

Н.И. Малик¹
Е.В. Крылова¹ ✉
А.Н. Богомазова^{1,2}
Е.В. Малик¹
Н.А. Чупахина¹
И.А. Тимофеева¹
Н.А. Кирсанова¹
И.А. Русанов¹
И.В. Солтынская¹

¹ Всероссийский государственный
Центр качества и стандартизации
лекарственных средств для животных
и кормов, Москва, Россия

² Федеральный научно-клинический
центр Физико-химической медицины
имени академика Ю.М. Лопухина
Федерального медико-
биологического агентства, Москва,
Россия

✉ e.krylova@vgnki.ru

Поступила в редакцию: 21.05.2026

Одобрена после рецензирования: 17.06.2026

Принята к публикации: 01.07.2026

© Малик Н.И., Крылова Е.В.,
Богомазова А.Н., Малик Е.В., Чупахина Н.А.,
Тимофеева И.А., Кирсанова Н.А.,
Русанов И.А., Солтынская И.В.

Nina I. Malik¹
Ekaterina V. Krylova¹ ✉
Alexandra N. Bogomazova^{1,2}
Evgenii V. Malik¹
Nataliya A. Chupahina¹
Irina A. Timofeeva¹
Nataliya A. Kirsanova¹
Ivan A. Rusanov¹
Irina V. Soltynskaya¹

¹ Russian State Center for Quality
and Standardization of Veterinary Drugs
and Feed, Moscow, Russia

² Lopukhin Federal Research and
Clinical Center of Physical-Chemical
Medicine of FMBA of Russia, Moscow,
Russia

✉ e.krylova@vgnki.ru

Received by the editorial office: 21.05.2026

Accepted in revised: 17.06.2026

Accepted for publication: 01.07.2026

© Malik N.I., Krylova E.V., Bogomazova A.N.,
Malik E.V., Chupahina N.A., Timofeeva I.A.,
Kirsanova N.A., Rusanov I.A., Soltynskaya I.V.

Сравнительный филогенетический профиль микробиома кишечника кур и домашних гусей

РЕЗЮМЕ

Изучение биоразнообразия микробиомов сухопутной и водоплавающей птицы важно для лучшего понимания роли отдельных бактериальных таксонов в микробном пищеварении и разработки видоспецифичных пробиотических продуктов, направленных на оптимизацию кормления кур и гусей. Экспериментальные данные о филогенетической структуре микробиома кишечника кур и домашних гусей в сравнительном аспекте ограничены.

Целью данной работы было исследование структуры и биоразнообразия микробиоты слепых отростков толстого кишечника цыплят яйценоского направления кросса Русская Белая и гусят, выведенных из яиц одной кладки в условиях инкубатория, с помощью секвенирования фрагмента гена 16S рРНК.

Сравнительный филогенетический профиль микробиома кур и гусей подтверждает, что различия в их микробных сообществах обусловлены эволюционной адаптацией к разным типам питания, что проявляется в доминировании разных функциональных групп бактерий, специализирующихся на переваривании специфичных для каждого вида субстратов. Несмотря на филогенетические и физиологические различия между курами и гусями, их кишечные микробиомы имеют определенное сходство. У обоих видов обнаружено 9 общих родов, которые составляют ядро микробиома и отвечают за значительную часть функционального потенциала кишечной микрофлоры.

Полученные результаты могут дать информацию для будущих исследований взаимосвязи между микробиотой желудочно-кишечного тракта и показателями продуктивности кур и гусей.

Ключевые слова: микробиом, секвенирование 16S рРНК, птица, домашние гуси, слепые отростки кишечника

Для цитирования: Малик Н.И. и др. Сравнительный филогенетический профиль микробиома кишечника кур и домашних гусей. *Аграрная наука*. 2026; 408 (07): 23–30. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2026-408-07-23-30>

Comparative phylogenetic profile of the intestinal microbiome of chickens and domestic geese

ABSTRACT

Studying the biodiversity of the microbiomes of land and waterfowl is important for a better understanding of the role of individual bacterial taxa in microbial digestion and the development of species-specific probiotic products aimed at optimizing the feeding of chickens and geese. Experimental data on the phylogenetic structure of the gut microbiome of chickens and domestic geese are comparatively limited.

The purpose of this work was to study the structure and biodiversity of the microbiota of the blind processes of the large intestine of chickens of the egg-bearing direction of the Russian White cross and goslings bred from eggs of the same clutch in an incubator by sequencing a fragment of the 16S rRNA gene.

The comparative phylogenetic profile of the microbiome of chickens and geese confirms that the differences in their microbial communities are due to evolutionary adaptation to different types of nutrition, which is reflected in the dominance of different functional groups of bacteria specializing in the digestion of substrates specific to each species. Despite the phylogenetic and physiological differences between chickens and geese, their intestinal microbiomes have certain similarities. Both species have 9 common genera, which form the core of the microbiome and are responsible for a significant part of the functional potential of the intestinal microflora.

The results obtained may provide information for future studies of the relationship between the microbiota of the gastrointestinal tract and productivity indicators of chickens and geese.

Key words: microbiome, sequencing 16S rRNA, poultry, domestic geese, intestinal caeca

For citation: Malik N.I. et al. Comparative phylogenetic profile of the intestinal microbiome of chickens and domestic geese. *Agrarian science*. 2026; 408 (07): 23–30 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2026-408-07-23-30>

Введение/Introduction

Куры и одомашненные гуси различных пород являются одними из самых популярных видов в индустрии разведения домашней птицы. В условиях промышленного выращивания кур и гусей основным кормовым средством становятся высококалорийные комбикорма с набором компонентов растительного и животного происхождения. У гусей, как и у кур, расщепление пищевых волокон в основном зависит от микробной ферментации в слепых отростках, где имеются микроорганизмы, выделяющие ферменты, способные разлагать 10–30% клетчатки. Но в отличие от сухопутных видов птиц, гуси — травоядные животные, важной особенностью которых является способность потреблять зеленые корма и другие дешевые компоненты сельскохозяйственных культур, а также сохранять продуктивность при рационе с низким содержанием клетчатки [1, 2]. В то же время изучению микробиома кишечника кур и домашних гусей в сравнительном аспекте в условиях промышленного выращивания до последнего времени не уделялось должного внимания.

Основной акцент при филогенетическом исследовании микробиомов гусей был сделан на сравнительном анализе микробиомов у домашних и диких видов гусей, их питание, среда обитания и условия жизни весьма разнообразны [3, 4]. В частности, по сравнению с домашними гусями, сообщества кишечных бактерий у канадских казарок и журавлей-красавок обладали большей способностью к энергетическому обмену, что позволяет предположить, что дикие птицы могут больше полагаться на микробиоту своего кишечника для выживания в холодных условиях [3].

С точки зрения общего функционирования и регулирования пищеварительных функций, не существует серьезных различий в физиологии пищеварения сухопутной и водоплавающей птицы. Однако анатомическая адаптация пищеварительной системы гусей к перевариванию грубой клетчатки и различия в энергетическом метаболизме могут существенно влиять на структуру кишечного микробиома [5, 6]. Хотя исследования, проведенные Но S.Y. (2015), показали, что рацион и содержание птицы влияют на относительную численность доминирующих типов микробиома [7], было высказано предположение, что вид птицы-хозяина является наиболее важным генетически опосредованным фактором, определяющим состав кишечного микробного сообщества [8].

Учитывая современную концепцию роли кишечной микробиоты в поддержании физиологического благополучия хозяина, изучение биоразнообразия микробиомов птицы разных видов с

целью освоения методов управления микробиомами стали актуальными темами для отечественных и зарубежных исследователей [9, 10]. Это важно для лучшего понимания роли отдельных таксонов в микробном пищеварении сухопутной и водоплавающей птицы и разработки видоспецифических пробиотических продуктов, направленных на оптимизацию кормления кур и гусей, улучшение здоровья и усвояемости питательных веществ и может быть актуальна для развития эффективного и персонализированного птицеводства и гусеводства.

Целью данной работы было исследование структуры и биоразнообразия микробиома кишечника здорового молодняка гусей и кур яичного направления с помощью секвенирования фрагмента гена 16S рПНК.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Для исследований использовали здоровую птицу: цыплят яйценоского направления кросса Русская Белая одной партии, выведенных из яиц от СПФ (свободные от специфических патогенов) птицы, и гусят, выведенных из яиц одной кладки в условиях инкубатория НПБ Манихино Всероссийского государственного Центра качества и стандартизации лекарственных средств для животных и кормов, по 5 голов в каждой группе. Кормление на протяжении всего срока выращивания соответствовало рекомендациям Федерального научного центра «Всероссийский научно-исследовательский и технологический институт птицеводства» Российской академии наук¹.

Условия выращивания в группах были одинаковыми, кормление птицы — вволю.

Предметом исследования являлось содержимое слепых отростков толстого кишечника (образцы химуса), полученное сразу после забоя птицы методом цервикальной дислокации.

Все процедуры, выполненные с участием животных, соответствовали этическим стандартам, принятым Европейской конвенцией ETS № 123².

Выделение ДНК из образцов химуса осуществляли с помощью наборов QIAamp DNA Microbiome Kit (Qiagen, Германия). Приготовление ДНК-библиотеки для таргетного секвенирования проводили согласно протоколу «16S Metagenomic Sequencing Library Preparation» с использованием набора реактивов NexteraXT (Illumina, США). Секвенирование проводили на платформе MiSeq (Illumina, США) с использованием набора реактивов MiSeq Reagent Kit v3 (Illumina, США), обеспечивающего получение прочтений длиной 300 нуклеотидов.

¹ Руководство по кормлению сельскохозяйственной птицы: / Федеральное государственное бюджетное научное учреждение Федеральный научный центр «Всероссийский научно-исследовательский и технологический институт птицеводства» Российской академии наук (ФНЦ «ВНИТИП» РАН); разработали: И. А. Егоров [и др.]. — Сергиев Посад: ФНЦ «ВНИТИП» РАН, 2019. — 215 с. : табл. : 20 см.; ISBN 978-5-98020-220

² Европейская Конвенция о защите позвоночных животных, используемых для экспериментов или в иных научных целях (Страсбург, 18 марта 1986 г.) ETS N 123.

Биоинформатический анализ данных секвенирования фрагмента гена 16S рРНК, в том числе оценка их качества, и визуализация проводились с помощью пакета программ QIIME2 [11]. Были выделены уникальные последовательности (ASV, англ. amplicon sequence variant), для каждой из которых выполнялся поиск против нуклеотидной базы данных NCBI, а также оценивалась их представленности в исследуемых образцах.

Для определения таксономического состава использовался наивный байесовский классификатор, который был предварительно обучен на базе данных последовательностей рибосомальных генов Silva. Определение видовой принадлежности выполнялось на разных уровнях, в соответствии с этим был описан состав образцов. Предварительно были исключены низко представленные ASV (частота менее 1% от среднего количества ампликонов на образец и встречаемость менее чем в 5% образцов). Для каждой таксономической единицы (филум, класс, порядок, семейство, род) из программы QIIME2 была выгружена таблица в формате Excel (США) с количеством уникальных последовательностей таксонов для каждой пробы. Далее определялось относительное обилие каждого таксона: вычислялись процент встречаемости таксона (% ASV) в каждом образце, среднее значение % ASV по всем образцам в группе и стандартная ошибка среднего (SEM).

Результаты и обсуждение / Results and discussion

При филогенетическом профилировании микробиома слепых отростков кишечника здоровых кур и гусей на уровне филума к доминирующим были отнесены представители филумов *Bacteroidota* и *Firmicutes*, генетический материал которых был обнаружен и идентифицирован с частотой, превышающей 1% всех определенных уникальных последовательностей. Данные представлены таблице 1.

Во всех таблицах статьи приведены обобщенные данные по всем образцам в каждой группе, указано среднее значение встречаемости отдельных таксонов по всем образцам (% ASV) и стандартная ошибка среднего (SEM).

Грамположительные *Firmicutes* были распространены у кур (75,9% ASV) и гусей (99,4,0% ASV). Тогда как представленность грамотрицательных *Bacteroidota*

у кур составила 24,1% ASV, что согласуется с аналогичными исследованиями [12]. Относительное обилие *Bacteroidota* у гусей составило всего 0,15% ASV. Несмотря на то, что в исследование *Bacteroidota* не входили в число наиболее распространенных филумов у водолавающей птицы, по данным Xiang X. *et al.* (2019), Wang W. *et al.* (2018) и Wang W. *et al.* (2016), присутствие бактерий этого таксона было характерно для образцов фекальной микробиоты дикого белолобого гуся [13, 14, 15]. Согласно Ali Q. *et al.* (2022) и Liu J. *et al.* (2024), тип *Bacteroidota* является активным участником биосинтеза липополисахаридов в кишечной микробиоте мясных гусей [12, 16]. В минорных количествах (менее 1% уникальных последовательностей) у гусей встречались филумы *Cyanobacteria* и *Actinobacteriota*, у кур они отсутствовали.

Оценка встречаемости таксонов на уровне класса показала, что кишечная микробиота кур характеризовалась превалированием представителей *Clostridia* (58,8% ASV). Вторым по среднему относительному обилию был класс *Bacteroidia* (24,1% ASV), затем — *Bacilli* (17,1% ASV). В сравнении с курами, микробиом слепых отростков кишечника гусей также характеризовался превалированием представителей *Clostridia* (71,8% ASV), вторым по численности был класс *Bacilli* (26,2% ASV), представленность класса *Bacteroidia* не превышала 0,1% ASV (табл. 2, рис. 1). В незначительных количествах у гусей встречались уникальные последовательности *Vampirivibrionia*, *Actinobacteria*.

На всех рисунках статьи представлено распределение таксонов в каждом образце химуса птицы в отдельности. Следует отметить, что выявлялась значительная индивидуальная вариабельность

Рис. 1. Филогенетический профиль микробиома кишечника птицы на уровне класса. Встречаемость таксона, % ASV. На графике указаны классы, чьи ASV представлены в образцах более чем в 1%

Fig. 1. Phylogenetic profile of the poultry gut microbiome at the class level. Distribution taxonomic category, % ASV. The diagram shows the classes whose ASVs are represented in more than 1%

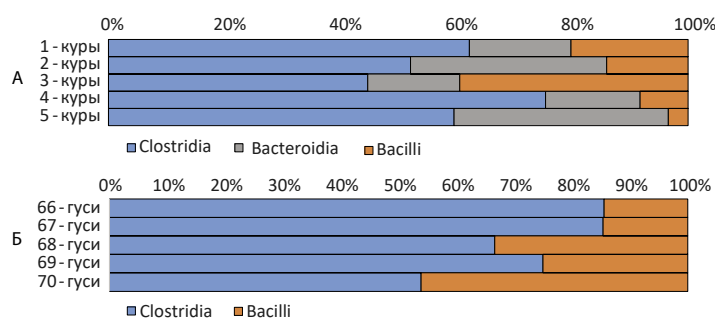


Таблица 2. Филогенетический профиль микробиома кишечника птицы на уровне класса

Table 2. Phylogenetic profile of the poultry gut microbiome at the class level

Класс	Встречаемость таксона (среднее относительное обилие), % ASV, $\pm$ SEM	
	Куры	Гуси
<i>Bacilli</i>	17,1 $\pm$ 6,3	26,5 $\pm$ 5,9
<i>Bacteroidia</i>	24,1 $\pm$ 4,6	0,15 $\pm$ 0,15
<i>Clostridia</i>	58,8 $\pm$ 5,2	72,9 $\pm$ 6,0

Таблица 1. Филогенетический профиль микробиома кишечника птицы на уровне филума

Table 1. Phylogenetic profile of the poultry gut microbiome at the phylum level

Филум	Встречаемость таксона (среднее относительное обилие), % ASV, $\pm$ SEM	
	Куры	Гуси
<i>Firmicutes</i>	75,9 $\pm$ 4,6	99,4 $\pm$ 0,20
<i>Bacteroidota</i>	24,1 $\pm$ 4,6	0,15 $\pm$ 0,15

встречаемости отдельных таксонов. Все птицы содержались в одинаковых условиях, получали один и тот же рацион питания. По-видимому, такой разброс данных обусловлен индивидуальными особенностями каждой птицы и отчасти малым размером выборки (по 5 голов в каждой группе).

Большинство преобладающих бактериальных классов, выявленных в ходе анализа, являются представителями нормальной микрофлоры кишечника, что согласуется с ранее представленными данными [17, 18]. Представители класса *Clostridia* выделились как самая многочисленная таксономическая группа, присутствующая в микробиоме кур и гусей. Представители данного таксона являются облигатными анаэробами и ферментируют различные растительные полисахариды до короткоцепочечных жирных кислот (бутирата, ацетата) и спиртов (этанола), играющих важную роль в здоровье птиц [19] и участвующих в поддержании гомеостаза слизистой оболочки, включая усиление барьерной функции кишечника и иммунную регуляцию [20].

Филогенетический анализ микробиомов слепых отростков кишечника птицы на уровне порядка показал, что в химусе кур преобладали порядки *Lachnospirales* (26,8% ASV), *Bacteroidales* (24,1% ASV), *Oscillospirales* (24,0% ASV) и *Lactobacillales* (11,7% ASV), тогда как у гусей — *Lachnospirales* (63,4% ASV) и *Erysipelotrichales* (26,1% ASV) (табл. 3, рис. 2). При анализе результатов исследования с помощью QIIME2 часть уникальных последовательностей может не идентифицироваться до требуемого таксона. Например, при анализе на уровне порядка $2,4 \pm 0,8$ % ASM у кур идентифицированы только до класса *Bacilli* (табл. 3). Подобные результаты отмечаются и при идентификации до семейства и рода (табл. 4, табл. 5). В таких случаях в таблицах указан соответствующий таксон, на уровне которого определена принадлежность уникальных последовательностей.

В минорных количествах (менее 1% уникальных последовательностей) у кур

встречались порядки *Monoglobales*, у гусей — *Lactobacillales*, *Bacteroidales*, *Gastranaerophilales*.

Результаты биоинформатического анализа показали, что в образцах химуса кур выявлено 5 основных семейств: *Lachnospiraceae* (26,8% ASV), *Rikenellaceae* (22,8% ASV), *Ruminococcaceae* (21,0% ASV), *Lactobacillaceae* (11,7% ASV), *Clostridia* (7,7% ASV) (табл. 4 рис. 3). Встречаемость представителей *Erysipelatoclostridiaceae* и *Oscillospiraceae* составила менее 5%, а *Bacteroidaceae*, *Monoglobaceae* и *Eubacterium_coprostanoligenes_group* — менее 1%.

В микробиоме слепых отростков кишечника гусей на уровне семейства идентифицировано 9 таксономических групп, из которых наиболее распространенными были *Lachnospiraceae* (63,4% ASV) и *Erysipelatoclostridiaceae* (26,1% ASV) (табл. 4, рис. 3). Среднее относительное обилие представителей семейств *Ruminococcaceae*, *Clostridia* и *Monoglobaceae* составило менее 5%, а *Lactobacillaceae*, *Gastranaerophilales*, *Oscillospiraceae*, *Bacteroidaceae* — менее 1%.

Таксономический анализ показал, что в микробиоме толстого кишечника кур и гусей подавляющее большинство идентифицированных семейств

Рис. 2. Филогенетический профиль микробиома кишечника птицы на уровне порядка. Встречаемость таксона, % ASV. На графике указаны порядки, чьи ASV представлены в образцах более чем в 1%

Fig. 2. Phylogenetic profile of the poultry gut microbiome at the order level. Distribution taxonomic category, % ASV. The diagram shows the orders whose ASVs is represented in more than 1%

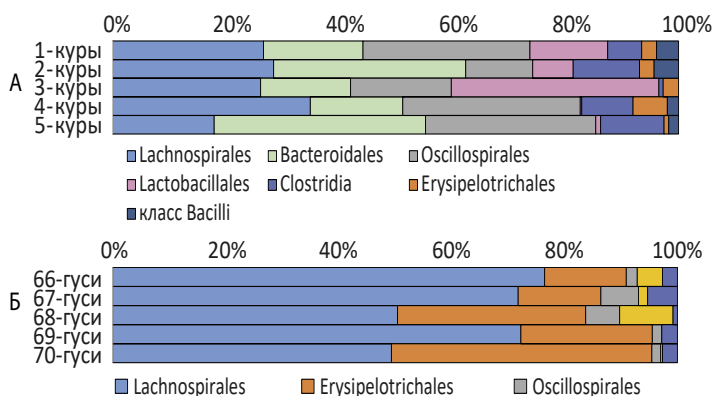


Таблица 3. Филогенетический профиль микробиома кишечника птицы на уровне порядка

Table 3. Phylogenetic profile of the poultry gut microbiome at the order level

Порядок	Встречаемость таксона (среднее относительное обилие), % ASV, $\pm$ SEM	
	Куры	Гуси
<i>Lachnospirales</i>	26,8 $\pm$ 2,7	63,4 $\pm$ 5,8
<i>Bacteroidales</i>	24,1 $\pm$ 4,6	0,1 $\pm$ 0,1
<i>Oscillospirales</i>	24,0 $\pm$ 3,9	3,5 $\pm$ 1,1
<i>Lactobacillales</i>	11,7 $\pm$ 6,7	0,5 $\pm$ 0,5
<i>Clostridia</i>	7,7 $\pm$ 2,0	2,8 $\pm$ 0,7
<i>Erysipelotrichales</i>	3,0 $\pm$ 0,8	26,1 $\pm$ 6,0
класс <i>Bacilli</i> *	2,4 $\pm$ 0,8	–
<i>Monoglobales</i>	0,3 $\pm$ 0,2	3,2 $\pm$ 1,8

Примечание: * уникальные последовательности идентифицированы только на уровне класса

Таблица 4. Филогенетический профиль микробиома кишечника птицы на уровне семейства

Table 4. Phylogenetic profile of the poultry gut microbiome at the family level

Семейство	Встречаемость таксона (среднее относительное обилие), % ASV, $\pm$ SEM	
	Куры	Гуси
<i>Lachnospiraceae</i>	26,8 $\pm$ 2,7	63,4 $\pm$ 5,8
<i>Rikenellaceae</i>	22,8 $\pm$ 5,0	–
<i>Ruminococcaceae</i>	21,0 $\pm$ 3,6	3,2 $\pm$ 1,0
<i>Lactobacillaceae</i>	11,7 $\pm$ 6,7	0,5 $\pm$ 0,5
<i>Clostridia</i>	7,7 $\pm$ 2,0	2,8 $\pm$ 0,7
<i>Erysipelatoclostridiaceae</i>	3,0 $\pm$ 0,8	26,1 $\pm$ 6,0
класс <i>Bacilli</i> *	2,4 $\pm$ 0,8	–
<i>Oscillospiraceae</i>	2,0 $\pm$ 1,0	0,4 $\pm$ 0,4
<i>Monoglobaceae</i>	0,3 $\pm$ 0,2	3,2 $\pm$ 1,8

Примечание: * уникальные последовательности идентифицированы только на уровне класса

Рис. 3. Филогенетический профиль микробиома кишечника птицы на уровне семейства. Встречаемость таксона, % ASV. На графике указаны семейства, чьи ASV представлены в образцах более чем в 1%

Fig. 3. Phylogenetic profile of the poultry gut microbiome at the family level. Distribution taxonomic category, % ASV. The diagram shows the families whose ASVs is represented in more than 1%

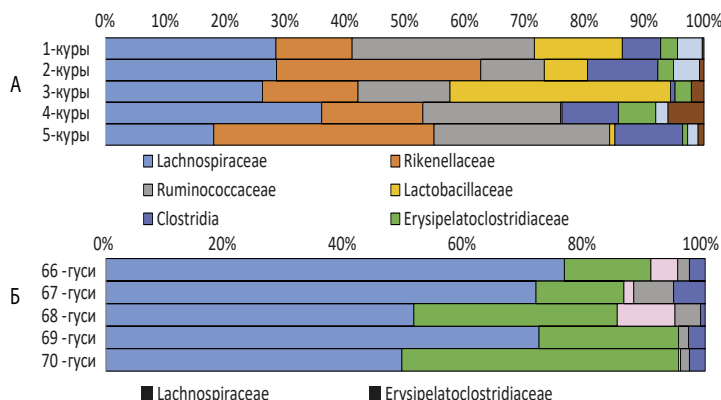
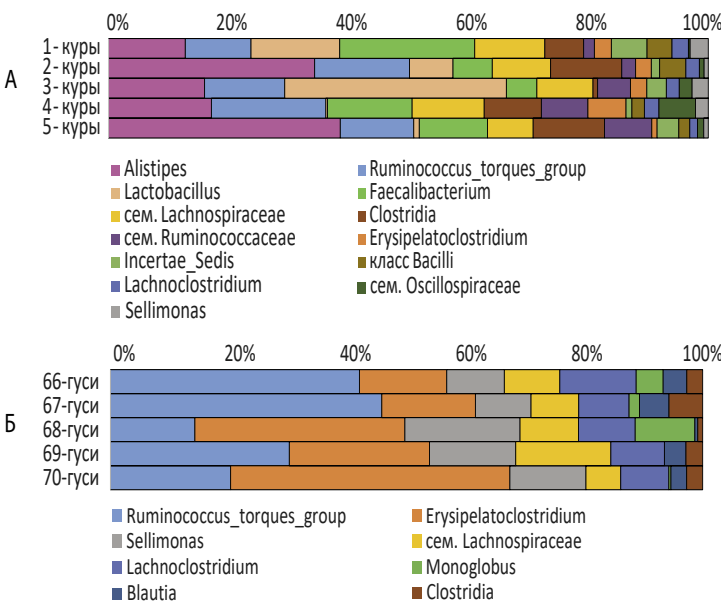


Рис. 4. Филогенетический профиль микробиома кишечника птицы на уровне рода. Встречаемость таксона, % ASV. На графике указаны роды, чьи ASV представлены в образцах более чем в 1%

Fig. 4. Phylogenetic profile of the poultry gut microbiome at the genus level. Distribution taxonomic category, % ASV. The diagram shows the genera whose ASVs is represented in more than 1%



относятся к *Firmicutes*, что в целом согласуется с результатами исследований, посвященных изучению микробиомов кур [10], домашних и диких гусей [12]. Fang S. et al. (2023) считают, что относительное доминирование фила *Firmicutes* у птицы связано с метаболическими активностями представителей этого таксона, в частности с углеводным обменом, биосинтезом и метаболизмом кофакторов и витаминов, липидов, ферментов, аминокислот и глюкозы, синтезом короткоцепочечных жирных кислот, таких как ацетат, бутират, лактат и пропионат [21, 22, 23].

Различия на уровне семейств выражены очень ярко и таким образом позволяют предположить разную пищевую специализацию и физиологию пищеварения у водоплавающей и сухопутной птицы. Семейство *Lachnospiraceae* является самым

Таблица 5. Филогенетический профиль микробиома кишечника птицы на уровне рода

Table 5. Phylogenetic profile of the poultry gut microbiome at the genus level

Род	Встречаемость таксона, (среднее относительное обилие), % ASV, ± SEM	
	Куры	Гуси
<i>Alistipes</i>	22,8 ± 5,0	–
<i>Ruminococcus torques group</i>	13,7 ± 1,4	28,6 ± 5,7
<i>Lactobacillus</i>	11,7 ± 6,7	0,5 ± 0,4
<i>Faecalibacterium</i>	11,3 ± 2,8	–
сем. <i>Lachnospiraceae</i> ²	9,7 ± 0,7	9,2 ± 1,6
<i>Clostridia</i>	7,7 ± 2,0	2,7 ± 0,7
сем. <i>Ruminococcaceae</i> ²	4,8 ± 1,2	0,5 ± 0,3
<i>Erysipelatoclostridium</i>	3,0 ± 0,8	25,7 ± 5,9
<i>Incertae Sedis</i>	2,9 ± 0,8	1,4 ± 0,6
класс <i>Bacilli</i> ¹	2,4 ± 0,8	–
<i>Lachnoclostridium</i>	2,1 ± 0,2	9,0 ± 0,9
сем. <i>Oscillospiraceae</i> ²	2,0 ± 1,0	0,3 ± 0,2
<i>Sellimonas</i>	1,8 ± 0,5	12,3 ± 1,7
<i>Blautia</i>	0,4 ± 0,2	2,9 ± 0,7
<i>Monoglobus</i>	0,3 ± 0,2	3,1 ± 1,7

Примечание: ¹ уникальные последовательности идентифицированы только на уровне класса; ² уникальные последовательности идентифицированы только на уровне семейства

многочисленным у кур и гусей, что указывает на его фундаментальную роль в кишечнике птиц, вероятно, связанную с ферментацией корма. Представители этого таксона — специализированные ферментеры разнообразных растительных полисахаридов.

Микробиом гусей характеризуется высокой концентрацией двух семейств, относящихся к классу *Clostridia*: *Lachnospiraceae* и *Erysipelatoclostridiaceae*. Это говорит о более узкоспециализированном, но мощном сообществе, приспособленном к переработке специфических компонентов рациона (грубые корма и клетчатка), характерных для водоплавающих птиц. Микробиом кур, напротив, является более сбалансированным и разнообразным. Помимо *Lachnospiraceae*, в

нем большую роль играют такие семейства класса *Clostridia*, как *Rikenellaceae*, *Ruminococcaceae* и *Lactobacillaceae*. *Ruminococcaceae* известны как эффективные целлюлозолитики. Их повышенное содержание у кур — ожидаемый результат, но у гусей их функцию, видимо, выполняют другие семейства (например, *Lachnospiraceae*). Такая структура микробиома кур предполагает более широкий спектр ферментативных активностей и, возможно, иную стратегию извлечения энергии из корма.

Анализ таксономического состава микробных сообществ на уровне родов показал характерные особенности сообществ здоровой птицы (табл. 5, рис. 4).

Среднее относительное обилие некоторых бактерий родов различалось в зависимости от

вида птицы. Сообщество у кур было представлено бактериями четырех доминирующих таксонов: *Alistipes* (22,8% ASV), *Ruminococcus_torques_group* (13,7% ASV), *Lactobacillus* (11,7% ASV), *Faecalibacterium* (11,3% ASV), *Clostridia* (7,7% ASV), сообщество у гусей — также четырьмя основными таксонами: *Ruminococcus_torques_group* (28,6% ASV), *Erysipelatoclostridium* (25,7% ASV), *Sellimonas* (12,3% ASV), *Lachnoclostridium* (9,0%).

У кур среднее относительное обилие представителей родов *Erysipelatoclostridium*, *Incertae_Sedis*, *Lachnoclostridium*, *Sellimonas* составило менее 5%, у гусей в незначительном количестве (также менее 5%) были выявлены представители таксонов *Clostridia*, *Blautia*, *Monoglobus*, *Incertae_Sedis*.

Полученные данные показывают, что несмотря на филогенетические и физиологические различия между курами и гусями, их кишечные микробиомы имеют определенное сходство. У обоих видов обнаружено 9 общих родов, которые составляют ядро микробиома и отвечают за значительную часть функционального потенциала кишечной микрофлоры.

У кур присутствуют уникальные рода с высоким относительным обилием (*Alistipes* (22,8%), *Faecalibacterium* (11,3%)), что может отражать адаптацию к перевариванию зерновых кормов. Филотип *Bacteroidota*, представленный в исследовании доминирующим у кур родом *Alistipes*, считается эффективным разлагателем непереваживаемых углеводов, особенно целлюлозы и крахмала [24, 25, 26]. Представители этого филума в кишечнике кур выполняют функции деполимеризации углеводов и белков в стенках растительных клеток, а их метаболизм приводит к образованию ацетата, пропионата или сукцината [27, 28]. Тогда как у гусей филотип *Bacteroidota* представлен на всех таксономических уровнях единичными уникальными последовательностями.

В отличие от кур, микробиом слепых отростков кишечника здоровых гусей не содержит уникальных родов. Микробное сообщество водоплавающей

птицы отличается обилием (примерно 60%) представителей класса *Clostridia*, состоящее из родов *Ruminococcus_torques_group*, *Sellimonas* и *Lachnoclostridium*. Тогда как у кур в образцах химуса клостридии составляют примерно 32% и представлены родами *Ruminococcus_torques_group*, *Faecalibacterium* и *Clostridia*. Также выявлено, что класс *Bacilli* у кур определяется многочисленными представителями рода *Lactobacillus* (11,7%) и родом *Erysipelatoclostridium* (3,0%), а у гусей — только доминирующим *Erysipelatoclostridium* (25,7%). Относительно высокая распространенность отдельных бактериальных таксонов в кишечнике здоровой птицы может быть связана с особенностями физиологии питания кур и гусей.

Выводы/Conclusions

Проведенные исследования на малой выборке образцов позволили установить таксономический состав и соотношение основных групп микроорганизмов в микробиоме слепых отростков кишечника здоровой сельскохозяйственной птицы. Определяющим фактором, влияющим на видовое разнообразие, является тип питания. По результатам высокопроизводительного секвенирования, в микробном сообществе кишечника гусей доминировал филум *Firmicutes*, был представлен классами *Clostridia* и *Bacilli*. У кур также доминировали представители *Firmicutes* (классы *Clostridia* и *Bacilli*), субдоминантом в изученных образцах являлся филум *Bacteroidota* (род *Alistipes*). Таким образом, эволюционная адаптация к разным типам питания (сухопутные куры против травоядных/водоплавающих гусей) привела к формированию двух различных стратегий построения микробного сообщества толстого кишечника сельскохозяйственной птицы. Полученные результаты могут дать информацию для будущих исследований в части взаимосвязи между микробиотой желудочно-кишечного тракта, показателями продуктивности кур и гусей и выбора целевых пробиотических штаммов для гусей и кур.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные.

Малик Н.И. — научное руководство, проведение исследований, методология, формальный анализ, написание текста статьи, Малик Е.В. — формальный анализ, обработка данных, подготовка текста статьи, Чупахина Н.А., Рusanov И.А. — проведение исследований, анализ и обработка данных, подбор и анализ литературных источников по теме, Кирсанова Н.А., Тимофеева И.А. — проведение исследований микробиомов методом таргетного секвенирования, Крылова Е.В., Богомазова А.Н., Солтынская И.В. — обработка и анализ данных таргетного секвенирования, оформление таблиц, подготовка и редактирование текста статьи.

Авторы несут равную ответственность за плагиат.

Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data.

Malik N.I. — Research supervision, research, methodology, formal analysis, manuscript writing,

E.V. Malik — formal analysis, data processing, preparation of the manuscript,

Chupahina N.A., Rusanov I.A. — research, data analysis and processing, selection and analysis of literary sources on the topic, Kirsanova N.A., Timofeeva I.A. — conducting microbiome research using targeted sequencing,

Krylova E.V., Bogomazova A.N., Soltynskaya I.V. — processing and analysis of target sequencing data, design of tables, preparation and editing of the manuscript.

The authors bear the equal responsibility for plagiarism.

The authors declare no conflict of interest

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Исследование выполнено при финансовой поддержке Федеральной службы по ветеринарному и фитосанитарному надзору. Научно-исследовательский проект по теме «Диагностика состояния нормальной микробиоты желудочно-кишечного тракта сельскохозяйственной птицы под воздействием антимикробных и пробиотических препаратов для разработки и осуществления мер по ее сохранению или восстановлению»

FUNDING

This research was funded by Federal Service for Veterinary and Phytosanitary Surveillance (Rosselkhoz nadzor). Project «Diagnostics of the state of normal microbiota of the gastrointestinal tract of poultry under the influence of antimicrobial and probiotic drugs for the development and implementation of measures for its preservation or restoration».

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК / REFERENCES

- Gao G. *et al.* Genome and metagenome analyses reveal adaptive evolution of the host and interaction with the gut microbiota in the goose. *Scientific reports*. 2016; 6: 32961. <https://doi.org/10.1038/srep32961>
- Xu Q. *et al.* Comparative characterization of bacterial communities in geese fed all-grass or high-grain diets. *PLOS One*. 2017; 12(10): e0185590. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0185590>
- Yin J., Yuan D., Xu Z., Wu Y., Chen Z., Xiang X. Significant Differences in Intestinal Bacterial Communities of Sympatric Bean Goose, Hooded Crane, and Domestic Goose. *Animals*. 2024; 14(11): 1688. <https://doi.org/10.3390/ani14111688>
- Fu R., Xiang X., Dong Y., Cheng L., Zhou L. Comparing the intestinal bacterial communities of sympatric wintering Hooded Crane (*Grus monacha*) and Domestic Goose (*Anser anser domesticus*). *Avian Research*. 2020; 11: 13. <https://doi.org/10.1186/s40657-020-00195-9>
- Wang B. *et al.* Diet drives the gut microbiome composition and assembly processes in winter migratory birds in the Poyang Lake wetland, China. *Frontiers in Microbiology*. 2022; 13: 973469. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.973469>
- Jia F. *et al.* Effects of dietary fibre on intestinal microbiota in geese evaluated by 16S rRNA gene sequencing. *Journal of Applied Microbiology*. 2022; 132(6): 4440–4451. <https://doi.org/10.1111/jam.15536>
- Ho S.-Y., Chen Y.-H., Yang S.-K. Effects of sequential feeding with low- and high-protein diets on growth performances and plasma metabolite levels in geese. *Animal*. 2015; 9(6): 952–957. <https://doi.org/10.1017/S1751731114003267>
- Waite D.W., Taylor M.W. Characterizing the avian gut microbiota: membership, driving influences, and potential function. *Frontiers in Microbiology*. 2014; 5: 223. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00223>
- Burrows P.B., Godoy-Santos F., Lawther K., Richmond A., Corcionivoschi N., Huws S.A. Decoding the chicken gastrointestinal microbiome. *BMC Microbiology*. 2025; 25: 35. <https://doi.org/10.1186/s12866-024-03690-x>
- Lim S. *et al.* Developmental Dynamic Analysis of the Excreted Microbiome of Chickens Using Next-Generation Sequencing. *Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology*. 2015; 25(4): 262–268. <https://doi.org/10.1159/000430865>
- Bolyen E. *et al.* Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature Biotechnology*. 2019; 37(8): 852–857. <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0209-9>
- Liu J. *et al.* Comparative analysis of intestinal flora community composition and diversity of *Anas platyrhynchos* and *Anser fabalis* in the Yellow River Delta. *Animal Biology*. 2024; 74(4): 435–451. <https://doi.org/10.1163/15707563-bja10149>
- Xiang X., Zhang F., Fu R., Yan S., Zhou L. Significant Differences in Bacterial and Potentially Pathogenic Communities Between Sympatric Hooded Crane and Greater White-Fronted Goose. *Frontiers in Microbiology*. 2019; 10: 163. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00163>
- Wang W. *et al.* Comparative analyses of the gut microbiota among three different wild geese species in the genus *Anser*. *Journal of Basic Microbiology*. 2018; 58(6): 543–553. <https://doi.org/10.1002/jobm.201800060>
- Wang W., Cao J., Li J.-R., Yang F., Li Z., Li L.-X. Comparative analysis of the gastrointestinal microbial communities of bar-headed goose (*Anser indicus*) in different breeding patterns by high-throughput sequencing. *Microbiological Research*. 2016; 182: 59–67. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2015.10.003>
- Ali Q. *et al.* Pasture intake protects against commercial diet-induced lipopolysaccharide production facilitated by gut microbiota through activating intestinal alkaline phosphatase enzyme in meat geese. *Frontiers in Immunology*. 2022; 13: 1041070. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.1041070>
- Rychlik I. Composition and Function of Chicken Gut Microbiota. *Animals*. 2020; 10(1): 103. <https://doi.org/10.3390/ani10010103>
- Wang W. *et al.* Metagenomic profiling of gut microbial communities in both wild and artificially reared Bar-headed goose (*Anser indicus*). *MicrobiologyOpen*. 2017; 6(2): e00429. <https://doi.org/10.1002/mbo3.429>
- Wielen P.W.J.J., Keuzenkamp D.A., Lipman L.J.A., Knapen F., Biesterveld S. Spatial and Temporal Variation of the Intestinal Bacterial Community in Commercially Raised Broiler Chickens During Growth. *Microbial Ecology*. 2002; 44(3): 286–293. <https://doi.org/10.1007/s00248-002-2015-y>
- Thibodeau A., Fravallo P., Yergeau A., Arsenault J., Lahaye L., Letellier A. Chicken Caecal Microbiome Modifications Induced by *Campylobacter jejuni* Colonization and by a Non-Antibiotic Feed Additive. *PLOS One*. 2015; 10(7): e0131978. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0131978>
- Fang S. *et al.* The integrated analysis of digestive physiology and gastrointestinal microbiota structure in Changling goose. *Poultry Science*. 2023; 102(5): 102588. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2023.102588>
- Flint H.J., Bayer E.A., Rincon M.T., Lamed R., White B.A. Polysaccharide utilization by gut bacteria: potential for new insights from genomic analysis. *Nature Reviews Microbiology*. 2008; 6(2): 121–131. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1817>
- Deehan E.C. *et al.* Precision Microbiome Modulation with Discrete Dietary Fiber Structures Directs Short-Chain Fatty Acid Production. *Cell Host & Microbe*. 2020; 27(3): 389–404.E6. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2020.01.006>
- Fan S., Zhang Z., Nie Q., Ackah M., Nie S. Rethinking the classification of non-digestible carbohydrates: Perspectives from the gut microbiome. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*. 2024; 23(6): e70046. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.70046>
- Torok V.A. *et al.* Identification and Characterization of Potential Performance-Related Gut Microbiotas in Broiler Chickens across Various Feeding Trials. *Applied and Environmental Microbiology*. 2011; 77(17): 5868–5878. <https://doi.org/10.1128/AEM.00165-11>
- Stamilla A. *et al.* Analysis of the Microbial Intestinal Tract in Broiler Chickens during the Rearing Period. *Biology*. 2021; 10(9): 942. <https://doi.org/10.3390/biology10090942>
- Salyers A.A., Vercellotti J.R., West S.E., Wilkins T.D. Fermentation of mucin and plant polysaccharides by strains of *Bacteroides* from the human colon. *Applied and Environmental Microbiology*. 1977; 33(2): 319–322. <https://doi.org/10.1128/aem.33.2.319-322.1977>
- Louis P., Flint H.J. Diversity, metabolism and microbial ecology of butyrate-producing bacteria from the human large intestine. *FEMS Microbiology Letters*. 2009; 294(1): 1–8. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2009.01514.x>

ОБ АВТОРАХ

Нина Ивановна Малик¹

доктор биологических наук, профессор, главный научный сотрудник

nimalik@vgnki.ru

<https://orcid.org/0000-0002-4695-1077>

Екатерина Викторовна Крылова¹

кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник

e.krylova@vgnki.ru

<https://orcid.org/0000-0003-0080-0158>

Александра Никитична Богомазова^{1,2}

• кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник¹;

• заведующий лабораторией²

abogomazova@rcpcm.ru

<https://orcid.org/0000-0003-1549-1984>

Евгений Васильевич Малик¹

кандидат ветеринарных наук, ведущий научный сотрудник

evmalik@vgnki.ru

<https://orcid.org/0000-0001-7836-3010>

Наталия Александровна Чупахина¹

кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник

n.chupahina@vgnki.ru

<https://orcid.org/0009-0000-8358-0618>

Ирина Александровна Тимофеева¹

научный сотрудник

i.timofeeva@vgnki.ru

<https://orcid.org/0000-0003-0275-0465>

Наталия Александровна Кирсанова¹

научный сотрудник

n.kirsanova@vgnki.ru

<https://orcid.org/0000-0002-1666-3058>

ABOUT THE AUTHORS

Nina Ivanovna Malik¹

Doctor of Biological Sciences, Professor, Chief researcher

nimalik@vgnki.ru

<https://orcid.org/0000-0002-4695-1077>

Ekaterina Viktorovna Krylova¹

Candidate of Biological Sciences, Leading researcher

e.krylova@vgnki.ru

<https://orcid.org/0000-0003-0080-0158>

Alexandra Nikitichna Bogomazova^{1,2}

• Candidate of Biological Sciences, Leading researcher¹;

• Head of the laboratory²

abogomazova@rcpcm.ru

<https://orcid.org/0000-0003-1549-1984>

Evgenii Vasil'evich Malik¹

Candidate of Veterinary Sciences, Leading researcher

evmalik@vgnki.ru

<https://orcid.org/0000-0001-7836-3010>

Nataliya Alexandrovna Chupahina¹

Candidate of Biological Sciences, Leading researcher

n.chupahina@vgnki.ru

<https://orcid.org/0009-0000-8358-0618>

Irina Alexandrovna Timofeeva¹

Researcher

i.timofeeva@vgnki.ru

<https://orcid.org/0000-0003-0275-0465>

Nataliya Alexandrovna Kirsanova¹

Researcher

n.kirsanova@vgnki.ru

<https://orcid.org/0000-0002-1666-3058>

Иван Анатольевич Русанов¹

старший научный сотрудник
rusanov@vgnki.ru
<https://orcid.org/0009-0008-3388-2990>

Ирина Владимировна Солтынская¹

заведующий отделом
i.soltynskaya@vgnki.ru
<https://orcid.org/0000-0002-6274-5265>

¹Всероссийский государственный Центр качества и стандартизации лекарственных средств для животных и кормов, Звенигородское шоссе, д. 5, Москва, 123022, Россия

²Федеральный научно-клинический центр Физико-химической медицины имени академика Ю.М. Лопухина Федерального медико-биологического агентства, ул. Малая Пироговская, д. 1а, Москва, 119435, Россия

Ivan Anatol'evich Rusanov¹

Senior researcher
rusanov@vgnki.ru
<https://orcid.org/0009-0008-3388-2990>

Irina Vladimirovna Soltynskaya¹

Head of department
i.soltynskaya@vgnki.ru
<https://orcid.org/0000-0002-6274-5265>

¹Russian State Center for Quality and Standardization of Veterinary Drugs and Feed, 5 Zvenigorodskoye shosse, Moscow, 123022, Russia

²Lopukhin Federal Research and Clinical Center of Physical-Chemical Medicine of FMBA of Russia,

1a Malaya Pirogovskaya st., Moscow, 119435, Russia



VII Федеральный форум
по ИТ и цифровизации в АПК

SMART AGRO

29.10.2026

отель Лесная Сафмар
г. Москва, ул. Лесная д. 15

1

день

50

спикеров

400

участников

Организатор:



COMNEWS
CONFERENCES

Агропромышленный комплекс (АПК) России – остаётся одной из самых динамично цифровизирующихся отраслей РФ.

Запущена Единая цифровая платформа (ЕЦП).

Более 40% предприятий используют решения на базе искусственного интеллекта.

Роботизированные фермы и беспилотные тракторы перестали быть экзотикой.

подробнее:

