Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Махаева Наталья Юрьевна
Должность: Проректор по учебной и воспитательной работе, молодежной политике
Дата подписания: 25.09.2025 09:07:15
Уникальный программный ключ:
fa349ae3f2b4354b5b2f6b1f1b72b4ea104bb8

ОРИГИНАЛЬНЫЕ СТАТЬИ: ЗООТЕХНИЯ /
ORIGINAL SCIENTIFIC ARTICLES: ZOOTECHNY

https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.4.955–964
УДК 636.38:579.62

(cc) BY

Бактериальная микробиота желудочно-кишечного тракта овец романовской породы

© 2026. Е. Г. Скворцова ✉, О. В. Филинская
ФГБОУ ВО «Ярославский государственный аграрный университет», г. Ярославль, Российская Федерация

Цель исследований – метабаркодинг микробиоценоза желудочно-кишечного тракта молодняка овец романовской породы, выращенных с применением пробиотика «Яросил» и без него. Исследования проведены в ООО «Юрьевское» Первомайского района Ярославской области на ягнятах романовской породы. Материалом для исследований служили образцы слизистой оболочки рубца, слепой кишки и кал ягнят контрольной и опытной групп. Проанализирована доля различных операционных таксономических единиц (OTE) смешанных проб разных отделов желудочно-кишечного тракта молодняка овец. Методом высокопроизводительного секвенирования V3–V4 региона гена 16S рРНК показано доминирование представителей филумов **Bacillota, Pseudomonadota, Verrucomicrobiota** ***и*** **Actinomycetota.** ***Микробиота рубца ягнят контрольной группы характеризовалась значительным преобладанием бактерий рода Latilactobacillus – почти 75 %. Такая высокая концентрация бактерий может свидетельствовать об их важной роли в процессах ферментации и усвоения питательных веществ в рубце. В отличие от рубца, в кишечном микробиоме доминировали бактерии родов Nanosyncoccus и Faecousia, указывая на специализацию микробных сообществ в разных отделах пищеварительной системы. Рассчитаны индексы биологического разнообразия: индекс Шеннона варьирует от 2,55 до 5,76 в контрольной группе, от 4,65 до 6,13 – в опытной, индекс Бергера-Паркера – от 0,11 до 0,55 и от 0,09 до 0,23 соответственно.***

Ключевые слова: *метабаркодинг, рубец, слепая кишка, кал, ягнята, OTE (операционные таксономические единицы), индекс Шеннона, индекс Бергера-Паркера*

Благодарности: работа выполнена при поддержке Минобрнауки РФ в рамках НИОКТР ФГБОУ ВО «Ярославский государственный аграрный университет», рег. № НИОКТР 1230816000421.

Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы.

Конфликт интересов: авторы заявили об отсутствии конфликта интересов.

Для цитирования: Скворцова Е. Г., Филинская О. В. Бактериальная микробиота желудочно-кишечного тракта овец романовской породы. Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2026;27(4):955–964.
DOI: https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.4.955-964

Поступила: 07.09.2025 Принята к публикации: 31.07.2026
Доработана после рецензирования: 06.02.2026 Опубликована онлайн: 31.08.2026

Bacterial microbiota of the gastrointestinal tract of Romanov sheep

© 2026. Elena G. Skvortsova✉, Oksana V. Filinskaya
Yaroslavl State Agrarian University, Yaroslavl, Russian Federation

The aim of the research was to metabarcode the microbiocenosis of the gastrointestinal tract of young Romanov sheep raised with and without «Yarosil» probiotic use. The research was carried out on lambs of the Romanov breed of Yurievskoye LLC in the Pervomaisky district of the Yaroslavl region. Samples of the mucous membrane of the rumen, cecum, and feces of lambs from the control and experimental groups served as the material for the research. The proportion of various OTE (operational taxonomic units) of mixed samples from various parts of the gastrointestinal tract of young sheep was analyzed. High–throughput sequencing of the V3-V4 region of the 16S rRNA gene has shown the dominance of representatives of the **Bacillota, Pseudomonadota, Verrucomicrobiota** ***and*** **Actinomycetota phyla.** ***The microbiota of the lamb rumen of the control group was characterized by a significant predominance of bacteria of the genus Latil Lactobacillus, reaching almost 75 %. Such a high concentration of these bacteria may indicate their important role in the processes of fermentation and absorption of nutrients in the rumen. Unlike the rumen, the intestinal microbiome was dominated by bacteria of the genera Nanosyncoccus and Faecousia, indicating the specialization of microbial communities in different parts of the digestive system. There have been calculated the indices of biological diversity: the Shannon index ranges from 2.55 to 5.76 in the control group, from 4.65 to 6.13 in the experimental group, the Berger–Parker index ranges from 0.11 to 0.55 and from 0.09 to 0.23 in the control and experimental groups, respectively.***

Keywords: *metabarcoding, rumen, cecum, feces, lambs, OTE (operational taxonomic units), Shannon index, Berger-Parker index*

Acknowledgments: the research was carried out with the support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation within the framework of the Research and Development activities of the Yaroslavl State Agrarian University, reg. No. 123081600042 1.

The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work.

Conflict of interest: the authors declared no conflict of interest.

For citation: Skvortsova E. G., Filinskaya O. V. Bacterial microbiota of the gastrointestinal tract of Romanov sheep. *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka* = Agricultural Science Euro-North-East. 2026;27(4):955–964. (In Russ.).
DOI: https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.4.955-964

Received: 07.09.2025 Accepted for publication: 31.07.2026
Revised: 06.02.2026 Published online: 31.08.2026

Актуальность темы изучения бактериальной микробиоты желудочно-кишечного тракта овец романовской породы обусловлена несколькими ключевыми факторами. Романовская порода овец является ценным генетическим ресурсом, известным своей высокой плодовитостью и адаптивностью к различным климатическим условиям. Понимание особенностей ее микробиома может способствовать оптимизации кормления и содержания, что, в свою очередь, приведет к повышению продуктивности и улучшению здоровья животных [1, 2]. Состав и функции микробиоты желудочно-кишечного тракта играют критическую роль в пищеварении, усвоении питательных веществ, иммунной защите и общем метаболическом здоровье овец [3, 4]. Знания о микробиоте желудочно-кишечного тракта могут быть использованы для разработки новых подходов к профилактике и лечению заболеваний овец, в частности, связанных с нарушениями пищеварения, метаболическими расстройствами и инфекциями [5].

И. И. Усачев с коллегами проводили заселение кишечного тракта ягнят симбиотической смесью из свежевыделенных фекалий овцематок с добавлением 0,25 мл элеовита и седимина. В результате установлено, что живая масса 60-суточных ягнят с целенаправленным сконструированным микробиоценозом кишечника оказалась выше на 5,6 %, а сохранность – на 13,3 % по сравнению с ягнятами контрольной группы [6].

Состав микробиоты как крупного, так и мелкого рогатого скота достаточно лабилен и зависит от этапа развития животного и от условий его содержания. Смена режима кормления и типа корма также приводит к быстрому изменению состава микробиоты. Способность к быстрой адаптации микробиотического сообщества к разным условиям является одним из факторов, обеспечивающих поддержание продуктивности животных [7].

Т. М. Гиро и Л. А. Ильина при изучении микробных сообществ рубца баранчиков эдильбаевской породы, выращенных с использованием рационов, обогащенных органическими добавками на основе эссенциальных микроэлементов, обнаружили, что в составе микробиома происходило изменение соотношения бактерий фил Firmicutes : Bacteroidetes (Bacillota : Bacteroidota), что говорит о потенциальном смещении метаболических процессов в сторону повышения соотношения летучих жирных кислот ацетат : пропионат. Наибольший сдвиг в микробиоме рубца отмечен у животных при использовании в рационах селенсодержащей добавки ДАФС-25 как отдельно, так и в сочетании с препаратом Йоддар-Zn. Применение кормовых добавок в рационах баранчиков не приводило к повышению в рубце относительной численности бактерий *Proteobacteria*, *Mycoplasma*, *Escherichia-Shigella*, роль которых преимущественно связана с развитием различных воспалительных процессов в организме-хозяине. При использовании в рационе кормовых добавок в функциональном профиле микробиома рубца баранчиков наблюдалось усиление метаболических путей микробиоты рубца, связанных с углеводным и энергетическим обменом, а также синтезом витаминов и кофакторов [8].

Несмотря на преимущества, безопасность остаётся важнейшим аспектом при использовании пробиотиков. Потенциальные риски, такие как побочные реакции, характерные для конкретного вида, чрезмерная стимуляция иммунной системы, транслокация микроорганизмов и горизонтальный перенос генов устойчивости к антибиотикам, подчёркивают необходимость тщательного выбора штаммов и строгого тестирования. Нормативно-правовая база гарантирует, что пробиотики соответствуют строгим стандартам безопасности, особенно при использовании в животноводстве, чтобы свести к минимуму риски и максимизировать пользу для здоровья. Всесторонняя оценка и мониторинг пробиотиков необходимы для полного раскрытия их потенциала как устойчивого решения в животноводстве [9].

Е. М. Колоскова с соавторами отмечают, что NGS-анализ (*Next-Generation Sequencing*) микробиома рубца овец интенсивно используется в работах зарубежных учёных, в первую очередь китайских. Очевидно, что назрела острая необходимость использования современных молекулярно-биологических методов

в исследовании особенностей функционирования микробиома овец, выращиваемых в условиях российского овцеводства. Как и для крупного рогатого скота, это позволит со временем детально описать нормофлору рубца овец, способствуя развитию овцеводства на современной научной основе [10].

Цель исследований – метабаркодинг микробиоценоза желудочно-кишечного тракта молодняка овец романовской породы, выращенных с применением пробиотика «Яросил» и без него.

Задачи исследований: установить соотношение различных ОТЕ (операционных таксономических единиц) микробиоты желудочно-кишечного тракта ягнят контрольной и опытной групп в разных точках (верхняя часть рубца, нижняя часть рубца, начало, середина и конец слепой кишки, кал), оценить биоразнообразие микробных биоценозов по индексам Менхиника, Маргалефа, Шеннона и Бергера-Паркера, проследить краниокаудальный градиент в распределении микроорганизмов, оценить соотношение филумов Bacillota и Bacteroidota.

Научная новизна – комплексное применении метабаркодинга для изучения микробиоценоза желудочно-кишечного тракта молодняка овец романовской породы, выращенных с применением пробиотика «Яросил» и без него. Впервые детально охарактеризован состав микробного сообщества рубца, кишечника и кала овец данной породы в зависимости от использования пробиотической добавки в рационе.

Материал и методы. Исследования проводили на кафедре зоотехнии ФГБОУ ВО «Ярославский ГАУ». Объектом исследований служили ягнята романовской породы овец, принадлежащие ООО «Юрьевское» Ярославской области. В хозяйстве при выращивании молодняка из многоплодных пометов используется коровье молоко с биологически активной добавкой «Яросил», содержащей бифидо- и лактобактерии в дозировке 0,5 % от объема выпаиваемого молока (до отъёма ягнят от маток). Ранее установлено положительное влияние пробиотической добавки «Яросил» на приросты ягнят (увеличение составило 11,8 %) [11]. В работе проведен анализ микробного содержимого желудочно-кишечного тракта молодняка овец, выращенных с применением (опытная группа) и без применения (контрольная группа) пробиотической добавки «Яросил». Материалом для исследований служили образцы слизистой рубца, слепой кишки и кал ягнят при убое в возрасте 6 месяцев, по 6 голов из каждой группы (всего 72 образца).

Геномную ДНК выделяли при помощи набора ДНК-ЭКСТРАН-2 (Синтол, Москва). На секвенирование были отправлены смешанные пробы: с 1-й по 6-й – контрольная группа; с 7-й по 12-й – опытная группа; образцы 1, 7 – рубец верхняя часть; 2, 8 – рубец нижняя часть; 3, 9 – кал; 4, 10 – слепая кишка (начало); 5, 11 – слепая кишка (конец); 6, 12 – слепая кишка (середина).

Были проанализированы результаты высокопроизводительного секвенирования образцов ампликонов, полученных с помощью праймеров, специфичных к региону V3-V4 гена *16S* рРНК [12]:

прямой:

5’-CCTACGGGNGGCWGCAG-3’

обратный:

5’-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3’.

Образцы анализировали в рамках 12 групп. В результате секвенирования были получены парноконцевые чтения длиной 250 пар оснований. Анализ состава микробиома осуществляли в среде QIIME2 [13]. На первом этапе из чтений были удалены адаптерные последовательности, а также последовательности специфичных праймеров. Затем с использованием DADA2 [14] была выполнена коррекция ошибок, прямые и обратные чтения объединены, проведена проверка на наличие химерных последовательностей и сформирована таблица ОТЕ. Количество чтений по этапам приведено в таблице 1.

Таксономическую классификацию осуществляли с помощью наивного байесовского классификатора, обученного на базе данных Greengenes, релиз 2022.10.

В названиях таксонов были выполнены следующие замены:

Fusobacteria → Fusobacteriota;
Firmicutes → Bacillota;
Proteobacteria → Pseudomonadota;
Actinobacteria → Actinomycetota;
Bacteroidetes → Bacteroidota;
Cyanobacteria → Cyanobacteriota;
Verrucomicrobia → Verrucomicrobiota;
Planctomycetes → Planctomycetota;
Spirochaetes → Spirochaetota;
Chlorobi → Chlorobiota;
Synergistetes → Synergistota;
Gemmatimonadetes → Gemmatimonadota.

Таблица 1 – **Количество чтений по этапам пробоподготовки /**
Table 1 – **Number of reads by sample preparation stages**

Образец / Sample	*Количество пар чтений / Number of read pairs*	*Процент от исходного / Percentage of the original*			*Количество чтений в последующий анализ / Number of reads in subsequent analysis*
		после фильтрации / after filtering	*после слияния / after merging*	*после удаления химерных последовательностей / after removing chimeric sequences*	
1	148360	60,43	46,85	46,85	57370
2	197820	68,67	65,98	65,98	125703
3	172596	63,90	48,13	48,13	72265
4	101815	52,23	35,36	35,36	31713
5	178952	60,81	44,87	44,87	69542
6	156372	58,50	42,66	42,66	58283
7	172864	54,80	49,77	49,77	82768
8	141040	55,65	50,46	50,46	68098
9	77336	62,74	49,39	49,39	32239
10	101867	62,58	42,84	42,84	37706
11	104350	64,07	49,63	49,63	42364
12	86842	52,99	39,75	39,75	31189

Индекс Шеннона рассчитывали по формуле:

$$H = -\sum_{i=1}^{n} p_i log_2 p_i. \quad (1)$$

Индекс Маргалефа – по формуле:

$$DMg = (S-1)/lnN. \quad (2)$$

Индекс Менхиника – по формуле:

$$DMn = S/\sqrt{N}, \quad (3)$$

где S – число выявленных видов, N – общее число видов.

Индекс Бергера-Паркера определяли по формуле:

$$D = N_{max}/N, \quad (4)$$

где N_{max} – число особей самого обильного вида; N – общее число особей.

Значимость различий между группами оценивали с помощью критерия Краскела-Уоллиса.

Результаты и их обсуждение. Доля различных филумов в рубце, слепой кишке и кале ягнят контрольной и опытной групп представлена на рисунке 1.

Во всех пробах доминирующим филумом является Bacillota, доля его колеблется от 46,8 до 73,4 %. Данная ситуация является типичной для кишечной микробиоты овец. Pseudomonadota находится на втором месте по представленности в четырёх вариантах проб из шести (рубец – контрольная и опытная группы, слепая кишка – опытная группа, кал – контрольная группа). В слепой кишке (контрольная группа) на втором месте находится тип Verrucomicrobiota (13,5 %), в кале ягнят (опытная группа) – Actinomycetota (24,9 %).

В рубце ягнят контрольной группы представленность бактерий филума Bacillota на 26,6 п. п. выше, чем в опытной (в 1,6 раза, $P \leq 0,05$). В опытной группе выше представленность типов Bacteroidota, Pseudomonadota и Actinomycetota на 4,2, 3,7 и 0,9 п. п. соответственно, а также выше доля неклассифицированных микроорганизмов. Следует отметить, что в рубце ягнят присутствуют в доле, превышающей 1 %, цианобактерии (1,8 % в рубце ягнят контрольной группы) и археи (1,4 % в рубце ягнят опытной группы). Археи присутствуют также и в рубце ягнят контрольной группы, но уже являются минорным типом, доля их составляет 0,8 % от общего количества микроорганизмов. В рубце ягнят опытной группы доля минорного типа Chloroflexota составляет 0,3 %.

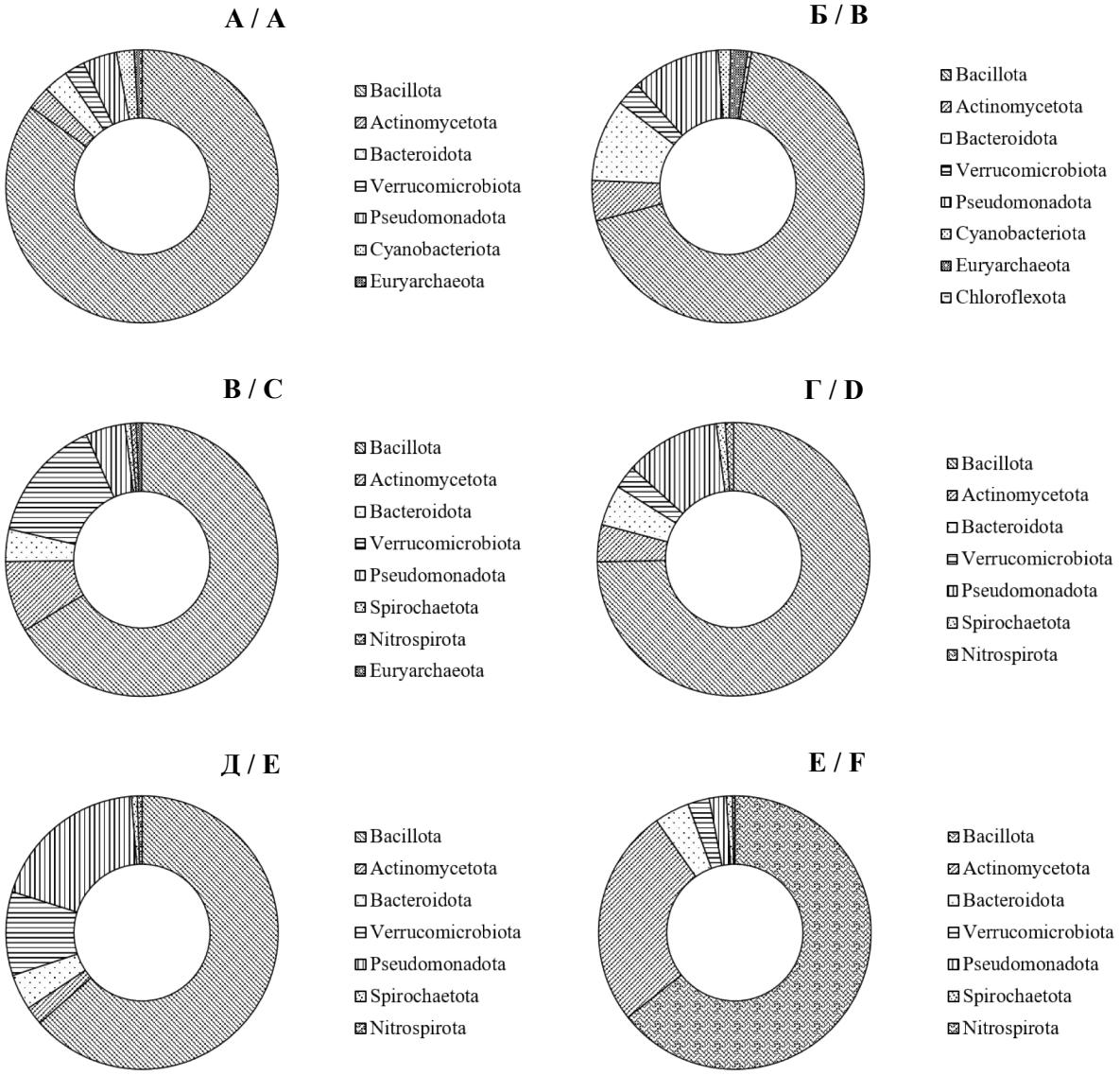

Рис. 1. **Доля различных филумов в рубце, слепой кишке и кале ягнят: А – рубец контрольная группа, Б – рубец опытная группа, В – слепая кишка контрольная группа, Г – слепая кишка опытная группа, Д – кал контрольная группа, Е – кал опытная группа /**

Fig. 1. **Proportion of different phyla in the rumen, cecum, and feces of lambs: A – rumen control group, B – rumen experimental group, C – cecum control group, D – cecum experimental group, E – feces control group, F – feces experimental group**

В слепой кишке разница в доле доминантного филума Bacillota не так велика, как в рубце, и составляет 9,2 п. п. (P≤0,01). На втором и третьем местах по представленности в слепой кишке ягнят контрольной группы находятся Verrucomicrobiota (13,5 %) и Actinomycetota (7,7 %), у ягнят опытной – Pseudomonadota (10,6 %) и Bacteroidota (4,5 %). Из минорных типов в слепой кишке ягнят контрольной группы следует отметить Spirochaetota, Nitrospirota и Euryarchaeota (по 0,6 %), опытной группы – только Spirochaetota (1,0 %) и Nitrospirota (0,9 %).

В кале ягнят опытной и контрольной групп наблюдается наименьшая разница в доле доминирующего филума Bacillota, разница сократилась до 3,5 п. п. Далее доминирующие типы расположились в противоположном порядке. В кале ягнят контрольной группы Pseudomonadota (17,4 %), Verrucomicrobiota (9,2 %), Bacteroidota (3,9 %), Actinomycetota (2,0 %); в кале ягнят опытной – Actinomycetota (24,9 %), Bacteroidota (4,0 %), Verrucomicrobiota (2,5 %), Pseudomonadota (2,0 %). Разница в доле минорных типов также невелика, Spirochaetota (0,6 и 0,7 % – 0,1 п. п.), Nitrospirota (0,5 и 0,3 % – 0,2 п. п.).

На рисунках 2 и 3 представлена доля различных ОТЕ в слизистой оболочке рубца, слепой кишке, а также в кале ягнят контрольной и опытной групп.

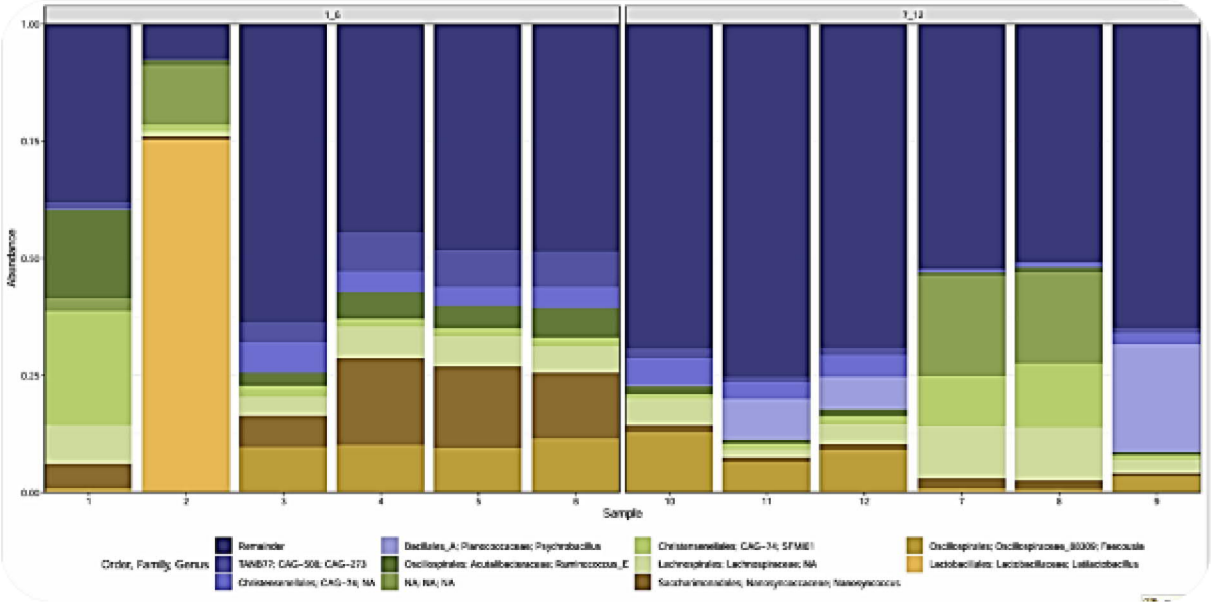

Рис. 2. **Гистограмма распределения таксонов микроорганизмов желудочно-кишечного тракта ягнят: образцы с 1 по 6 – контрольная группа, с 7 по 12 – опытная группа; 1, 7 – рубец верхняя часть; 2, 8 – рубец нижняя часть; 3, 9 – кал; 4, 10 – слепая кишка (начало); 5, 11 – слепая кишка (конец); 6, 12 – слепая кишка (середина) /**

Fig. 2. **Histogram of the distribution of taxa of microorganisms in the digestive tract of lambs: samples 1 to 6 – control group, 7 to 12 – experimental group; 1, 7 – rumen the upper part; 2, 8 – rumen the lower part; 3, 9 – feces; 4, 10 – cecum (beginning); 5, 11 – cecum (end); 6, 12 – cecum (middle)**

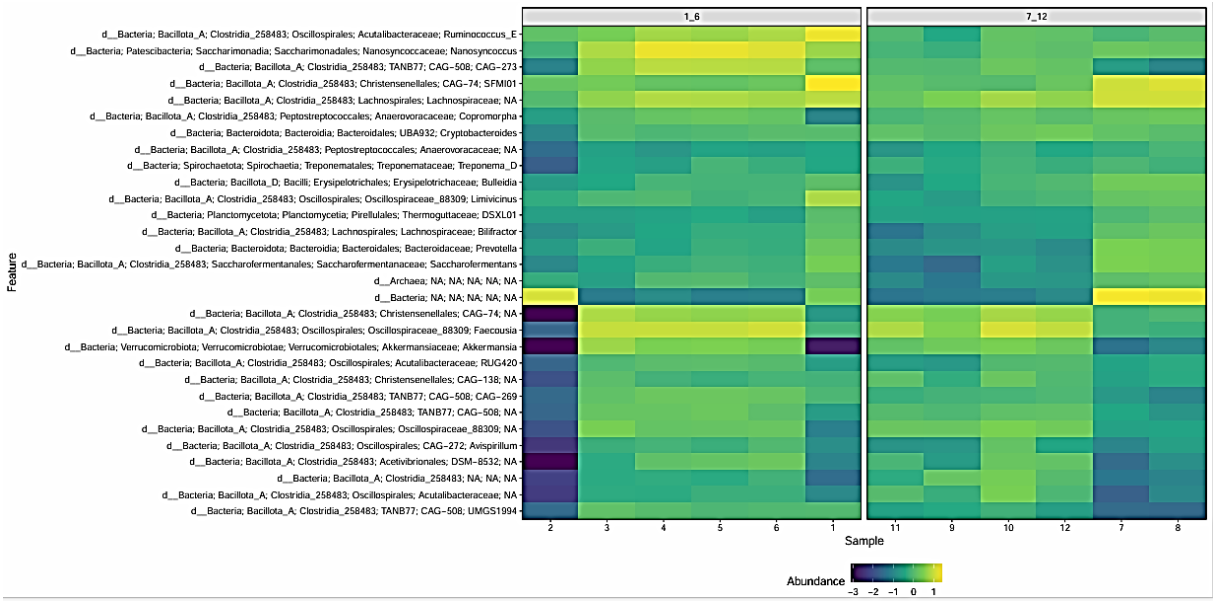

Рис. 3. **Теплокарта распределения таксонов микроорганизмов желудочно-кишечного тракта ягнят: образцы с 1 по 6 – контрольная группа, с 7 по 12 – опытная группа; 1, 7 – рубец верхняя часть; 2, 8 – рубец нижняя часть; 3, 9 – кал; 4, 10 – слепая кишка (начало); 5, 11 – слепая кишка (конец); 6, 12 – слепая кишка (середина) /**

Fig. 3. **Heat map of the distribution of taxa of microorganisms of the gastrointestinal tract of lambs: samples 1 to 6 – control group, 7 to 12 – experimental group; 1, 7 – rumen upper part; 2, 8 – rumen the lower part; 3, 9 – feces; 4, 10 – cecum (beginning); 5, 11 – cecum (end); 6, 12 – cecum (middle)**

В кале ягнят контрольной группы преобладали бактерии родов *Psychrobacter* (12,0 %), *Faecousia* (10,0 %), *Nanosyncoccus* (7,0 %) и семейства Lachnospiraceae (7,0 %), опытной группы – микроорганизмы родов *Psychrobacillus* и *Arthrobacter* (по 23,0 %), *Sporosarcina* (13,0 %). Также можно отметить наличие бактерий рода *Faecousia* (3,0 %) и семейства Lachnospiraceae (4,0 %).

В кишечном микробиоме ягнят контрольной группы доминирующее положение занимают бактерий родов *Nanosyncoccus* и *Faecousia*. В кишечнике опытных ягнят доля бактерий рода *Nanosyncoccus* была значительно ниже, доля бактерий рода *Faecousia* имела близкие значения с контрольной группой.

В таблице 2 представлены индексы разнообразия исследованных проб.

Таблица 2 – **Индексы разнообразия микробиоценозов желудочно-кишечного тракта ягнят /**
Table 2 – **Diversity indices of microbiocenoses of the gastrointestinal tract of lambs**

Индекс разнообразия / Index of diversity	*Проба*					
	рубец / rumen		*Кал / Feces*	*слепая кишка / blind intestine*		
	верхняя часть / the upper part	*нижняя часть / the lower part*		*начало / beginning*	*конец / end*	*середина / middle*
Контрольная группа / Control group						
Маргалефа / Margalef	14,9	12,2	22,4	16,3	21,2	20,9
Менхиника / Menhinnick	0,46	0,34	0,65	0,59	0,61	0,63
Бергера-Паркера / Berger-Parker	0,24	0,55	0,11	0,18	0,17	0,14
Шеннона / Shannon	4,64	2,55	5,76	5,36	5,56	5,68
Опытная группа / Experimental group						
Маргалефа / Margalef	23,4	22,9	15,5	18,7	19,2	18,6
Менхиника / Menhinnick	0,68	0,73	0,63	0,68	0,69	0,72
Бергера-Паркера / Berger-Parker	0,21	0,19	0,23	0,12	0,16	0,09
Шеннона / Shannon	5,35	5,39	4,65	6,13	5,40	6,07

Индекс Шеннона варьирует от 2,55 до 5,76 в контрольной группе, от 4,65 до 6,13 – в опытной, в четырёх случаях из шести данный показатель выше в опытной группе. Китайскими учеными в фекалиях годовалых баранов установлены более высокие показатели данного индекса (от 8,09 до 9,92) [15]. Возможно, с возрастом биоразнообразие кишечной микробиоты может увеличиваться. Индекс Бергера-Паркера варьирует от 0,11 до 0,55 в контрольной группе, от 0,09 до 0,23 – в опытной. В трёх случаях данный индекс принимает близкое значение в контрольной и опытной группах (рубец – верхняя часть, слепая кишка – начало и конец). В пробах «рубец нижняя часть» и «слепая кишка середина» индекс Бергера-Паркера выше в контрольной группе (в 2,9 и 1,6 раза соответственно), в кале ягнят опытной группы он примерно в 2,0 раза выше, чем в кале ягнят контрольной. Индексы Маргалефа и Менхиника в пробах рубца ягнят опытной группы выше, чем контрольной в 1,5–2,0 раза.

При анализе краниокаудального градиента в распределении микроорганизмов по желудочно-кишечному тракту ягнят установлено следующее. В рубце овец, где происходит основная ферментация растительных волокон, обычно преобладают анаэробные бактерии, такие как *Fibrobacter succinogenes*, *Ruminococcus albus* и *Ruminococcus flavefaciens*, а также метаногенные археи, в частности *Methanobrevibacter*. Они расщепляют целлюлозу, гемицеллюлозу и крахмал до летучих жирных кислот (ЛЖК), которые служат основным источником энергии для овец. Бактерии рода *Ruminococcus* также явились одним из доминирующих родов в рубце (верхняя часть), их доля составила 19,0 %. Но самым обильным родом оказались бактерии рода *SFMI01* (25,0 %). В числе доминирующих ОТЕ были бактерии семейства Lachnospiraceae (11,0 %), родов *Limivicinus* (6,0 %) и *Nanosyncoccus* (5,0 %). По мере продвижения в сычуг, кислая среда подавляет рост многих бактерий рубца, а доминировать начинают кислотоустойчивые виды, такие как *Lactobacillus* и *Streptococcus*. У ягнят романовской породы наиболее обособленной по составу микробов оказался микробиоценоз нижней части рубца, где доминировали бактерии рода *Latilactobacillus* (75,0 %), играющие важную роль в метаболизме углеводов, перерабатывая их в молочную кислоту [16]. В тонком

кишечнике происходит дальнейшее переваривание и всасывание питательных веществ, и микробиота становится более разнообразной, включая как анаэробные, так и факультативные анаэробные бактерии. Микробиота верха, середины и низа слепой кишки отличалась незначительно, доминирующими родами были *Nanosyncoccus* (его доля составила 18,0, 17,0 и 14,0 % соответственно) *Faecousia* (10,0, 9,0 и 11,0 %), семейства Lachnospiraceae (7,0, 7,0 и 6,0 %), Ruminococcus (по 2,0 %). В толстом кишечнике, где происходит абсорбция воды и формирование фекалий, микробиота снова претерпевает изменения. Увеличивается доля бактерий, способных ферментировать непереваренные углеводы и белки, включая *Bacteroides* и *Prevotella*. Наличие бактерий *Prevotella* spp. и *Ruminococcus* spp. ученые объясняют потенциальными функциями этих бактерий при использовании богатых растительной пищей рационов хозяина [17]. Краниокаудальный градиент отражает адаптацию микробиоты к различным условиям среды и функциям каждого отдела желудочно-кишечного тракта, обеспечивая оптимальное переваривание и усвоение питательных веществ овцой. Китайскими учеными также установлена пространственная неоднородность бактериальной колонизации вдоль желудочно-кишечного тракта. Авторы отмечают U-образное распределение от рубца к прямой кишке, с наибольшим бактериальным разнообразием в слепой кишке [18].

Идентификация полезных бактерий, обладающих пробиотическим потенциалом, позволит создавать эффективные кормовые добавки и стратегии управления микробиотой для поддержания здоровья и продуктивности животных. Изучение микробиоты романовской породы овец вносит вклад в общее понимание взаимодействия между генотипом хозяина и микробиомом, а также в эволюционную адаптацию животных к различным условиям окружающей среды и рационам питания. Полученные данные могут быть использованы для разработки более устойчивых и эффективных систем животноводства, способных удовлетворять растущий спрос на продукты питания при сохранении здоровья животных и снижении негативного воздействия на окружающую среду.

Выводы. 1. Желудочно-кишечный тракт овец представляет собой сложную экосистему, в которой обитает огромное разнообразие микроорганизмов, играющих критическую роль в пищеварении, иммунной защите и общем здоровье животного. Распределение этих микроорганизмов неоднородно и демонстрирует выраженный кранио-каудальный градиент.

2. Доминирующим филумом в микробиоценозе желудочно-кишечного тракта ягнят как получавших, так и не получавших пробиотик, являются бактерии Bacillota, причем наибольшая разница в представленности наблюдается в рубце (26,6 п. п.). Также к доминирующим можно отнести филумы Actinomycetota, Pseudomonadota, Verrucomicrobiota и Bacteroidota.

3. В опытной группе по сравнению с контрольной выше представленность полезных представителей филумов Bacteroidota, Pseudomonadota и Actinomycetota на 4,2, 3,7 и 0,9 п. п. соответственно, бактерий филума Bacillota на 26,6 п. п. ниже. В рубце ягнят опытной группы доля минорного типа Chloroflexota составляет 0,3 %. В слепой кишке разница в доле доминантного филума Bacillota не так велика, как в рубце, и составляет 9,2 п. п. На втором и третьем местах по представленности в слепой кишке ягнят контрольной группы находятся Verrucomicrobiota (13,5 %) и Actinomycetota (7,7 %), у ягнят опытной – Pseudomonadota (10,6 %) и Bacteroidota (4,5 %).

4. Альфа-разнообразие (индекс Шеннона) микробиоты желудочно-кишечного тракта ягнят высокое как в контрольной группе, так и опытной. Выявлена высокая степень сходства в структурах кишечного микробного сообщества у ягнят контрольной и опытной групп. Значительные отличия наблюдаются только в составе рубцовой микробиоты (индексы Маргалефа и Менхиника опытной группы выше, чем контрольной в 1,5-2,0 раза).

Предложения производству: для облегчения перехода с молочного питания на твердые корма рекомендуется продолжать использовать пробиотический препарат «Яросил».

Список литературы

1. Остренко К. С. Основы взаимосвязи нейрогуморальной регуляции и микробиома ЖКТ у овец. Сборник научных трудов Краснодарского научного центра по зоотехнии и ветеринарии. 2021;10(1):185–189. DOI: https://doi.org/10.48612/49x2-rm76-da6v EDN: BZIREH

2. Филинская О. В., Скворцова Е. Г., Пивоварова Е. А., Еремеева М. А. Мясные качества и интерьерные особенности помесного молодняка овец при использовании микробиологического препарата. Вестник АПК Верхневолжья. 2021;(2(54)):61–66. DOI: https://doi.org/10.35694/YARCX.2021.54.2.010 EDN: WEUCUN

3. Фомичев Ю. П., Боголюбова Н. В., Ермаков И. Ю. К вопросу управления физиологическими процессами и формированием сбалансированного микробиома в рубце коров и овец путем введения в рацион кормовых факторов с определенными биологическими и функциональными свойствами. Ветеринария, зоотехния и биотехнология. 2023;(4):88–106. DOI: https://doi.org/10.36871/vet.zoo.bio.202304009 EDN: QOZEBV

4. Лахонин П. Д., Вьючная П. С. Влияние биологически активного комплекса продуктов на рубцовое пищеварение овец. Ветеринария, зоотехния и биотехнология. 2023;(11):97–106. DOI: https://doi.org/10.36871/vet.zoo.bio.202311013 EDN: VPTPLI

5. Фомичев Ю. П., Боголюбова Н. В., Колодина Е. Н., Рыков Р. А. Регуляторное действие танинов на рубцовое пищеварение, микробиоту толстой кишки, биохимический статус и показатели неспецифического иммунитета у овец (*Ovis aries*). Сельскохозяйственная биология. 2025;60(2):331–344. DOI: https://doi.org/10.15389/agrobiology.2025.2.331rus EDN: OOZRCL

6. Усачев И. И., Ездакова И. Ю., Каничева И. В., Хотмирова О. В. Влияние целенаправленного формирования микробиоценоза кишечника на динамику массы тела и сохранность ягнят раннего возраста. Ветеринарный врач. 2022;(3):67–71. DOI: https://doi.org/10.33632/1998-698X.2021_67_71 EDN: PLFDNL

7. Лиходеевский Г. А., Богатова П. С., Лиходеевская О. Е. Бактериальная микробиота желудочно-кишечного тракта крупного рогатого скота молочного направления: состав, функции, значение (обзор). Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2024;25(2):159–171. DOI: https://doi.org/10.30766/2072-9081.2024.25.2.159-171 EDN: PBAZXE

8. Гиро Т. М., Ильина Л. А. Влияние обогащенных рационов на состав и функциональный профиль микробиома рубца баранчиков. Техника и технология пищевых производств. 2024;54(4):848–871. DOI: https://doi.org/10.21603/2074-9414-2024-4-2550 EDN: YDRSHS

9. Sachdeva A., Tomar T., Malik T., Bains A., Karnwal A. Exploring probiotics as a sustainable alternative to antimicrobial growth promoters: mechanisms and benefits in animal health. Frontiers in Sustainable Food Systems. 2025;8:1523678. DOI: https://doi.org/10.3389/fsufs.2024.1523678

10. 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. DOI: https://doi.org/10.25687/1996-6733.prodanimbiol.2020.4.5-26 EDN: VXFFAO

11. Филоненко В. А., Чачин А. В., Галкина Т. П. Эффективность кормовой добавки «Яросил» при выращивании романовских ягнят в подсосный период. Овцы, козы, шерстяное дело. 2020;(1):34–36. Режим доступа: https://elibrary.ru/item.asp?id=42579594 EDN: OHWEVP

12. Andrews S. Fast QC: a quality control tool for high throughput sequence data. Babraham Bioinformatics, Babraham Institute, Cambridge, United Kingdom, 2010. URL: https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/

13. Bolyen E., Rideout J. R., Dillon M. R., Bokulich N. A., Abnet Ch.C., Al-Ghalith G. A. et al. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. Nature Biotechnology. 2019;37(8):852–857. DOI: https://doi.org/10.1038/s41587-019-0209-9

14. Callahan B. J., McMurdie P. J., Rosen M. J., Han A. W., Johnson A. J., Holmes S. P. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. Nature Methods. 2016;13(7):581–583. DOI: https://doi.org/10.1038/nmeth.3869

15. Chang J., Yao X., Zuo C., Qi Y., Chen D., Ma W. The gut bacterial diversity of sheep associated with different breeds in Qinghai province. BMC Veterinary Research. 2020;16(1):254. DOI: https://doi.org/10.1186/s12917-020-02477-2

16. Колесник Н. С., Зеленченкова А. А., Вьючная П. С., Артемьева О. А. Микробиологические показатели в рубце овец при скармливании разного уровня концентратов. Аграрная наука. 2024;(7):85–90. DOI: https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-384-7-85-90 EDN: MDHIRP

17. Liu X., Ding H., Zhang X., Ta N., Zhao J., Zhang Q. et al. Dynamic changes in the gastrointestinal microbial communities of Gangba sheep and analysis of their functions in plant biomass degradation at high altitude. Microbiome. 2025;13(1):17. DOI: https://doi.org/10.1186/s40168-024-02022-5

18. Zhang Y., Cheng J., Lin C., Li F., Zhang X., Li C. et al. Spatial heterogeneity determines the gastrointestinal microbiome signatures and ecological processes that govern bacterial community assembly in sheep. Microbiology Spectrum. 2025;13(2):e01110-24. DOI: https://doi.org/10.1128/spectrum.01110-24

References

1. Ostrenko K. S. Fundamentals of the relationship between neurohumoral regulation and the gastrointestinal microbiome in sheep. *Sbornik nauchnykh trudov Krasnodarskogo nauchnogo tsentra po zootekhnii i veterinarii*. 2021;10(1):185–189. (In Russ.). DOI: https://doi.org/10.48612/49x2-rm76-da6v

2. Filinskaya O. V., Skvortsova E. G., Pivovarova E. A., Eremeyeva M. A. Meat qualities and interior features of crossbred young sheep when using a microbiological preparation. *Vestnik APK Verkhnevolzh'ya* = Bulletin of the AIC of the Upper Volga. 2021;(2(54)):61–66. (In Russ.). DOI: https://doi.org/10.35694/YARCX.2021.54.2.010

3. Fomichev Yu. P., Bogolyubova N. V., Ermakov I. Yu. To the question of management of physiological processes and the formation of a balanced microbiome in the rumen of cows and sheep by introducing feed factors with certain biological and functional properties in the diet. *Veterinariya, zootekhniya i biotekhnologiya* = Veterinary Medicine, Zootechnics and Biotechnology. 2023;(4):88–106. (In Russ.). DOI: https://doi.org/10.36871/vet.zoo.bio.202304009

4. Lakhonin P. D., V'yuchnaya P. S. Effect of biologically active complex of products on rumen digestion of sheep. *Veterinariya, zootekhniya i biotekhnologiya* = Veterinary Medicine, Zootechnics and Biotechnology. 2023;(11):97–106. (In Russ.). DOI: https://doi.org/10.36871/vet.zoo.bio.202311013

5. Fomichev Yu. P., Bogolyubova N. V., Kolodina E. N., Rykov R. A. Regulatory effect of tannins on ruminal digestion, colon microbiota, blood biochemistry and non-specific resistance in sheep (*Ovis aries*). *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya* = Agricultural Biology. 2025;60(2):331–344. (In Russ.). DOI: https://doi.org/10.15389/agrobiology.2025.2.331rus

6. Usachev I. I., Ezdakova I. Yu., Kanicheva I. V., Khotmirova O. V. The effect of purposeful formation of intestinal microbiocenosis on the dynamics of body weight and the safety of young lambs. *Veterinarnyy vrach.* 2022;(3):67–71. (In Russ.). DOI: https://doi.org/10.33632/1998-698X.2021_67_71

7. Lihodeevsky G. A., Bogatova P. S., Lihodeevskaya O. E. The bacterial microbiota of the gastrointestinal tract of dairy cattle: structure, functions, importance (review). *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka* = Agricultural Science Euro-North-East. 2024;25(2):159–171. (In Russ.). DOI: https://doi.org/10.30766/2072-9081.2024.25.2.159-171

8. Giro T. M., Ilina L. A. Effect of diet supplements on rumen microbiome in young ram. *Tekhnika i tekhnologiya pishchevykh proizvodstv* = Food Processing: Techniques and Technology. 2024;54(4):848–871. (In Russ.). DOI: https://doi.org/10.21603/2074-9414-2024-4-2550

9. Sachdeva A., Tomar T., Malik T., Bains A., Karnwal A. Exploring probiotics as a sustainable alternative to antimicrobial growth promoters: mechanisms and benefits in animal health. Frontiers in Sustainable Food Systems. 2025;8:1523678. DOI: https://doi.org/10.3389/fsufs.2024.1523678

10. Koloskova E. M., Ostrenko K. S., Ezerskiy V. A., Ovcharova A. N., Belova N. V. Studies of the sheep rumen microbiome using molecular genetic methods: a review. *Problemy biologii produktivnykh zhivotnykh* = Problems of Productive Animal Biology. 2020;(4):5–26. (In Russ.). DOI: https://doi.org/10.25687/1996-6733.prodanimbiol.2020.4.5-26

11. Filonenko V. A., Chachin A. V., Galkina T. P. The effectiveness of the Yarosil feed additive in raising Roma lambs during the suckling period. *Ovtsy, kozy, sherstyanoye delo.* 2020;(1):34–36. (In Russ.). URL: https://elibrary.ru/item.asp?id=42579594

12. Andrews S. Fast QC: a quality control tool for high throughput sequence data. Babraham Bioinformatics, Babraham Institute, Cambridge, United Kingdom, 2010. URL: https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/

13. Bolyen E., Rideout J. R., Dillon M. R., Bokulich N. A., Abnet Ch.C., Al-Ghalith G. A. et al. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. Nature Biotechnology. 2019;37(8):852–857. DOI: https://doi.org/10.1038/s41587-019-0209-9

14. Callahan B. J., McMurdie P. J., Rosen M. J., Han A. W., Johnson A. J., Holmes S. P. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. Nature Methods. 2016;13(7):581–583. DOI: https://doi.org/10.1038/nmeth.3869

15. Chang J., Yao X., Zuo C., Qi Y., Chen D., Ma W. The gut bacterial diversity of sheep associated with different breeds in Qinghai province. BMC Veterinary Research. 2020;16(1):254. DOI: https://doi.org/10.1186/s12917-020-02477-2

16. Kolesnik N. S., Zelenchenkova A. A., Vyuchnaya P. S., Artemyeva O. A. Microbiological indicators in the rumen of sheep when fed different levels of concentrates. *Agrarnaya nauka* = Agrarian science. 2024;(7):85–90. (In Russ.). DOI: https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-384-7-85-90

17. Liu X., Ding H., Zhang X., Ta N., Zhao J., Zhang Q. et al. Dynamic changes in the gastrointestinal microbial communities of Gangba sheep and analysis of their functions in plant biomass degradation at high altitude. Microbiome. 2025;13(1):17. DOI: https://doi.org/10.1186/s40168-024-02022-5

18. Zhang Y., Cheng J., Lin C., Li F., Zhang X., Li C. et al. Spatial heterogeneity determines the gastrointestinal microbiome signatures and ecological processes that govern bacterial community assembly in sheep. Microbiology Spectrum. 2025;13(2):e01110-24. DOI: https://doi.org/10.1128/spectrum.01110-24

Вклад авторов: Скворцова Е. Г. – концепция и план исследования, анализ данных, подготовка рукописи; Филинская О. В. – анализ данных, подготовка рукописи.

Сведения о авторах

✉ **Скворцова Елена Гамеровна**, кандидат биол. наук, доцент, заведующий кафедрой зоотехнии, ФГБОУ ВО «Ярославский государственный аграрный университет», Тутаевское шоссе, 58, г. Ярославль, Российская Федерация, 150042, e-mail: info@yarcx.ru, **ORCID: https://orcid.org/0000-0003-0699-7959**, e-mail: e.skvorcova@yarcx.ru

Филинская Оксана Владимировна, кандидат с.-х. наук, доцент, профессор кафедры зоотехнии, ФГБОУ ВО «Ярославский государственный аграрный университет», Тутаевское шоссе, 58, г. Ярославль, Российская Федерация, 150042, e-mail: info@yarcx.ru, **ORCID: https://orcid.org/0000-0003-3981-3546**

***Author Contributions**:* Skvortsova E. G. – research concept and plan, data analysis, manuscript preparation; Filinskaya O. V.– data analysis, manuscript preparation.

Information about the authors

✉ **Elena G. Skvortsova**, PhD in Biology, associate professor, Head of the Department of Animal Science, Yaroslavl State Agrarian University, Tutaevskoe Shosse, 58, Yaroslavl, Russian Federation, 150042, e-mail: info@yarcx.ru, **ORCID: https://orcid.org/0000-0003-0699-7959**, e-mail: e.skvorcova@yarcx.ru

Oksana V. Filinskaya, PhD in Agricultural Science, associate professor, professor at the Department of Animal Science, Yaroslavl State Agrarian University, Tutaevskoe Shosse, 58, Yaroslavl, Russian Federation, 150042, e-mail: info@yarcx.ru, **ORCID: https://orcid.org/0000-0003-3981-3546**

✉ – Для контактов / Corresponding author