

УДК: 618:579.62:636.2

DOI:10.52419/issn2072-2419.2023.4.431

## МИКРОБНЫЙ ПЕЙЗАЖ ПОЛОВЫХ ПУТЕЙ ЗДОРОВЫХ КОРОВ С РАЗЛИЧНЫМ СРОКОМ СТЕЛЬНОСТИ

Паршин П.А.<sup>1</sup> \* – д-р ветеринар. наук, проф., директор (0000-0002-8790-0540);  
Востроилова Г.А.<sup>1</sup> – д-р биол. наук, гл. науч. сотр. отдела экспериментальной фармакологии и функционирования живых систем, (ORCID 0000-0002-2960-038X);  
Бригадиров Ю.Н.<sup>1</sup> – д-р ветеринар. наук, гл. науч. сотр. отдела экспериментальной фармакологии и функционирования живых систем (ORCID 0000-0003-3804-1732);  
Шапошников И.Т.<sup>1</sup> – д-р биол. наук, гл. науч. сотр. отдела экспериментальной фармакологии и функционирования живых систем (ORCID 0000-0003-0190-9083);  
Жуков М.С.<sup>1</sup> – канд. ветеринар. наук, ст. науч. сотр. отдела экспериментальной фармакологии и функционирования живых систем (ORCID 0000-0002-9317-7344);  
Манжурина О.А.<sup>1</sup> – канд. ветеринар. наук, зав. лабораторией микробиологии и молекулярно-генетического анализа, (ORCID 0000-0003-0147-8965); Перепелкина И.С.<sup>1</sup> – мл. науч. сотр. лаборатории микробиологии и молекулярно-генетического анализа (ORCID 0000-0002-6462-8724); Якимчук О.В.<sup>2</sup> – ветеринарный врач.

<sup>1</sup> ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский ветеринарный институт патологии, фармакологии и терапии»

<sup>2</sup> ЗАО «Юдановские просторы»

\*doktor.57@mail.ru

**Ключевые слова:** коровы, беременность, сроки стельности, шейечно-вагинальная слизь, микробиота.

**Keywords:** cows, pregnancy, terms of pregnancy, cervical-vaginal mucus, microbiota.

Поступила: 06.10.2023

Принята к публикации: 17.11.2023

Опубликована онлайн: 08.12.2023



### РЕФЕРАТ

Учение о нормальной микрофлоре организма человека и животных в настоящее время находится в центре внимания клинических микробиологов и широкого круга специалистов клинического профиля. Известно, что микрофлора влагалища зависит от множества факторов внутренней и внешней среды, поэтому в настоящее время её принято рассматривать как экосистему, обладающую уникальным комплексом механизмов, обеспечивающим его резистентность по отношению к чужеродным микроорганизмам и поддерживающим репродуктивное здоровье. Целью исследования явилось изучение изменения микробиоценоза влагалища у коров в разные периоды стельности. Объектом исследования служили клинически здоровые коровы (n=10) красно-пёстрой породы (голландизированные), а предметом исследования – шейечно-вагинальная слизь. На 150-160, 210-220 и 260-265 день стельности у коров производился отбор образцов слизи с помощью стерильных зонд тампонов для бактериологических исследований. Установлено, что представители нормофлоры, а также условно-патогенной и патогенной микрофлоры присутствовали во влагалищных выделениях жи-

вотных всех периодов стельности. Однако общая бактериальная обсемененность половых путей у коров в первой половине и во второй половине третьего триместра беременности характеризовалась её снижением на 29,2 и 33,3% соответственно относительно данных полученных во втором триместре. Также необходимо отметить, что ко второй половине третьего триместра беременности наблюдается увеличение облигатной нормофлоры за счёт лакто- и бифидобактерий на 27,1% и в 4 раза соответственно, с преобладанием рода *Lactobacillus* в количественном отношении. На фоне этого количество транзитной микрофлоры снижалось на 34,2-57,1% ( $P<0,05$ ).

#### ВВЕДЕНИЕ / INTRODUCTION

Учение о нормальной микрофлоре организма человека и животных в настоящее время находится в центре внимания клинических микробиологов и широкого круга специалистов клинического профиля [4]. Известно, что микрофлора влагалища зависит от множества факторов внутренней и внешней среды, поэтому в настоящее время её принято рассматривать как экосистему, обладающую уникальным комплексом механизмов, обеспечивающим его резистентность по отношению к чужеродным микроорганизмам и поддерживающим репродуктивное здоровье. Совокупность микроорганизмов, обитающих в этой анатомической нише, принято именовать микробиоценозом влагалища, при этом качественный и количественный состав микрофлоры носит индивидуальный характер [2]. На фоне нарастающих экологических проблем в эру антибиотиков в условиях действия других факторов, влияющих на иммунный баланс макроорганизма, происходят значительные изменения в эволюционно сложившемся микробиоценозе живого организма [1]. Как следствие этого процесса можно рассматривать возрастающую роль условно-патогенных микроорганизмов при инфекционных факторных заболеваниях, особенно при акушерской патологии [1, 2, 5]. В связи с этим основная масса работ, посвященных изучению микрофлоры влагалища коров, ориентирована на определение её роли в этиологии, разработке диагностических подходов и оценки эффективности лечения акушерской патологии. При этом исследований микробиоценоза влагалища во время беременности здоровых коров сравнительно мало. Некоторые ученые склоняются к тому, что микробиом влагалища

крупного рогатого скота относительно стабилен и беременность не оказывает на него значимого влияния [8, 10]. Однако, известно, что во время данного процесса организм, помимо гормональных изменений претерпевает иммунологическую перестройку. Установлено, что при физиологическом течение беременности цитокиновый баланс смещается в сторону иммуносупрессорных цитокинов, что может влиять на микробиоценоз [3]. Также необходимо отметить, что от микрофлоры влагалища зависит здоровье не только коров, но и новорожденного телёнка, так как во время родов происходит первичная микробная контаминация изгоняемого плода [13]. В результате этого новорожденный приобретает идентичную микрофлору родовых путей матери и в зависимости от её состава определяется риск возникновения ранней неонатальной инфекции [9]. В связи с этим, особую актуальность приобретает изучение микробиоценоза влагалища коров в процессе беременности.

Цель работы – провести оценку динамики микробиоценоза влагалища у клинически здоровых коров в разные периоды стельности.

#### МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ / MATERIALS AND METHODS

Объектом исследования служили клинически здоровые коровы ( $n=10$ ) краснопёстрой породы (голшитинизированные) со среднесуточным удоем 25-27 кг. Предмет исследований – шеечно-вагинальная слизь. На 150-160, 210-220 и 260-265 день стельности у коров производился отбор образцов шеечно-вагинальной слизи с помощью стерильных зонд тампонов. После забора зонд помещали в сухую стерильную одноразовую пробирку с 800 мкл физиологического раствора. Биологи-

ческий материал доставлялся в лабораторию микробиологии и молекулярно-генетического анализа в термоконтейнере в течение 2 часов с момента отбора. Микробиологические исследования проводили общепринятыми методами с использованием коммерческих питательных сред, тест систем и диагностикумов (МПБ, МПА, Эндо, Плоскирева, МРС, Блаурокка НИЦФ г. Санкт-Петербург). [6]. Дифференциацию осуществляли на основании биохимических и морфологических свойств выделенных культур. Идентификацию микроорганизмов проводили с помощью «Определителя бактерий Берджи» [11].

Полученные экспериментальные данные подвергали статистической обработке с использованием пакета программ Statistica v10.0 (Stat Soft. Inc. США). Рассчитывали среднюю арифметическую и стандартную ошибку средней. Достоверность различия между выборками оценивали с помощью непараметрического критерия Манна-Уитни. Статистическая гипотеза считалась достоверной при  $P < 0,05$ .

#### РЕЗУЛЬТАТЫ / RESULTS

Микробный пейзаж половых путей коров ( $n = 10$ ) со сроком стельности 150-160 дней показал – микрофлора выделена во всех пробах в виде ассоциации из 2-4 видов микроорганизмов. Выделены микроорганизмы 6 видов: бифидобактерии, лактобактерии, энтеробактерии, стафилококки, энтерококки, бациллы. Из облигатной нормофлоры выделены бифидобактерии (100%), лактобациллы (100%). Из факультативной микрофлоры выделены энтерококки в 100% случаев, (*Ent. faecium*) и *Bacillus* spp. в 60%. Транзиторные микроорганизмы были представлены энтеробактериями и стафилококками. Энтеробактерии выделены в 50% случаев и представлены лактозопозитивными *E. coli*. Стафилококки выделены в 40% проб и представлены коагулазоотрицательными стафилококками *Staph. epidermidis*. При этом общая бактериальная обсеменённость составила  $2,4 \pm 0,16 \times 10^3$  КОЕ/мл. *Lactobacillus* spp. –  $4,8 \pm 0,16 \times 10^2$  КОЕ/мл.; *Bifidobacterium* spp. –  $0,3 \pm 0,084 \times 10^2$

КОЕ/мл., энтеробактерии –  $7,9 \pm 0,26 \times 10^2$  КОЕ/мл., *E. coli* (лакт. +) –  $1,59 \pm 0,224 \times 10^2$  КОЕ/мл., *Bacillus* spp. –  $6,3 \pm 0,36 \times 10^2$  КОЕ/мл., *Enterococcus faecium* –  $8,4 \pm 0,31 \times 10^2$  КОЕ/мл., *Staph. epidermidis* –  $0,057 \pm 0,0024 \times 10^2$  КОЕ/мл.

Проведенными бактериологическими исследованиями 10 проб шеечно-влагалищной слизи коров со сроком стельности 210-220 дней микрофлора выделена в 100% проб в виде ассоциации микроорганизмов. Из облигатной микрофлоры изолированы бифидобактерии и лактобациллы в 100% случаев. Из факультативной микрофлоры выделены *Ent. faecium* в 60% случаев и *Bacillus* spp. в 70% проб. Транзиторные микроорганизмы представлены энтеробактериями, в том числе *E. coli* (лакт. +) в 50% проб. В 30% проб выделены стафилококками, представленные коагулазоотрицательными стафилококками *Staph. epidermidis* (20%) и коагулазоположительными стафилококками *Staph. aureus* (10%). При определении общей бактериальной обсеменённости было установлено, что её уровень снизился на 29,2% относительно предыдущего исследования. Среднее количество лакто- и бифидобактерий при этом увеличилось на 43,8% и в 2,3 раза соответственно. Также было отмечено, что на фоне увеличения облигатной микрофлоры произошло снижение количества *Ent. faecium* на 32,1% и *Bacillus* spp. на 25,4% (табл.). Среднее количество *E. coli* (лакт. +) и *Staph. epidermidis* при этом увеличилось на 25,2 и 94,7% соответственно, но эти данные не имели достоверной значимости.

Бактериологические исследования аналогичного количества проб шеечно-влагалищной слизи коров со сроком стельности 260-265 дней показали, что микрофлора была изолирована в 100% случаев в виде ассоциации микроорганизмов и содержала бактерии 6 видов: бифидобактерии, лактобациллы, энтеробактерии, стафилококки, энтеробактерии, бациллы.

Таблица 1 – Микробный пейзаж шеечно-влагалищного биотопа (КОЕ/мл) коров с различными сроками стельности

Микроорганизмы	Сроки стельности, дни		
	150-160	210-220	260-265
Степень микробной контаминации	$2,4 \pm 0,16 \times 10^3$	$1,7 \pm 0,14 \times 10^3^*$	$1,6 \pm 0,37 \times 10^3^*$
<i>Lactobacillus</i> spp.	$4,8 \pm 0,16 \times 10^2$	$6,9 \pm 0,27 \times 10^2^*$	$6,1 \pm 0,71 \times 10^2^*$
<i>Bifidobacterium</i> spp.	$0,3 \pm 0,084 \times 10^2$	$0,68 \pm 0,103 \times 10^2^*$	$1,2 \pm 0,146 \times 10^2^*$
<i>Enterobacter</i> spp.	$7,9 \pm 0,26 \times 10^2$	$4,6 \pm 1,2 \times 10^2^*$	$5,2 \pm 0,58 \times 10^2^*$
<i>E. coli</i> (лакт. +)	$1,59 \pm 0,224 \times 10^2$	$1,99 \pm 0,123 \times 10^2$	$1,99 \pm 0,378$
<i>Bacillus</i> spp.	$6,3 \pm 0,36 \times 10^2$	$4,7 \pm 1,40 \times 10^2$	$5,1 \pm 0,57 \times 10^2^*$
<i>Enterococcus faecium</i>	$8,4 \pm 0,31 \times 10^2$	$5,7 \pm 1,0 \times 10^2^*$	$3,6 \pm 0,85 \times 10^2$
<i>Staph. epidermidis</i>	$0,057 \pm 0,0024 \times 10^2$	$0,111 \pm 0,0075 \times 10^2$	$0,105 \pm 0,105 \times 10^2$
<i>Staph. aureus</i>	0	$0,018 \pm 0,018 \times 10^2$	$0,003 \pm 0,003 \times 10^2$

Примечание: \* –  $P < 0,05$  в сравнении с данными на 150-160 день стельности.

Из облигатной индигенной микрофлоры изолированы бифидобактерии и лактобациллы в 100% случаев. Из факультативной микрофлоры выделены энтерококки *Ent. faecium* (50%) и бациллы *Bacillus* spp. (50%). Транзиторные микроорганизмы были представлены энтеробактериями и стафилококками. Энтеробактерии выделены в 40% случаев и представлены в том числе лактозопозитивными *E. coli*. Стафилококки выделены в 20% проб и представлены коагулазоотрицательными (*Staph. epidermidis* – 10%) и коагулазоположительными (*Staph. aureus* – 10%). При определении общей обсемененности половых путей установлено, что она снизилась на 5,9%. Уровень лактобактерий при этом уменьшился на 11,6%, но был выше исходного уровня на 27,1%. Количество бифидобактерий увеличилось на 76,5% и в 4 раза относительно предыдущего и 1-го исследования соответственно. На фоне увеличения облигатной микрофлоры было отмечено снижение количества *Ent. faecium*, *Staph. epidermidis* и *Staph. aureus* на 36,8; 5,4 и 83,3% соответственно и увеличение *Bacillus* spp. на 8,5%. При этом необходимо отметить, что общая обсемененность половых путей была ниже аналогичного показателя коров на 150-160 день стельности на 33,3%. Снижение бактериальной обсемененности в течение беременности, сопровождалось уменьше-

нием количества энтеробактерий, *Ent. faecium* и *Bacillus* spp. на 34,2; 19,0 и 57,1% соответственно.

Таким образом, полученные результаты показывают, что в третьем триместре беременности происходит микробиологическая подготовка родовых путей к родам. В тоже же время имеются противоречивые сообщения того, что у коров в течение беременности отсутствуют какие-либо достоверные изменения в составе и структуре микробиоценоза влагалища. На основании этого авторы исследований предполагают, что микробиом влагалища крупного рогатого скота относительно стабилен и беременность не оказывает на него значимого влияния [8, 10].

В свою очередь полученные нами данные, показывают, что микробиом влагалища нестабилен. Начиная с третьего триместра беременности отмечается снижение общей микробной контаминации, которая сопровождается увеличением количества лакто- и бифидобактерий и уменьшением транзиторными микроорганизмами в родовых путях. Мы предполагаем, что изменение структуры обусловлено доминированием лактобактерий, продуцирующих перекись водорода и молочную кислоту [7, 12]. Таким образом, в слизистой оболочке создается благоприятная среда для заселения респираторного и желудочного тракта новорож-

денных телят, что снижает риск развития ранней неонатальной инфекции. Однако необходимо отметить, что данный вопрос требует дальнейшего изучения, так как наше микробиологическое исследование имело относительно небольшой размер выборки и требует повторения на более крупной группе.

#### ВЫВОДЫ / CONCLUSION

Проведённые исследования показали, что представители нормофлоры, а также условно-патогенной и патогенной микрофлоры присутствуют во влагалищных выделениях животных всех периодов стельности. При этом к концу третьего триместра беременности происходит снижение общей бактериальной обсеменённости половых путей представителями факультативной и транзитной микрофлоры, но увеличение содержания облигатной нормофлоры за счёт лактобацилл и бифидобактерий.

#### MICROBIAL LANDSCAPE OF THE GENITAL TRACT OF HEALTHY COWS WITH DIFFERENT PREGNANCY PERIODS

**Parshin P.A.**<sup>1</sup> \* – Doctor of Veterinary Sciences, Professor, Director (0000-0002-8790-0540); **Vostroilova G.A.**<sup>1</sup> – Doctor of Biological Sciences, Chief Scientific Officer. sotr. Department of Experimental Pharmacology and Functioning of Living Systems, (ORCID 0000-0002-2960-038X); **Brigadirov Yu.N.**<sup>1</sup> – Doctor of Veterinary Sciences, Chief Scientific Officer. sotr. Department of Experimental Pharmacology and Functioning of Living Systems (ORCID 0000-0003-3804-1732); **Shaposhnikov I.T.**<sup>1</sup> – Doctor of Biological Sciences, ch. sci. sotr. Department of Experimental Pharmacology and Functioning of Living Systems (ORCID 0000-0003-0190-9083); **Zhukov M.S.**<sup>1</sup> – st. cand. veterinarian. sciences, art. sci. sotr. Department of Experimental Pharmacology and Functioning of Living Systems (ORCID 0000-0002-9317-7344); **Manzhurina O.A.**<sup>1</sup> – st cand. veterinarian. sciences, head. Laboratory of Microbiology and Molecular Genetic Analysis, (ORCID 0000-0003-0147-8965); **Perepelkina I.S.**<sup>1</sup> – ml. scientific.

sotr. Laboratories of Microbiology and Molecular Genetic Analysis (ORCID 0000-0002-6462-8724); **Yakimchuk O.V.**<sup>2</sup> – veterinarian.

<sup>1</sup> All-Russian Scientific Research Veterinary Institute of Pathology, Pharmacology and Therapy

<sup>2</sup> CJSC "Yudanovskie prostory"

\*doktor.57@mail.ru

#### ABSTRACT

The doctrine of the normal microflora of the human and animal body is currently in the focus of attention of clinical microbiologists and a wide range of clinical specialists. It is known that the microflora of the vagina depends on many factors of the internal and external environment, therefore, it is now considered to be an ecosystem with a unique set of mechanisms that ensure its resistance to foreign microorganisms and support reproductive health. The aim of the study was to study changes in vaginal microbiocenosis in cows during different periods of pregnancy. The object of the study was clinically healthy cows (n=10) of a red-mottled breed (holshitinized), and the subject of the study was cervical-vaginal mucus. On the 150-160, 210-220 and 260-265 days of pregnancy, mucus samples were taken from cows using sterile probe tampons for bacteriological studies. It was found that representatives of the normoflora, as well as conditionally pathogenic and pathogenic microflora were present in the vaginal secretions of animals of all periods of pregnancy. However, the total bacterial contamination of the genital tract in cows in the first half and second half of the third trimester of pregnancy was characterized by its decrease by 29.2 and 33.3%, respectively, relative to the data obtained in the second trimester. It should also be noted that by the second half of the third trimester of pregnancy, there is an increase in obligate normoflora due to lacto- and bifidobacteria by 27.1% and 4 times, respectively, with the predominance of the genus *Lactobacillus* in quantitative terms. Against this background, the amount of transient microflora decreased by 34.2-57.1% (P0.05).



## СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Лаптев Г.Ю., Новикова Н.И., Ильина Л.А., Ылдырым Е.А., Бумова В.А., Корочкина Е.А. Исследование вагинальной слизи высокопродуктивных коров в послеродовой период посредством ПЦР в реальном времени. Российский ветеринарный журнал. 2014; 3: 10-12.
2. Мелкумян А.Р., Припутневич Т.В., Анкирская А.С., Трофимов Д.Ю., Муравьева В.В., Муллабаева С.М., Завьялова М.Г. Видовой состав лактобактерий при разном состоянии микрофлоры у беременных. Клиническая микробиология и антимикробная химиотерапия. 2013; 15 (1): 72-79.
3. Сашнина Л.Ю., Шахов А.Г., Владимирова Ю.Ю., Никоненко Г.В. Роль цитокинов в обеспечении физиологического течения беременности. Ветеринарный фармакологический вестник. 2022; №3 (20): 144-152. doi: 10.17238/issn2541-8203.2022.3.144
4. Сейтханова Б.Т., Шапмбаев Н.З., Олжаева Р.Р., Калменова П.Е. Микробиотоз влагалища и кишечника беременных женщин. Наука и здравоохранение. 2014; 1: 70-71.
5. Скориков В.Н., Нежданов А.Г., Михалев В.И. Акушерская и гинекологическая патология у коров первотелок семментальской породы при разном возрасте ввода их в производство. Ветеринария. 2017; 1: 38-41.
6. Bergey D.H., Krieg N.R., Holt J.G. Bergey's manual of systematic bacteriology. Baltimore, MD : Williams & Wilkins, 1989; 2648 pp.
7. Boris S., Barbés C. Role played by lactobacilli in controlling the population of vaginal pathogens. Microb Infect. 2000; 2: 543-546. doi: 10.1016/S1286-4579(00)00313-0.
8. Deng F., McClure M., Rorie R., Wang X., Chai J., Wei X., Lai S., Zhao J. The vaginal and fecal microbiomes are related to pregnancy status in beef heifers. J Anim Sci Biotechnol. 2019;10: 92. doi: 10.1186/s40104-019-0401-2.
9. Kalinka J., Krajewski P., Sobala W., Wasiela M., Brzezińska-Błaszczak E. The association between maternal cervicovaginal

- proinflammatory cytokines concentrations during pregnancy and subsequent early-onset neonatal infection. J Perinat Med. 2006; 34 (5): 371-377. DOI: 10.1515/JPM.2006.075.
10. Laguardia-Nascimento M., Branco K.M., Gasparini M.R., Giannattasio-Ferraz S., Leite L.R., Araujo F.M., Salim A.C., Nicoli J.R., de Oliveira GC, Barbosa-Stancioli E.F. Vaginal Microbiome Characterization of Nelore Cattle Using Metagenomic Analysis. PLoS One. 2015;10 (11): e0143294. doi: 10.1371/journal.pone.0143294.
  11. Quinn P.J., Markey B.K., Leonard F.C., FitzPatrick E.S., Fanning S [et al.] Veterinary Microbiology and Microbial Disease. Wiley-Blackwell, 2011; 912 pp.
  12. Verstraelen H., Verhelst R., Claeys G., De Backer E., Temmerman M., Vaneechoutte M. Longitudinal analysis of the vaginal microflora in pregnancy suggests that *L. crispatus* promotes the stability of the normal vaginal microflora and that *L. gasseri* and/or *L. iners* are more conducive to the occurrence of abnormal vaginal microflora. BMC Microbiol. 2009; 9:116. doi: 10.1186/1471-2180-9-116.
  13. Zhukov M.S., Alekhin Yu.N. Detection of the upper respiratory tract bacteria in newborn calves. Reproduction in domestic animals. 2022; 57 (S1): 97. DOI: 10.1111/rda.14052.

## REFERENCES

1. Laptev G.Yu., Novikova N.I., Ilyina L.A., Yyldyrym E.A., Dumova V.A., Korochkina E.A. Issledovanie vaginal'noj slizi vysokoproduktivnykh korov v posleotyol'nyj period posredstvom PTSR v real'nom vremeni [Research of vaginal bacterial slime matrix of high-yielding cows in postpartum period by real-time pcr-method]. Russian Veterinary Journal. 2014; 3: 10-12.
2. Melkumyan A.R., Priputnevitch T.V., Ankirskaya A.S., Trofimov D.Yu., Muravyova V.V., Mullabaeva S.M., Zavyalova M.G. Vidovoj sostav laktobakterij pri razlichnom sostoyanii mikrobioty u beremennykh [Lactobacilli species diversity in different states of vaginal microbiota in pregnant women]. Clinical microbiology and antimicrobial chemical therapy. 2013; 15(1): 72-79.

3. Sashnina L.Yu., Shakhov A.G., Vladimirova Yu.Yu., Nikonenko G.V. Role cytokines in a physiological course of pregnancy [Rol' tsitokinov v obespechenii fiziologicheskogo techeniya beremennosti]. Veterinarnyj farmakologicheskij vestnik. 2022; №3 (20): 144-152. doi: 10.17238/issn2541-8203.2022.3.144.
4. Seythanova B.T., Shapambaev N.C., Olzhayeva R.R., Kalmenova P.E. Mikrobiotsenoz vaginalishha i kishechnika beremennykh zhenshhin [Microbiocenosis vagina and intestine of pregnant women]. Science and healthcare. 2014; 1: 70-71.
5. Skorikov V.N., Nezdánov A.G., Mikhalev V.I. Akusherskaya i ginekologicheskaya patologiya u korov pervotyolok semmental'skoj porody pri raznom vozraste vvoda ikh v proizvodstvo [Obstetric and gynecologic pathology in fresh cows of simmental breed under various ages of beginning reproduction]. Veterinary medicine. 2017; 1: 38-41.
6. Bergey D.H., Krieg N.R., Holt J.G. Bergey's manual of systematic bacteriology. Baltimore, MD : Williams & Wilkins, 1989; 2648 pp.
7. Boris S., Barbés C. Role played by lactobacilli in controlling the population of vaginal pathogens. Microb Infect. 2000; 2: 543-546. doi: 10.1016/S1286-4579(00)00313-0.
8. Deng F., McClure M., Rorie R., Wang X., Chai J., Wei X., Lai S., Zhao J. The vaginal and fecal microbiomes are related to pregnancy status in beef heifers. J Anim Sci Biotechnol. 2019;10: 92. doi: 10.1186/s40104-019-0401-2.
9. Kalinka J., Krajewski P., Sobala W., Wasieła M., Brzezińska-Błaszczyk E. The association between maternal cervicovaginal proinflammatory cytokines concentrations during pregnancy and subsequent early-onset neonatal infection. J Perinat Med. 2006; 34 (5): 371-377. DOI: 10.1515/JPM.2006.075.
10. Laguardia-Nascimento M., Branco K.M., Gasparini M.R., Giannattasio-Ferraz S., Leite L.R., Araujo F.M., Salim A.C., Nicoli J.R., de Oliveira GC, Barbosa-Stancioli E.F. Vaginal Microbiome Characterization of Nellore Cattle Using Metagenomic Analysis. PLoS One. 2015;10 (11): e0143294. doi: 10.1371/journal.pone.0143294.
11. Quinn P.J., Markey B.K., Leonard F.C., FitzPatrick E.S., Fanning S [et al.] Veterinary Microbiology and Microbial Disease. Wiley-Blackwell, 2011; 912 pp.
12. Verstraelen H., Verhelst R., Claeys G., De Backer E., Temmerman M., Vaneechoutte M. Longitudinal analysis of the vaginal microflora in pregnancy suggests that *L. crispatus* promotes the stability of the normal vaginal microflora and that *L. gasseri* and/or *L. iners* are more conducive to the occurrence of abnormal vaginal microflora. BMC Microbiol. 2009; 9:116. doi: 10.1186/1471-2180-9-116.
13. Zhukov M.S., Alekhin Yu.N. Detection of the upper respiratory tract bacteria in newborn calves. Reproduction in domestic animals. 2022; 57 (S1): 97. DOI: 10.1111/rda.14052