



ИНФЕКЦИОННЫЕ БОЛЕЗНИ

УДК: 636.034: 579.676

DOI: 10.52419/issn2072-2419.2025.2.12

ХАРАКТЕРИСТИКА МИКРОБИОМА КИШЕЧНИКА У ТЕЛЯТ ПРИ ДИАРЕЕ

Николаев С.В. * – канд. ветеринар. наук., вед. науч. сотр. (ORCID 0000-0001-5485-4616); **Филатов А.В.** – д-р ветеринар. наук, вед. науч. сотр. (ORCID 0000-0003-4557-844x); **Бессолицына Е.А.** – канд. биол. наук, вед. науч. сотр. (ORCID 0000-0002-5582-1709).

Институт агробиотехнологий им. А.В. Журавского Коми научного центра
УрО РАН

*semen.nikolaev.90@mail.ru

Ключевые слова: телята, диарейный синдром, микрофлора кишечника, симбионтные бактерии, патогенные микроорганизмы.

Keywords: calves, diarrheal syndrome, intestinal microflora, symbiont bacteria, pathogenic microorganisms.

Поступила: 14.03.2025

Принята к публикации: 06.06.2025

Опубликована онлайн: 20.06.2025



РЕФЕРАТ

Целью исследований явилось оценка микробиоценоза кишечника телят при расстройстве пищеварения. Для экспериментальной работы было сформировано 2 группы молодняка айрширской породы в возрасте от 5 до 10 дней. В первую группу вошли 6 здоровых телят, во вторую – 6 больных диареей. От животных из прямой кишки отбирали пробы фекалии и исследовали молекулярно-генетическим методом. Изменения микробиома при диарее сопровождались увеличением общей микробной массы в кишечном содержимом (на $1 \times 10^{8,2}$), что указывало на активизацию размножения бактерий и неспособность организма подавлять их рост. В структуре фекальной микробиоты здоровых телят, 78,3% от общего количества микробной ДНК приходилось на нормофлору, а у больных, данный показатель составил 49,1%. В микробиоте телят с диареей наблюдалось увеличение потенциально-патогенных видов до 50,9 абс.%. Из патогенных и условно-патогенных микроорганизмов росла концентрация бактерии семейства *Enterobacteriaceae* на 7,36 абс. %, *Sneathia spp.*, *Leptotrichia spp.*, *Fusobacterium spp.* на 21,47 абс. %, *Staphylococcus spp.* на 0,01 абс.%. Так же отмечался рост представителей нормофлоры: *Lachnobacterium spp.*, *Clostridium spp.* и *Lactobacillus spp.* Увеличение концентрации молочнокислых микроорганизмов в фекальной микробиоте у больных телят, по видимости было связано с нарушением усвоения лактозы. Возможным пусковым механизмом заболевания у исследуемых животных явилась дисфункция органов пищеварения, а изменения микробиоты произошло на фоне формирования благоприятной среды для определенных групп микроорганизмов. Таким образом, полученные данные позволят разработать методы коррекции микробиома и снизить риск развития патологий ЖКТ у крупного рогатого скота.

ВВЕДЕНИЕ / INTRODUCTION

В современном молочном скотоводстве наблюдается тенденция снижения естественной резистентности у животных. В первую очередь это обусловлено различными метаболическими нарушениями. Вследствие дисфункции обменных процессов в организме матери их негативное воздействие проявляется уже на начальном этапе эмбрионального развития [1, 2, 3]. В результате может наблюдаться внутриутробная гибель или рождение ослабленного потомства [4, 5].

Ранний постнатальный период представляет собой критический этап в онтогенезе. Сразу после появления на свет организм активно приспосабливается к окружающей среде, происходит заселение слизистых оболочек и кожных покровов, включая органы пищеварения, разнообразными микроорганизмами [6, 7]. В первые дни постнатального развития микроорганизмы, попадающие в организм через ротовую полость, формируют сложную экосистему желудочно-кишечного тракта (ЖКТ) и оказывают значительное влияние на жизнеспособность и будущее здоровье потомства [8].

Микробиота ЖКТ представляет собой сложный биоценоз, включающий в себя разнообразные микроорганизмы, такие как бактерии, грибы, простейшие и т.д., которые сосуществуют в симбиозе, обеспечивая гармоничное функционирование пищеварительной системы. Нарушение баланса микроэкологии, известное как дисбактериоз, может быть связано с различными заболеваниями органов пищеварения, а восстановление нормальной микробиоты играет первостепенную роль в выздоровлении. Исследования в этой области показывают тесную связь состава фекального микроценоза с состоянием здоровья, однако остается неясным, как именно микробный пейзаж изменяется при различных патологиях ЖКТ [9, 10]. Поэтому, изучение роли микробиоты у телят, страдающих диареей, представляет собой значимый этап в понимании этиопатогенеза данного заболевания. Полученные данные помогут спрогнозировать

исход патологии и разработать стратегию управления микробным сообществом.

Цель исследований – изучить особенности микробиоценоза кишечника телят при расстройстве пищеварения, которое сопровождается диареей.

Результаты проведенного исследования представляют собой часть работы, по изучению воздействия микробиома родовых путей матери, а также характеристик молозива на формирование микробиоценоза ЖКТ потомства.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ / MATERIALS AND METHODS

Исследования проведены в 2024 году на молочно-товарной ферме ООО «Небдинский» Корткеросского района Республики Коми. Хозяйство специализируется на разведении айрширского скота со средней продуктивностью 8 тыс. кг молока в год. Для экспериментальной работы было сформировано 2 группы телят в возрасте от 5 до 10 дней. Молодняк находился в одинаковых условиях содержания и кормления. В первую группу вошли телята (n=6), не имеющие каких-либо клинических отклонений, во вторую (n=6) – с признаками диареи. От всех животных из прямой кишки при помощи стерильной одноразовой ложки Фолькмана проводили отбор фекалий. Пробы помещали в пробирку типа «Эппендорф» с транспортной средой «Стор-М» (ООО «ДНК-Технология» г. Москва).

Микробиом ЖКТ изучали молекулярно-генетическим методом, для чего пробы фекалий гомогенизировали путем встряхивания, центрифугировали при 15 тыс. об. в течение 10 минут, надосадочную жидкость удаляли и отбирали 0,1 г осадка. Выделение ДНК проводили с использованием набора «Проба-НК-Плюс» (ООО «ДНК-Технология», г. Москва) согласно инструкции производителя. Исследование микробиома осуществляли путем постановки ПЦР в реальном времени с применением тест-системы Фемофлор® 16 (ООО «ДНК-Технология», г. Москва). Реакцию проводили на детектирующем амплификаторе «ДТлайт 4S1» в режиме, рекомендованном производителем для данного набора.

Специфичность генотипирования проверяли контрольными образцами, входящими в состав диагностического комплекса.

Статистический анализ проведен путем вычисления средней арифметической и стандартной ошибки, достоверность различий сравниваемых величин установлена при применении t-критерия Стьюдента с использованием пакета программ Microsoft Office Excel.

РЕЗУЛЬТАТЫ / RESULTS

Количественная характеристика микробиоценоза ЖКТ здоровых и с клиническими признаками диареи телят представлена в таблице 1.

Согласно молекулярно-генетическому анализу, изменения микробиома при расстройстве пищеварения, сопровождалось увеличением общей микробной массы в кишечном содержимом (на $1 \times 10^{8,2}$), что указывает на активизацию скорости размножения бактерий и не способностью организма животного подавлять их чрезмерный рост.

На фоне диареи у телят происходили выраженные изменения количественного состава кишечной микрофлоры. Так у больных животных, в фекальной микробиоте регистрировали большее количество ДНК-последовательностей, принадлежащих бактериям *Lactobacillus spp.* (на $10^{6,70}$), *Streptococcus spp.* (на $10^{4,22}$), *Staphylococcus spp.* (на $10^{3,78}$; $P \leq 0,001$), *Eubacterium spp.* (на $10^{5,73}$), *Sneathia spp.*, *Leptotrichia spp.*, *Fusobacterium spp.* (на $10^{8,03}$), *Mobiluncus spp.*, *Corynebacterium spp.* (на $10^{5,29}$), *Atopobium vaginae* (на $10^{1,01}$) и сем. *Enterobacteriaceae* (на $10^{6,79}$). У здоровых телят микробиоценоз содержимого конечного отдела толстой кишки характеризовался большим количеством бактерий рода *Gardnerella vaginalis*, *Prevotella bivia*, *Porphyromonas spp.* (на $10^{7,44}$), *Lachnobacterium spp.*, *Clostridium spp.* (на $10^{7,95}$), *Peptostreptococcus spp.* (на $10^{5,65}$) и дрожжеподобных грибов *Candida spp.* (на $10^{3,49}$). Вероятно, уменьшение концентрации данных микроорганизмов у больных телят связано с ускорением роста других бактерий, которые способ-

ны конкурировать с ними за субстрат и подавлять их размножение. В частности, увеличение количества лактобактерий препятствует размножению дрожжеподобных грибов.

В результате анализа относительной структуры фекальной микробиоты установлено (таблица 2), что у здоровых телят представители нормофлоры ЖКТ составляют 78,29% от общего количества микробной ДНК, а у животных, с признаками диареи, этот показатель снижается до 49,14%. У больного молодняка перераспределение бактериальной массы направлено в сторону увеличения условно-патогенных и патогенных видов. Так, патогенные и условно-патогенные представители ЖКТ при физиологическом состоянии организма составили 21,71 абс.%, а при патологии переваривания корма 50,86 абс.%. В частности, из потенциально-патогенных микроорганизмов в фекальной микрофлоре у больных телят отмечалось увеличение бактерий семейства *Enterobacteriaceae* на 7,36 абс.%, родов *Sneathia spp.*, *Leptotrichia spp.*, *Fusobacterium spp.* на 21,47 абс.% ($P \leq 0,05$) и *Staphylococcus spp.* на 0,01 абс.% ($P \leq 0,05$). Имеющиеся литературные данные свидетельствуют, что кишечный тракт новорождённых телят быстро колонизируют различные микроорганизмы, такие как энтеробактерии, клостридии, фузобактерии и энтерококки. При дисфункции ЖКТ данные бактерии способны вызывать раздражение кишечника и приводить к развитию диареи [11, 12].

У животных с клиническими признаками болезни среди нормофлоры так же отмечалось увеличение бактерий рода *Lachnobacterium spp.*, *Clostridium spp.* (на 12,16 абс.%; $P \leq 0,05$) и *Lactobacillus spp.* (на 4,91 абс.%). Как известно, в практике для профилактики и терапии диареи у животных используются пробиотических культуры *Lactobacillus*, которые синтезируют вещества, ингибирующие рост других микробных клеток, такие как органические кислоты, перекись водорода, диацетил, этанол и т.д.

Таблица 1 – Количественная характеристика микрофлоры кишечника телят (ДНК-геномов $1 \times 10^x/\text{г}$)

Показатель	Группа телят		Разница ([^])
	здоровые (n=6)	больные (n=6)	
Общая бактериальная масса	8,13±7,70	8,47±8,29	8,20
<i>Gardnerella vaginalis</i> , <i>Prevotella bivia</i> , <i>Porphyromonas spp.</i>	8,05±7,60	7,93±7,81	7,44
<i>Eubacterium spp.</i>	5,59±5,39	5,97±5,63	5,73
<i>Lactobacillus spp.</i>	6,20±5,82	6,82±6,57	6,70
<i>Megasphaera spp.</i> , <i>Veillonella spp.</i> , <i>Dialister spp.</i>	6,99±6,88	6,67±6,32	6,71
<i>Lachnobacterium spp.</i> , <i>Clostridium spp.</i>	7,41±6,99	8,06±7,89	7,95
<i>Peptostreptococcus spp.</i>	5,94±5,66	5,63±5,19	5,65
сем. <i>Enterobacteriaceae</i>	7,24±6,90	7,37±7,01	6,79
<i>Mobiluncus spp.</i> , <i>Corynebacterium spp.</i>	4,64±4,05	5,38±5,04	5,29
<i>Atopobium vaginae</i>	0,85±0,79	1,24±1,10	1,01
<i>Sneathia spp.</i> , <i>Leptotrichia spp.</i> , <i>Fusobacterium spp.</i>	6,60±6,27	8,05±7,90	8,03
<i>Streptococcus spp.</i>	4,78±4,68	4,88±4,46	4,22
<i>Staphylococcus spp.</i>	2,85±2,46	3,82±3,11	3,78***
<i>Candida spp.</i>	3,81±3,53	3,54±3,05	3,49

Примечание: различия достоверны *** $P \leq 0,001$

[13, 14]. Метаболическая активность лактобактерий предотвращает рост и размножение условно-патогенных и патогенных видов, и играет важную роль в развитии и стабильности кишечной микробиоты [15].

Однако полученные нами данные, свидетельствуют, что при диарее у телят происходит рост числа лактобацилл. Схожую динамику наблюдали Slanzon G.S. et al. [16]. Согласно указанному исследованию, лактобациллы чаще встречается в фекальной микробиоте телят с заболеваниями органов пищеварения. По всей видимости, активизация размножения лактобактерий при диарее обусловлена нарушением усвоения лак-

тозы в ЖКТ, которая является основным питательным субстратом для молочнокислых организмов. Стоит отметить, что у телят в период до двухнедельного возраста, диарея, как правило, возникает вследствие диспепсии, т.е. по причине нарушения секреторной функции ЖКТ. Исходя из этого, можно предположить, что именно дисфункция органов пищеварения является пусковым механизмом заболевания у телят в данный период выращивания, а активизация и изменение состава микробиоты происходит на фоне формирования благоприятной среды для отдельных групп микроорганизмов.

Таблица 2 – Структура микрофлоры кишечника телят, абс.%

Микроорганизмы	Здоровые (n=6)	Больные (n=6)	Разница
Нормальная микрофлора			
<i>Gardnerella vaginalis</i> , <i>Prevotella bivia</i> , <i>Porphyromonas spp.</i>	59,17±8,75	13,61±6,13	-45,55***
<i>Eubacterium spp.</i>	0,18±0,12	1,47±1,04	1,29
<i>Lachnobacterium spp.</i> , <i>Clostridium spp.</i>	13,69±3,48	25,86±3,47	12,16*
<i>Lactobacillus spp.</i>	1,07±0,36	5,98±4,46	4,91
<i>Megasphaera spp.</i> , <i>Veillonella spp.</i> , <i>Dialister spp.</i>	4,18±1,19	2,22±0,54	-1,96
Патогенные и условно-патогенные микроорганизмы			
<i>Peptostreptococcus spp.</i>	0,37±0,19	0,47±0,33	0,10
сем. <i>Enterobacteriaceae</i>	17,07±7,15	24,43±12,45	7,36
<i>Mobiluncus spp.</i> , <i>Corynebacterium spp.</i>	0,03±0,0001	0,20±0,14	0,17
<i>Atopobium vaginae</i>	0,01±0,0001	0,01±0,0001	0,00
<i>Sneathia spp.</i> , <i>Leptotrichia spp.</i> , <i>Fusobacterium spp.</i>	4,19±2,74	25,66±9,79	21,47*
<i>Streptococcus spp.</i>	0,03±0,02	0,08±0,05	0,04
<i>Staphylococcus spp.</i>	0,005±0,0001	0,010±0,0001	0,005*
<i>Candida spp.</i>	0,010±0,0001	0,004±0,0001	0,006

Примечание: различия достоверны * $P \leq 0,05$; *** $P \leq 0,001$

ВЫВОДЫ / CONCLUSION

В содержимом конечного отдела кишечника здоровых и имеющих признаки диареи телят наблюдаются количественные различия в составе отдельных групп микроорганизмов. На фоне расстройства пищеварения происходит увеличение концентрации как представителей нормофлоры, так и вредных для ЖКТ микроорганизмов, однако сдвиг направлен преимущественно в сторону потенциально-патогенных видов. Наблюдаемый рост симбионтной микрофлоры, в виде лактобацилл, способных подавлять представителей нежелательной микробиоты, по видимости обусловлен нарушением усвоения углеводов, и свидетельствует о секреторной дисфункции органов пищеварения. Результаты исследования имеют

важное значение для формирования стратегии прогнозирования функциональности микробных сообществ, как в норме, так и при различных заболеваниях. Полученные данные позволят разработать эффективные методы коррекции микробиома и снизить риск развития патологий желудочно-кишечного тракта у крупного рогатого скота.

CHANGES IN THE INTESTINAL MICROBIOME IN CALVES WITH DIARRHEA

Nikolayev S.V. * – PhD, Senior Researcher (ORCID 0000-0001-5485-4616); **Filatov A.V.** – PhD, Senior Researcher (ORCID 0000-0003-4557-844x); **Bes-solitsyna E.A.** – PhD, Senior Researcher (ORCID 0000-0002-5582-1709)

A.V. Zhuravsky Institute of Agrobiotechnology of the Komi Scientific Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences

* semen.nikolaev.90@mail.ru

ABSTRACT

The aim of the research was to evaluate the microbiocenosis of the intestines of calves with digestive disorders. For experimental work, 2 groups of young Ayrshire cattle aged from 5 to 10 days were formed. The first group included 6 healthy calves, and the second group included 6 patients with diarrhea. Faeces were obtained from animals from the rectum and examined using the molecular genetic method. Changes in the microbiome during diarrhea were accompanied by an increase in the total microbial mass in the intestinal contents (by $1 \times 10^{8.2}$), which indicated the activation of bacterial reproduction and the inability of the body to suppress their growth. In the structure of the fecal microbiota of healthy calves, 78.3% of the total amount of microbial DNA was accounted for by the normoflora, and in patients this indicator was 49.1%. In the microbiota of calves with diarrhea, an increase in opportunistic and pathogenic species was observed to 50.9 abs.%. Of the undesirable microorganisms, the concentration of *Enterobacteriaceae* bacteria increased by 7.36 abs.%, *Sneathia* spp., *Leptotrichia* spp., *Fusobacterium* spp. by 21.47 abs.%, *Staphylococcus* spp. by 0.01 abs.%. There was also an increase in representatives of the normoflora: *Lachnobacterium* spp., *Clostridium* spp. and *Lactobacillus* spp. An increase in the concentration of lactic acid microorganisms in the fecal microbiota of sick calves is probably associated with impaired lactose absorption. A possible trigger of the disease in the calves under study is the dysfunction of the digestive system, and changes in the microbiota occur against the background of the formation of a favorable environment for certain groups of microorganisms. The data obtained will make it possible to develop effective methods for correcting the microbiome and reduce the risk of gas-

trointestinal pathologies in cattle.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Клинико-биохимическая оценка эффективности применения липосомальных антиоксидантных препаратов при гестозе беременных коров / С. Н. Тресницкий, В. С. Авдеенко, О. К. Кочарян, К. С. Бордюгов // Вестник Мичуринского государственного аграрного университета. – 2017. – № 2. – С. 43-52.
2. Тресницкий С. Н. Состояние функционирования системы "мать-плацента-плод" при гестозе беременных коров на фоне субклинического кетоза / С. Н. Тресницкий, В. С. Авдеенко // Вопросы нормативно-правового регулирования в ветеринарии. – 2017. – № 2. – С. 105-108.
3. Морфо - биохимический статус крови коров с физиологическим и осложненным течением гестации / В. И. Михалев, В. Н. Скориков, Г. Г. Чусова [и др.] // Ветеринарный фармакологический вестник. – 2024. – № 1(26). – С. 76-87. – DOI 10.17238/issn2541-8203.2024.1.76.
4. Михалев, В. И. Состояние новорожденного молодняка и коров-матерей в зависимости от характера беременности / В. И. Михалев, В. Н. Скориков // Ученые записки учреждения образования Витебская ордена Знак почета государственная академия ветеринарной медицины. – 2024. – Т. 60, № 2. – С. 42-46. – DOI 10.52368/2078-0109-2024-60-2-42-46.
5. Метаболический статус коров при задержке внутриутробного развития эмбриона и плода / А. Г. Нежданов, В. И. Михалев, Г. Г. Чусова [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2016. – Т. 51, № 2. – С. 230-237. – DOI 10.15389/agrobiology.2016.2.230rus.
6. 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.
7. Zhukov M.S., Alekhin Yu.N. Detection of the upper respiratory tract bacteria in new born calves. *Reproduction in domestic animals.* 2022; 57 (S1): 97. DOI: 10.1111/

rda.14052

8. Филатов А. В. Эффективность раннего применения пробиотического препарата при выращивании телят / А. В. Филатов, С. В. Николаев, А. С. Сюткина // Международный вестник ветеринарии. – 2024. – № 3. – С. 155-161. – DOI 10.52419/issn2072-2419.2024.3.155.

9. Kim, E.-T.; Lee, S.-J.; Kim, T.-Y.; Lee, H.-G.; Atikur, R.M.; Gu, B.-H.; Kim, D.-H.; Park, B.-Y.; Son, J.-K.; Kim, M.-H. Dynamic Changes in Fecal Microbial Communities of Neonatal Dairy Calves by Aging and Diarrhea. *Animals* 2021, 11, 1113.

10. Gomez, D.; Arroyo, L.; Costa, M.; Viel, L.; Weese, J. Characterization of the Fecal Bacterial Microbiota of Healthy and Diarrheic Dairy Calves. *J. Vet. Intern. Med.* 2017, 31, 928–939. <https://doi.org/10.1111/jvim.14695>.

11. Cho YI, Yoon KJ. An overview of calf diarrhea - infectious etiology, diagnosis, and intervention. *J Vet Sci.* 2014;15(1):1–17. <https://doi.org/10.4142/jvs.2014.15.1.1>.

12. Chen, H., Liu, Y., Huang, K. et al. Fecal microbiota dynamics and its relationship to diarrhea and health in dairy calves. *J Animal Sci Biotechnol.* 2022; 13:132. <https://doi.org/10.1186/s40104-022-00758-4>.

13. Fernández S, Fraga M, Castells M, Colina R, Zunino P. Effect of the administration of *Lactobacillus* spp. strains on neonatal diarrhoea, immune parameters and pathogen abundance in pre-weaned calves. *Benef Microbes.* 2020;11(5):477–88. DOI: 10.3920/BM2019.0167

14. Millette, M., Luquet, F. M., and Lacroix, M. In vitro growth control of selected pathogens by *Lactobacillus acidophilus*- and *Lactobacillus casei*-fermented milk. *Lett. Appl. Microbiol.* 2007; 44: 314–319. DOI: 10.1111/j.1472-765X.2006.02060.x

15. Mokoena MP. Lactic Acid Bacteria and Their Bacteriocins: Classification, Biosynthesis and Applications against Uropathogens: A Mini-Review. *Molecules.* 2017; 22(8):1255. <https://doi.org/10.3390/molecules22081255>

16. Slanzon G.S., Ridenhour B.J., Moore D.A., Sisco W.M., Parrish L.M., Trombetta S.C., et al. (2022) Fecal microbiome profiles

of neonatal dairy calves with varying severities of gastrointestinal disease. *PLoS ONE.* 2022;17(1): 0262317. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0262317>.

REFERENCES

1. Clinical and biochemical assessment of the effectiveness of liposomal antioxidant drugs in gestosis of pregnant cows / S. N. Tresnitsky, V. S. Avdeenko, O. K. Kocharyan, K. S. Bordyugov // *Bulletin of Michurinsk State Agrarian University.* – 2017. – No. 2. – pp. 43-52.

2. Tresnitsky S. N. The state of functioning of the "mother-placenta-fetus" system in pregnant cows with gestosis against the background of subclinical ketosis / S. N. Tresnitsky, V. S. Avdeenko // *Issues of regulatory regulation in veterinary medicine.* – 2017. – No. 2. – pp. 105-108.

3. Morpho-biochemical status of blood of cows with physiological and complicated course of gestation / V. I. Mikhalev, V. N. Skorikov, G. G. Chusova [et al.] // *Veterinary pharmacological bulletin.* – 2024. – № 1(26). – Pp. 76-87. – DOI 10.17238/issn2541-8203.2024.1.76.

4. Mikhalev, V. I. The condition of newborn adolescents and maternal cows in the environmental protection system / V. I. Mikhalev, V. N. Skorikov // *Scientific research dedication of the World Health Organization.* – 2024. – Vol. 60, No. 2. – Pp. 42-46. – DOI 10.52368/2078-0109-2024-60-2-42-46.

5. The metabolic status of cows with delayed intrauterine development of the embryo and fetus / A. G. Nezhdanov, V. I. Mikhalev, G. G. Chusova [et al.] // *Agricultural biology.* - 2016. – Vol. 51, No. 2. – pp. 230-237. – DOI 10.15389/agrobiol.2016.2.230rus.

– PUBLISHING HOUSE of HIGHER educational institutions.

6. Dan F., McClure M., Rory R., Wang H., Chai J., Wei H., Lai S., Zhao J. The microbiomes of the vagina and feces are associated with the pregnancy status of meat heifers. *J Anim Sci Biotechnol.* 2019;10: 92. doi: 10.1186/s40104-019-0401-2.

7. Zhukov M.S., Alyokhin Yu.N. Detection of upper respiratory tract bacteria in newborn calves. *Reproduction in domestic ani-*

- mals. 2022; 57 (S1): 97. DOI: 10.1111/rda.14052
8. Filatov A.V. The effectiveness of early use of a probiotic drug in the rearing of calves / A.V. Filatov, S. V. Nikolaev, A. S. Syutkina // International Bulletin of Veterinary Medicine. – 2024. – No. 3. – pp. 155-161. – DOI 10.52419/issn2072-2419.2024.3.155.
9. Kim, E.-T.; Lee, S.-J.; Kim, T.-Y.; Lee, H.-G.; Atikur, R.M.; Gu, B.-H.; Kim, D.-H.; Park, B.-Y.; Song, J.-K.; Kim, M.-H. Dynamic changes in the fecal microbial communities of newborn dairy calves as a result of aging and diarrhea. *Animals* 2021, 11, 1113.
10. Gomez, D.; Arroyo, L.; Costa, M.; Viel, L.; Wise, J. Characteristics of the bacterial microflora of feces of healthy dairy calves and calves with diarrhea // *Veterinary medicine. The intern. Medicine*, 2017, 31, 928-939. <https://doi.org/10.1111/jvim.14695>.
11. Cho YI, Yun K.J. Review of calf diarrhea - infectious etiology, diagnosis and treatment. *J Veterinary Sciences*. 2014;15 (1):1-17. <https://doi.org/10.4142/jvs.2014.15.1.1>
12. Chen, H., Liu, Y., Huang, K. et al. The dynamics of the fecal microbiota and its relation to diarrhea and the health of dairy calves. *J Animal Sci Biotechnol*. 2022; 13:132. <https://doi.org/10.1186/s40104-022-00758-4>.
13. Fernandez S., Fraga M., Castells M., Colina R., Zunino P. The effect of the introduction of *Lactobacillus* spp strains. newborn diarrhea, immune parameters, and the number of pathogens in calves that have not yet been weaned. *Useful microbes*. 2020;11 (5):477-88. DOI: 10.3920/BM2019.0167
14. Millett M., Lucke F. M. and Lacroix M. In vitro growth control of selected pathogenic microorganisms using *Lactobacillus acidophilus* and *Lactobacillus casei* fermented milk products. *Letters'. Adj. Microbiol*. 2007; 44: 314-319. DOI: 10.1111/j.1472-765X.2006.02060.x
15. Mokoena M.P. Lactic acid bacteria and their bacteriocins: classification, biosynthesis and application against uropathogens: A mini-review. *The molecules*. 2017; 22 (8):1255. <https://doi.org/10.3390/molecules22081255>
16. Slanzon G.S., Raidenhour B.J., Moore D.A., Sisho U.M., Parrish L.M., Trombetta S.S. et al. (2022) Microbiome profiles of newborn dairy calves with varying degrees of severity of gastrointestinal diseases. *PLUS ONE*. 2022;17(1): 0262317. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0262317>.