерий из кишечника [29].

Повышенное количество *Enterobacteriaceae spp.* выявлено у животных 1-й и 3-й групп и составило $3,25 \pm 0,15$ и $3,88 \pm 0,41 \log_{10}$ КОЕ/мл, соответственно, против $0,13 \pm 0,13 \log_{10}$ КОЕ/мл во 2-й группе и $2,08 \pm 0,28 \log_{10}$ КОЕ/мл — в 4-й ($p < 0,001$).

Бифидобактерии играют важную роль в метаболизме, обезвреживании нитратов, поступающих в организм с пищей и водой. Участвуют в регуляции моторики кишечника, обмене желчных кислот, осуществляют синтез витаминов и биологически активных веществ, таких как аминокислоты, белки, витамины B_1 , B_2 (рибофлавин), B_6 (пиридоксин), B_{12} , витамин К, никотиновая и фолиевая кислоты [30].

Наименьшее количество *Bifidobacterium spp.* отмечено у гибридов 1-й группы — $3,13 \pm 0,17 \log_{10}$ КОЕ/мл, что на $3,55 \log_{10}$ КОЕ/мл меньше, чем у животных 2-й группы, на $3,04$ и $3,17 \log_{10}$ КОЕ/мл, чем в 3-й и 4-й группах (различия во всех случаях достоверны при $p < 0,001$).

Наиболее важную функциональную роль в рубце играют микроорганизмы, ферментирующие углеводы кормов в ЛЖК, обеспечивая при этом значительную часть энергии жвачных животных. К основной группе целлюлозолитических микроорганизмов относятся *Ruminococcus albus*, *Ruminococcus flavefaciens* и *Bacteroides succinogenes*, сыгравшие решающую роль в эволюции жвачных животных благодаря формированию рубцового пищеварения. Прикрепляясь к пищевым субстратам, эти бактерии выделяют ферменты, которые разрушают фрагменты растений, разрушая молекулу целлюлозы, отделяя боковые цепи и далее гидролизуют оставшиеся олигосахариды. Они чувствительны к изменению pH среды, при снижении значения до 5,8, ферментация клетчатки ингибируется [24].

В данных исследованиях установлено достоверное различие ($p < 0,001$) по количественному содержанию целлюлозолитических микроорганизмов между 1-й и 2-й группами гибридов на $1,59 \log_{10}$ КОЕ/мл, что подтверждается исследованиями других авторов, согласно которым установлено, что вариативность микробиома зависит от генотипа и ареала обитания животного, то есть близкородственные особи оказывают одинаковое избирательное давление на свои микроорганизмы, что приводит к одинаковому количеству филогенетически родственных микроорганизмов среди близкородственных животных [31]. Также (по исследованиям ряда авторов) основными типами, обнаруженными во всех образцах при анализе микробиома рубца жвачных животных, были *Bacteroidetes* и *Firmicutes*. Эти два типа представляли в среднем 52% и 30% последовательностей. Доминирующий вид — *Fibrobacter succinogenes*, семейство Ruminococcaceae, семейство Lachnospiraceae и род Christensenellaceae [31–33].

Таблица 3. Показатели целлюлозолитической активности рубцового содержимого овец

Table 3. Indicators of cellulolytic activity of sheep scar content.

Показатель	Группа животных			
	1-я	2-я	3-я	4-я
Количество целлюлозолитических МО, \log_{10} КОЕ/мл	$7,44 \pm 0,05$	$9,03 \pm 0,25$	$8,71 \pm 0,15$	$8,29 \pm 0,37$
Разведение рубцового содержимого, 10^{-7}				
Вес целлюлозных полосок после ферментации, мг	$31,5 \pm 1,15^A$	$28,88 \pm 0,75^B$	$29,75 \pm 0,25^B$	$30,25 \pm 1,13^A$
Потеря веса полосок, %	5,15	12,12	10,6	7,27

Примечание: исходный вес полосок — 33 мг, $A_p < 0,05$, $B_p < 0,001$.

Достоверных различий по pH рубцового содержимого и проценту расщепления целлюлозы в рубцовом содержимом между группами выявлено не было.

Целлюлозолитическая активность микроорганизмов, выделенных путем посева на чашки со средами, содержащими источник целлюлозы, представлена в таблице 3.

Анализируя полученные результаты (табл. 3), можно отметить, что у животных 2-й и 3-й групп количество целлюлозолитических микроорганизмов составило $9,03 \pm 0,25$ и $8,71 \pm 0,15 \log_{10}$ КОЕ/мл соответственно, которые достоверно обладали повышенной целлюлозолитической ферментацией (активностью) ($p < 0,001$). Ферментативная активность микроорганизмов в 4-й группе была ниже на 3,33% и составила 7,27% против 10,6% по сравнению с целлюлозолитической активностью микроорганизмов у животных 3-й группы (при незначительной количественной разнице целлюлозолитических микроорганизмов у животных в данных группах).

При изучении видового состава рубцовой микрофлоры установлено, что выделенные культуры морфологически представляют собой грамположительные сферические до удлиненных кокковидные клетки, одиночные (часто в парах) или короткими цепочками. На плотных средах растут в виде белых средних и мелких глубинных колоний с неровными краями. Выделенные микроорганизмы по морфобиохимическим свойствам идентифицированы как *Ruminococcus spp.*

Целлюлозолитические микроорганизмы, выделенные из рубцового содержимого гибридов всех четырех групп, были исследованы на целлюлозолитическую активность, в результате чего были отобраны 10 штаммов *Ruminococcus spp.* — Sr28, Sr4, Sr32, Sr10, Sr12, Sr53, Sr8, Sr2, Sr15, Sr25, обладавшие наибольшей целлюлозолитической активностью (рис. 1).

Исследование биохимических характеристик выделенных штаммов показало, что большинство штаммов *Ruminococcus spp.* имели одинаковые биохимические профили с небольшими вариациями (табл. 4). При

Рис. 1. Целлюлозолитическая активность штаммов *Ruminococcus spp.*, %

Fig. 1. Cellulolytic activity of *Ruminococcus spp.* strains, %



Таблица 4. Биохимические свойства выделенных целлюлозолитических микроорганизмов (*Ruminococcus spp.*)
Table 4. Biochemical properties of isolated cellulolytic microorganisms (*Ruminococcus spp.*)

№ штамма	Тест									
	Глюкоза	Мальтоза	Лактоза	Маннит	Сахароза	Рамноза	D-галактоза	Рафиноза	L-арабиноза	Целлобиоза
Cr28	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+
Cr4	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Cr32	+	+	+	+	+	+	+/	+	+	+
Cr10	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Cr12	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+
Cr53	+	+	+/	-	+	+	+	+	+	+
Cr8	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+
Cr18	+	+	+/	-	+	-	+	+	-	+
Cr15	+	+	+	+/	+	-	+	+	-	+
Cr25	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+

Примечание: + — положительная реакция, - — отрицательная реакция.

посеве на среды с сахарами наблюдалась ферментативная активность в отношении сахарозы, лактозы, глюкозы, D-мальтозы, L-рамнозы, L-арабинозы, рафинозы, D-галактозы, целлобиозы.

Автор несет ответственность за работу, представленные данные и ответственность за плагиат.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Материалы подготовлены в рамках государственного задания НИР по теме FGGN-2021-0002 «Совершенствование систем кормления животных, включая элементы кормопроизводства, на основе новых знаний, полученных при изучении нормирования потребностей в энергии и питательных веществах и разработке новых приемов и способов питания и регулирования физиолого-биохимических, метаболических и микробиологических процессов в организме животных для повышения эффективности производства и улучшения качества животноводческой продукции».

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Пивняк И.Г., Тараканов Б.В. Микробиология пищеварения жвачных. М.: Колос. 1982; 247.
2. Прохоренко П.Н., Волгин В.И., Романенко Л.В., Бибикина А.С., Федорова З.Л., Стеценко Н.П. Реализация генетического потенциала продуктивности в молочном скотоводстве на основе оптимизации системы кормления. Рекомендации. М.: Росинформгротех. 2006; 36.
3. Стрекозов Н.И., Амерханов Х.А. (ред.). Молочное скотоводство России. М.: ВНИИ животноводства. 2006; 604. ISBN 5-85941-242-8 <https://www.elibrary.ru/qkybz>
4. Романенко Л.В., Волгин В.И. Особенности кормления и система рационов для высокопродуктивных коров. Сельскохозяйственная биология. 2007; 42(4): 20–27. <https://www.elibrary.ru/iajybsd>
5. Эрнст Л.К., Зиновьева Н.А. Биологические проблемы животноводства в XXI веке. М.: Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства РАСХН. 2008; 501. <https://www.elibrary.ru/sfcrwp>
6. Hungate R.E. The Rumen and Its Microbes. New York: Academic Press. 1966; x + 533.
7. Jiang S.Z. *et al.* Diets of differentially processed wheat alter ruminal fermentation parameters and microbial populations in beef cattle. *Journal of Animal Science*. 2015; 93(11): 5378–5385. <https://doi.org/10.2527/jas.2015-9547>
8. Santschi D.E., Berthiaume R., Matte J.J., Mustafa A.F., Girard C.L. Fate of Suplementary B-Vitamins in the Gastrointestinal Tract of Dairy Cows. *Journal of Dairy Science*. 2005; 88(6): 2043–2054. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(05\)72881-2](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(05)72881-2)
9. Лаптев Г.Ю. Микробиом сельскохозяйственных животных: значение для продуктивности и здоровья. *Гастроэнтерология Санкт-Петербурга*. 2020; (1-2): 87–89. <https://www.elibrary.ru/nqbgbo>
10. Ильина Л.А. и др. Выявление закономерностей содержания неидентифицируемых микроорганизмов в рубце крупного рогатого скота. *Вопросы нормативно-правового регулирования в ветеринарии*. 2019; (1): 256, 257. <https://www.elibrary.ru/vbhkay>
11. Йылдырым Е.А., Ильина Л.А., Лаптев Г.Ю., Филиппова В.А., Новикова Н.И., Тюрина Д.Г. Изучение связи микробиома рубца с состоянием здоровья жвачных с целью регуляции его состава. *Гастроэнтерология Санкт-Петербурга*. 2020; (1-2): 85–87. <https://www.elibrary.ru/eqqqph>
12. Колоскова Е.М., Остренко К.С., Езерский В.А., Овчарова А.Н., Белова Н.В. Исследование микробиома рубца у овец с использованием молекулярно-генетических методов (обзор). *Проблемы биологии продуктивных животных*. 2020; (4): 5–26. <https://doi.org/10.25687/1996-6733.prodanimbiol.2020.4.5-26>
13. Фомичев Ю.П., Боголюбова Н.В., Мишуров А.В., Рыков Р.А. Биокоррекция ферментативных и микробиологических процессов в рубце, межклеточный обмен у овец путем применения в питании антиоксиданта и органического йода. *Российская сельскохозяйственная наука*. 2019; (4): 43–47. <https://doi.org/10.31857/S2500-26272019443-47>

Выводы/Conclusions

Полученные результаты согласуются с данными о зависимости состава микробиома рубца от генотипа. У гибридов домашней овцы и архара разной кровности (1/4 архар × 3/4 романовская порода) отмечена наибольшая концентрация основных групп микроорганизмов по сравнению с трех- и четырехпородными гибридами, благодаря чему возрастает интенсивность преджелудочного пищеварения. Однако наибольшее количественное содержание целлюлозолитических бактерий, обладающих высокой ферментативной активностью, отмечено у четырехпородных гибридов (1/32 архар × 7/32 романовская × 8/32 муфлон × 16/32 катадин), что повышает вероятность удовлетворения потребностей организма животного в летучих жирных кислотах и незаменимых аминокислотах.

Исходя из вышеизложенного, можно сделать вывод, что изучение микробиома рубца гибридных овец является актуальным, так как количественное содержание целлюлозолитических бактерий и вариативность значений их целлюлозолитической активности зависят от генотипа. Согласно литературным данным, гибриды по этим показателям превосходят чистопородных овец.

The author is responsible for the work, the data presented and responsibility for plagiarism.

FINANCING

The materials were prepared as part of the state research assignment on the topic FGGN-2021-0002 «Improvement of animal feeding systems, including elements of feed production, based on new knowledge gained in the study of rationing energy and nutrient requirements and the development of new methods and methods of nutrition and regulation of physiological, biochemical, metabolic and microbiological processes in the body of animals to increase production efficiency and improve the quality of livestock products.»

REFERENCES

1. Pivnyak I.G., Tarakanov B.V. Microbiology of ruminant digestion. Moscow: Kolos. 1982; 247 (In Russian).
2. Prokhorenko P.N., Volgin V.I., Romanenko L.B., Bibikova A.C., Fedorova Z.L., Stetsenko N.P. Realization of the genetic potential of productivity in dairy cattle breeding on the basis of optimization of the feeding system. Recommendations. Moscow: Rosinformagrotekh. 2006; 36 (In Russian).
3. Strekozov N.I., Amerkhanov Kh.A. (eds.). Dairy cattle breeding of Russia. Moscow: All-Russian Research Institute for Animal Husbandry. 2006; 604 (In Russian). ISBN 5-85941-242-8 <https://www.elibrary.ru/qkybz>
4. Romanenko L.B., Volgin V.I. Specificity of feeding and systems of rations for high productive dairy cows. *Agricultural Biology*. 2007; 42(4): 20–27 (In Russian). <https://www.elibrary.ru/iajybsd>
5. Ernst L.K., Zinovieva N.A. Biological problems of livestock in the 21st century. Moscow: All-Russian Research Institute for Animal Husbandry. 2008; 501 (In Russian). <https://www.elibrary.ru/sfcrwp>
6. Hungate R.E. The Rumen and Its Microbes. New York: Academic Press. 1966; x + 533.
7. Jiang S.Z. *et al.* Diets of differentially processed wheat alter ruminal fermentation parameters and microbial populations in beef cattle. *Journal of Animal Science*. 2015; 93(11): 5378–5385. <https://doi.org/10.2527/jas.2015-9547>
8. Santschi D.E., Berthiaume R., Matte J.J., Mustafa A.F., Girard C.L. Fate of Supplementary B-Vitamins in the Gastrointestinal Tract of Dairy Cows. *Journal of Dairy Science*. 2005; 88(6): 2043–2054. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(05\)72881-2](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(05)72881-2)
9. Laptev G.Yu. Microbiome of farm animals: importance for productivity and health. *Gastroenterologiya Sankt-Peterburga*. 2020; (1-2): 87–89 (In Russian). <https://www.elibrary.ru/nqbgbo>
10. Ilyina L.A. *et al.* Identification of patterns of unidentifiable microorganisms in the rumen of cattle. *Legal regulation in veterinary medicine*. 2019; (1): 256, 257 (In Russian). <https://www.elibrary.ru/vbhkay>
11. Yildyrym E.A., Ilyina L.A., Laptev G.Yu., Filippova V.A., Novikova N.I., Tyurina D.G. Study of the relationship of the rumen microbiome with the health status of ruminants in order to regulate its composition. *Gastroenterologiya Sankt-Peterburga*. 2020; (1-2): 85–87 (In Russian). <https://www.elibrary.ru/eqqqph>
12. Koloskova E.M., Ezerskiy V.A., Ostrenko K.S., Ovcharova A.N., Belova N.V. Studies of the sheep rumen microbiome using molecular genetic methods: a review. *Problems of Productive Animal Biology*. 2020; (4): 5–26 (In Russian). <https://doi.org/10.25687/1996-6733.prodanimbiol.2020.4.5-26>
13. Fomichev Yu.P., Bogolyubova N.V., Mishurov A.V., Rykov R.A. Biocorrection enzymatic and microbiological processes in the rumen, intermediate metabolism of sheep by applying to the feeding of oxidant and organic iodine. *Rossiiskaya selskokhoziaistvennaya nauka*. 2019; (4): 43–47 (In Russian). <https://doi.org/10.31857/S2500-26272019443-47>

14. Остренко К.С. и др. Влияние адаптогена аскорбата лития на микро-биоту рубца овец-ярок. *Известия Национальной академии наук Беларуси. Серия аграрных наук*. 2022; 60(1): 91–104. <https://doi.org/10.29235/1817-7204-2022-60-1-91-104>
15. Артемьева О.А., Колодина Е.Н., Логвинова Т.И. Изучение микробиоценоза у гибридных и чистопородных животных. *Новости науки в АПК*. 2018; (2-1): 247–250. <https://www.elibrary.ru/tbjcvt>
16. Багиров В.А., Эрнст Л.К., Насибов Ш.Н., Кленовицкий П.М., Иолчиев Б.С., Зиновьева Н.А. Сохранение биоразнообразия животного мира и использование отдаленной гибридизации в животноводстве. *Достижения науки и техники АПК*. 2009; (7): 54–56. <https://www.elibrary.ru/kyodqr>
17. Насибов Ш.Н. и др. Генетический потенциал дикой фауны в создании новых селекционных форм животных. *Достижения науки и техники АПК*. 2010; (8): 59–62. <https://www.elibrary.ru/mupimh>
18. Багиров В.А. и др. Цитогенетическая характеристика архара *Ovis ammon ammon*, снежного барана *O. nivicola borealis* и их гибридов. *Сельскохозяйственная биология*. 2012; (6): 43–48. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2012.6.43rus>
19. Zishiri O.T., Cloete S.W.P., Olivier J.J., Dzama K. Genetic parameters for growth, reproduction and fitness traits in the South African Dorper sheep breed. *Small Ruminant Research*. 2013; 112(1–3): 39–48. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2013.01.004>
20. Jetana T., Tasripoo K., Vongpipatana C., Kitsamraj S., Sophon S. The comparative study digestion and metabolism of nitrogen and purine derivatives in male, Thai, Swamp buffalo and Thai, Brahman cattle. *Animal Science Journal*. 2009; 80(2): 130–139. <https://doi.org/10.1111/j.1740-0929.2008.00618.x>
21. Sales J., Jančík F., Homolka P. Quantifying differences in total tract nutrient digestibilities between goats and sheep. *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition*. 2007; 96(4): 660–670. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0396.2011.01194.x>
22. Clauss M., Hofmann R.R., Streich W.J., Fickel J., Hummel J. Convergence in the macroscopic anatomy of the reticulum in wild ruminant species of different feeding types and a new resulting hypothesis on reticular function. *Journal of Zoology*. 2010; 281(1): 26–38. <https://doi.org/10.1111/j.1469-7998.2009.00675.x>
23. Henderson G. et al. Rumen microbial community composition varies with diet and host, but a core microbiome is found across a wide geographical range. *Scientific Reports*. 2015; 5: 14567. <https://doi.org/10.1038/srep14567>
24. Грушкин А.Г., Шевелев Н.С. О морфофункциональных особенностях микробиоты рубца жвачных животных и роли целлюлозолитических бактерий в рубцовом пищеварении. *Сельскохозяйственная биология*. 2008; 43(2): 12–19. <https://www.elibrary.ru/isiedx>
25. Эннисон Е.Ф., Люис Д. Обмен веществ в рубце. М.: Сельхозиздат. 1962; 174.
26. Тараканов Б.В. Методы исследования микрофлоры пищеварительно-го тракта сельскохозяйственных животных и птицы. М.: Научный мир. 2006; 188. ISBN 5-89176-386-9 <https://www.elibrary.ru/qkpcyr>
27. Lay C., Sutren M., Rochet V., Saunier K., Doré J., Rigottier-Gois L. Design and validation of 16S rRNA probes to enumerate members of the *Clostridium leptum* subgroup in human faecal microbiota. *Environmental Microbiology*. 2005; 7(7): 933–946. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2005.00763.x>
28. Gänzle M.G., Follador R. Metabolism of oligosaccharides and starch in lactobacilli: a review. *Front. Microbiol.* 2012; 3:340. doi: 10.3389/fmicb.2012.00340
29. Бондаренко В.М., Суворов А.Н. Симбиотические энтерококки и проблемы энтерококковой оппортунистической инфекции. М.: Медицина. 2007; 30.
30. Esteban-Torres M., Ruiz L., Lugli G.A., Ventura M., Margolles A., van Sinderen D. Editorial: Role of Bifidobacteria in Human and Animal Health and Biotechnological Applications. *Front. Microbiol.* 2021. 12: 785664. doi: 10.3389/fmicb.2021.785664
31. Couch C.E. et al. Bighorn sheep gut microbiomes associate with genetic and spatial structure across a metapopulation. *Scientific Reports*. 2020; 10: 6582. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-63401-0>
32. Morgavi D.P., Rathahao-Paris E., Popova M., Boccard J., Nielsen K.F., Boudra H. Rumen microbial communities influence metabolic phenotypes in lambs. *Frontiers in Microbiology*. 2015; 6: 1060. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01060>
33. Zeng Y. et al. Characterization of the cellulolytic bacteria communities along the gastrointestinal tract of Chinese Mongolian sheep by using PCR-DGGE and real-time PCR analysis. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*. 2015; 31(7): 1103–1113. <https://doi.org/10.1007/s11274-015-1860-z>
34. Costello E.K., Stagaman K., Dethlefsen L., Bohannan B.J.M., Relman D.A. The Application of Ecological Theory Toward an Understanding of the Human Microbiome. *Science*. 2012; 336(6086): 1255–1262. <https://doi.org/10.1126/science.1224203>
35. Saason G. et al. Heritable Bovine Rumen Bacteria Are Phylogenetically Related and Correlated with the Cow's Capacity To Harvest Energy from Its Feed. *mBio*. 2017; 8(4). <https://doi.org/10.1128/mBio.00703-17>
36. Sundset M.A., Præsteng K.E., Cann I.K.O., Mathiesen S.D., Mackie R.I. Novel Rumen Bacterial Diversity in Two Geographically Separated Sub-Species of Reindeer. *Microbial Ecology*. 2007; 54(3): 424–438. <https://doi.org/10.1007/s00248-007-9254-x>
37. Rustomo B., AlZahal O., Odongo N.E., Duffield T.F., McBride B.W. Effects of Rumen Acid Load from Feed and Forage Particle Size on Ruminant pH and Dry Matter Intake in the Lactating Dairy Cow. *Journal of Dairy Science*. 2006; 89(12): 4758–4768. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72525-5](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72525-5)
14. Ostrenko K.S. et al. Effect of adaptogen lithium ascorbate on the microbiota of rumen in young ewes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Agrarian Series*. 2022; 60(1): 91–104 (In Russian). <https://doi.org/10.29235/1817-7204-2022-60-1-91-104>
15. Artemyeva O.A., Kolodina E.N., Logvinova T.I. Study of microbio-cenosis in hybrid and non-cross animals. *Novosti nauki v APK*. 2018; (2-1): 247–250 (In Russian). <https://www.elibrary.ru/tbjcvt>
16. Bagirov V.A., Ernst L.K., Nasibov Sh.N., Klenovitskiy P.M., Iolchiv B.S., Zinovieva N.A. Preservation of fauna biodiversity and usage of distant hybridization in the animal production. *Achievements of Science and Technology of AIC*. 2009; (7): 54–56 (In Russian). <https://www.elibrary.ru/kyodqr>
17. Nasibov Sh.N. et al. Genetic potential of wild fauna in creating new breeding forms of animals. *Achievements of Science and Technology of AIC*. 2010; (8): 59–62 (In Russian). <https://www.elibrary.ru/mupimh>
18. Bagirov V.A. et al. Cytogenetic characteristic OF *Ovis ammon ammon*, *O. nivicola borealis* and their hybrids. *Agricultural Biology*. 2012; (6): 43–48. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2012.6.43eng>
19. Zishiri O.T., Cloete S.W.P., Olivier J.J., Dzama K. Genetic parameters for growth, reproduction and fitness traits in the South African Dorper sheep breed. *Small Ruminant Research*. 2013; 112(1–3): 39–48. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2013.01.004>
20. Jetana T., Tasripoo K., Vongpipatana C., Kitsamraj S., Sophon S. The comparative study digestion and metabolism of nitrogen and purine derivatives in male, Thai, Swamp buffalo and Thai, Brahman cattle. *Animal Science Journal*. 2009; 80(2): 130–139. <https://doi.org/10.1111/j.1740-0929.2008.00618.x>
21. Sales J., Jančík F., Homolka P. Quantifying differences in total tract nutrient digestibilities between goats and sheep. *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition*. 2007; 96(4): 660–670. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0396.2011.01194.x>
22. Clauss M., Hofmann R.R., Streich W.J., Fickel J., Hummel J. Convergence in the macroscopic anatomy of the reticulum in wild ruminant species of different feeding types and a new resulting hypothesis on reticular function. *Journal of Zoology*. 2010; 281(1): 26–38. <https://doi.org/10.1111/j.1469-7998.2009.00675.x>
23. Henderson G. et al. Rumen microbial community composition varies with diet and host, but a core microbiome is found across a wide geographical range. *Scientific Reports*. 2015; 5: 14567. <https://doi.org/10.1038/srep14567>
24. Grushkin A.G., Shevelev N.S. About morphofunctional features of rumen microbiota in ruminant animals and the role of cellulolytic bacteria in nimal digestion. *Agricultural Biology*. 2008; 43(2): 12–19 (In Russian). <https://www.elibrary.ru/isiedx>
25. Ennison E.F., Lewis D. Metabolism in the rumen. Moscow: *Agricultural publishing house*. 1962; 174.
26. Tarakanov B.V. Methods of studying the microflora of the digestive tract of farm animals and poultry. Moscow: *Nauchniy mir*. 2006; 188 (In Russian). ISBN 5-89176-386-9 <https://www.elibrary.ru/qkpcyr>
27. Lay C., Sutren M., Rochet V., Saunier K., Doré J., Rigottier-Gois L. Design and validation of 16S rRNA probes to enumerate members of the *Clostridium leptum* subgroup in human faecal microbiota. *Environmental Microbiology*. 2005; 7(7): 933–946. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2005.00763.x>
28. Gänzle M.G., Follador R. Metabolism of oligosaccharides and starch in lactobacilli: a review. *Front. Microbiol.* 2012; 3:340. doi: 10.3389/fmicb.2012.00340
29. Bondarenko V.M., Suvorov A.N. Symbiotic enterococci and problems of enterococcal opportunistic infection. Moscow: *Meditsina*. 2007; 30 (In Russian).
30. Esteban-Torres M., Ruiz L., Lugli G.A., Ventura M., Margolles A., van Sinderen D. Editorial: Role of Bifidobacteria in Human and Animal Health and Biotechnological Applications. *Front. Microbiol.* 2021. 12: 785664. doi: 10.3389/fmicb.2021.785664
31. Couch C.E. et al. Bighorn sheep gut microbiomes associate with genetic and spatial structure across a metapopulation. *Scientific Reports*. 2020; 10: 6582. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-63401-0>
32. Morgavi D.P., Rathahao-Paris E., Popova M., Boccard J., Nielsen K.F., Boudra H. Rumen microbial communities influence metabolic phenotypes in lambs. *Frontiers in Microbiology*. 2015; 6: 1060. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01060>
33. Zeng Y. et al. Characterization of the cellulolytic bacteria communities along the gastrointestinal tract of Chinese Mongolian sheep by using PCR-DGGE and real-time PCR analysis. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*. 2015; 31(7): 1103–1113. <https://doi.org/10.1007/s11274-015-1860-z>
34. Costello E.K., Stagaman K., Dethlefsen L., Bohannan B.J.M., Relman D.A. The Application of Ecological Theory Toward an Understanding of the Human Microbiome. *Science*. 2012; 336(6086): 1255–1262. <https://doi.org/10.1126/science.1224203>
35. Saason G. et al. Heritable Bovine Rumen Bacteria Are Phylogenetically Related and Correlated with the Cow's Capacity To Harvest Energy from Its Feed. *mBio*. 2017; 8(4). <https://doi.org/10.1128/mBio.00703-17>
36. Sundset M.A., Præsteng K.E., Cann I.K.O., Mathiesen S.D., Mackie R.I. Novel Rumen Bacterial Diversity in Two Geographically Separated Sub-Species of Reindeer. *Microbial Ecology*. 2007; 54(3): 424–438. <https://doi.org/10.1007/s00248-007-9254-x>
37. Rustomo B., AlZahal O., Odongo N.E., Duffield T.F., McBride B.W. Effects of Rumen Acid Load from Feed and Forage Particle Size on Ruminant pH and Dry Matter Intake in the Lactating Dairy Cow. *Journal of Dairy Science*. 2006; 89(12): 4758–4768. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72525-5](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72525-5)

ОБ АВТОРАХ

Мария Валентиновна Довыденкова,

кандидат сельскохозяйственных наук,
научный сотрудник лаборатории микробиологии,
vijmikrob@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-3093-4117>.

Федеральный исследовательский центр животноводства —
ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста,
пос. Дубровицы, 60, Подольск, Московская обл., 142132, Россия

ABOUT THE AUTHORS

Maria Valentinovna Davydenkova,

Candidate of Agricultural Sciences,
Researcher at the Laboratory of Microbiology,
vijmikrob@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-3093-4117>.

Federal Research Center for Animal Husbandry
named after Academy Member L.K. Ernst,
60 Dubrovitsy village, Podolsk, Moscow region, 142132, Russia