

УДК: 636.5.087

DOI:10.52419/issn2072-2419.2025.4.298

ИЗУЧЕНИЕ ТАКСОНОМИЧЕСКОГО И ФУНКЦИОНАЛЬНОГО ПРОФИЛЯ МИКРОБИОМА КИШЕЧНИКА БЕЛОЙ КУРОПАТКИ

Филатов А.В.^{1, 2} * – д-р ветеринар. наук, проф., вед. науч. сотр. (ORCID 0000-0003-4557-844X); Николаев С.В.¹ – кан. ветеринар. наук, вед. науч. сотр. (ORCID 0000-0001-5485-4616); Лаптев Г.Ю.^{3, 4} – д-р биол. наук (ORCID 0000-0002-8795-6659); Ильина Л.А.^{3, 4} – д-р биол. наук (0000-0003-2789-4844)

¹ Институт агробиотехнологий им. А.В. Журавского Коми научного центра
УрО РАН

² ФГБОУ ВО «Вятский государственный агротехнологический университет»

³ ФГБОУ ВО «Санкт-Петербургский государственный аграрный университет»

⁴ ООО «БИОТРОФ»

*fav6819@yandex.ru

Ключевые слова: белая куропатка, микробиом кишечника, метаболический потенциал, NGS-секвенирование, PICRUSt2, перспективные пробиотические штаммы.

Key words: willow grouse, gut microbiome, metabolic potential, NGS sequencing, PICRUSt2, promising probiotic strains

Поступила: 25.09.2023

Принята к публикации: 05.12.2025

Опубликована онлайн: 26.12.2025



РЕФЕРАТ

Одной из характерных особенностей физиологии пищеварения белой куропатки (*Lagopus lagopus*), является увеличенный по сравнению с представителями других семейств слепой отдел кишечника. Целью настоящего исследования является анализ таксономического и метаболического состава микробиоты кишечника белой куропатки с использованием современных молекулярно-генетических методов, в частности NGS-секвенирования. Объектом исследования послужило содержимое подвздошной кишки и слепых отростков кишечника белой куропатки, добытой в зимний период на территории Малоземельской тундры Ненецкого автономного округа. Результаты исследований продемонстрировали целый спектр отличий, связанных с таксономическим и функциональным разнообразием микробиоты тонкой и толстой кишки белой куропатки. При этом в слепых отростках птиц отмечалось существенно более высокое количество бактерий с целлюлозолитическими свойствами (семейств *Clostridia vadin-BB60*, *Oscillospiraceae*, *Lachnospiraceae*). Этот факт может представлять интерес в контексте поиска штаммов микроорганизмов для разработки биопрепаратов с пробиотическими и ферментативными свойствами. Также в кишечнике белой куропатки детектированы представители условно-патогенной микробиоты (семейств *Streptococcaceae* и *Helicobacteraceae*), часто вызывающей заболевания на фоне ослабления иммунитета. В слепых отростках по сравнению с подвздошной кишкой наблюдалось более высокое коли-

чество метаболических путей, ассоциированных с энергетическим обменом (FUC-RHAMCAT-PWY ($p \leq 0,005$), FUCAT-PWY ($p \leq 0,001$), GLUCUROCAT-PWY ($p \leq 0,005$)), антиоксидантной активностью (NAD-BIOSYNTHESIS-II ($p \leq 0,005$), PYRIDNUCSAL-PWY, PYRIDNUCSYN-PWY, PYRIDOXSYN-PWY ($p \leq 0,05$)), биосинтезом витаминов и кофакторов. Результаты проведенных исследований указывают на значительный метаболический потенциал микробиома кишечника белой куропатки, особенно его в слепых отростках.

ВВЕДЕНИЕ / INTRODUCTION

Белая куропатка (*Lagopus lagopus*) имеет широкий ареал обитания в северных широтах, включая тундру и тайгу Северного полушария. Данный вид обитает на открытых пространствах и тесно связан с кустарниковой растительностью, которая служит основным источником питания на протяжении всего года. В зимний период куропатки находятся в крайне суровых климатических условиях, осуществляют миграционные перемещения и сталкиваются с дефицитом растительного корма, а также с ухудшением его качественных характеристик. Зимой питание белой куропатки ограничено преимущественно несколькими видами ив и берез и зависит от зональных особенностей ареала обитания [1-3]. Наиболее привлекательным для них является однолетний ивовый подрост диаметром 1,5-2,5 мм, при недоступности которого они переходят на питание веточками более крупных 3-4-летних ивовых и чозениевых кустов. По данным А.В. Андреева [4], питательность зимнего корма зависит не только от его калорийности, но и от способности организма птицы его усваивать. Эффективность использования растительных кормов в зимний период белой куропаткой обеспечивается за счет особенностей пищеварительной системы, присущих тетеревиным, у которых имеется объемистый зоб, хорошо развитый мускульный желудок и слепая кишка. В пищеварительной системе куропаток имеется своеобразный распределительный узел, где сходятся тонкая, слепая (два слепых отростка) и прямая кишка. Все непереваренное содержимое тонкой кишки продвигается в прямую кишку и выводится из нее в виде экскрементов. Жидкое содержимое поступает в слепую кишку для дальнейшего переваривания и всасыва-

ния. При этом слепая кишка занимает больше половины объема брюшной полости.

Тем не менее, особенности пищеварения белой куропатки, обитающей в экстремальных условиях Арктики, изучены фрагментарно, а имеющиеся данные нередко противоречивы, что подчеркивает необходимость детального исследования ее кишечного микробиома. Изучение состава и функциональных особенностей кишечной микробиоты является фундаментальной основой для выделения перспективных изолятов с пробиотическим потенциалом и последующего создания на их основе высокоэффективных кормовых добавок для повышения продуктивности и резистентности сельскохозяйственных животных.

Целью данного исследования являлось изучение таксономического и метаболического состава микробиоты слепых отростков и подвздошной кишки белой куропатки в зимний период с использованием молекулярно-генетического метода NGS-секвенирования.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ / MATERIALS AND METHODS

Объектом исследования являлись образцы содержимого подвздошной и слепой кишки белой куропатки ($n=3$), добытых в зимний период на территории биогеографического региона Малоземельской тундры Ненецкого автономного округа. Образцы были отобраны с соблюдением асептических условий и заморожены при температуре -20°C , после чего транспортированы в молекулярно-генетическую лабораторию компании «БИОТРОФ» в криоконсервированном состоянии для дальнейшего анализа.

Тотальную ДНК из исследуемых образцов выделяли с использованием набора Genomic DNA Purification Kit

(«Fermentas, Inc.»), Литва) согласно прилагаемой инструкции. Бактериальное сообщество слепой и подвздошной кишки белой куропатки оценивали методом NGS-секвенирования на платформе MiSeq (Illumina, Inc., США) с праймерами для V3-V4 региона гена 16S рРНК. В исследованиях использовалась следующая нуклеотидная последовательность для прямого праймера: 5'-TCGTCGGCAGCGTCAGATGTGTATAAGAGACAGCTACGGGNGGCWGCAG-3'; для обратного праймера: 5'-GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAAGAGACAGGACTACHVGGGTATCTAATCC-3'. ПЦР проводили при следующих условиях: 3 мин. при 95°C; 30 с. при 95°C, 30 с. при 55°C, 30 с. при 72°C (необходимо для удлинения последовательности) (25 циклов); 5 мин. при 72°C (окончательная элонгация). Секвенирование осуществляли с реагентами для подготовки библиотек Nextera® XT IndexKit (Illumina, Inc.), Очистку продуктов полимеразной цепной реакции проводили реагентом Agencourt AMPure XP производства (Beckman Coulter, Inc, США). Для выполнения секвенирования использовался набор MiSeq® ReagentKit v2 (500 циклов) компании (Illumina, Inc). Оценку библиотеки осуществляли с применением набора для высокочувствительного анализа ДНК / High Sensitivity DNA Kit (Agilent, США) на приборе биоанализатор Agilent 2100 (Agilent, США). Максимальная длина полученных последовательностей составила 2½250 п.

Биоинформатический анализ данных выполняли с помощью программного обеспечения QIIME2 v. 2020.8 (<https://docs.qiime2.org/2020.8/>). Фильтрацию шумовых последовательностей осуществляли с применением встроенного в программный пакет QIIME2 метода DADA2. Данный метод интегрирует информацию о качестве в модель ошибок, что обеспечивает устойчивость алгоритма к последовательностям более низкого качества. Таксономическую классификацию проводили с помощью базы данных Silva 138.1 (<https://www.arb-silva.de/documentation/>

release-138.1/). В прогнозировании функциональных характеристик микробиомов на основании данных о их таксономическом составе была применена программа PICRUST2. Выбранная программа использует таксономические данные для генерации функциональных профилей микробных сообществ, опираясь на базы данных KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) и MetaCyc для идентификации функциональных генов.

Полученные данные подвергнуты статистическому анализу с применением программного пакета Microsoft Office Excel 2013. Статистическая значимость различий установлена при $p < 0,05$ с применением t-критерия Стьюдента.

РЕЗУЛЬТАТЫ/ RESULTS

При анализе микробного сообщества кишечника белой куропатки методом NGS-секвенирования было сгенерировано в общей сложности 55,193 последовательностей гена 16S рРНК с медианой считываний 13,330; min = 10,673, max = 17,860. В составе микробиома содержимого кишечника присутствовало 15 бактериальных филумов и суперфилумов, среди которых доминирующими были представители *Firmicutes*, *Cyanobacteria* и *Bacteroidota*. На рисунке 1 представлен график пяти наиболее распространенных филумов по средним значениям в группе. Представляется очевидным, что указанные доминирующие бактерии играют ключевую роль в метаболизме основных компонентов рациона, таких как целлюлоза, гемицеллюлоза, крахмал, органические кислоты и белки. Они преобразуют эти вещества в промежуточные энергетические субстраты, которые затем абсорбируются в кишечнике [5].

Между таксономическим составом слепых отростков и подвздошной кишки наблюдались ярко выраженные отличия, что, по-видимому, обусловлено их функциональностью. Ранее сообщалось, что слепые отростки кишечника птиц вовлечены в процессы ферментации и расщепления клетчатки, а остальные отделы кишечника (тощая, подвздошная кишка) – преимущественно участвуют во всасыва-

нии воды и электролитов [6]. Установлено, что у тетеревиных птиц разложение клетчатки происходит в слепых кишках под действием секрета специальных желез и бактериальной микробиоты. При

этом согласно исследованиям Потапова [7], численность бактериальных микроорганизмов в тонком отделе и слепых отростках не различается.

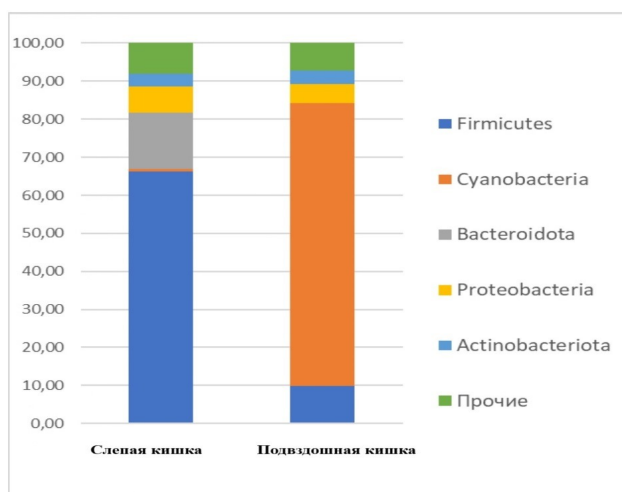


Рисунок 1 – Состав микробиома образцов содержимого кишечника птиц, на уровне наиболее представленных бактериальных филумов и суперфилумов (по данным NGS-секвенирования ампликонов гена 16S рРНК).

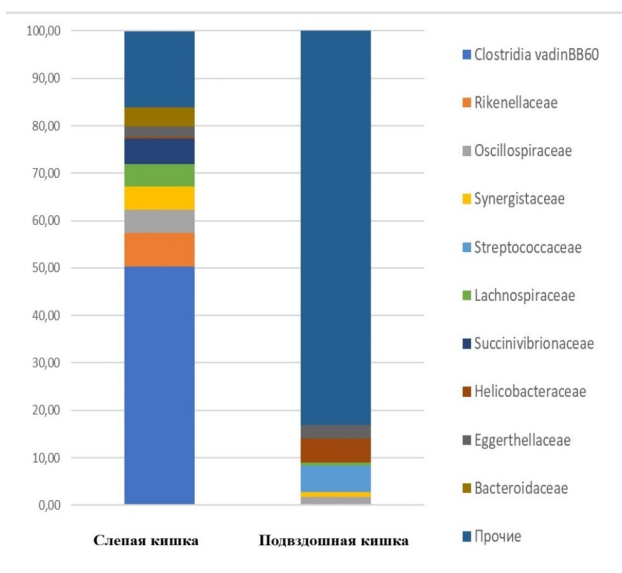


Рисунок 2 – Состав микробиома ЖКТ белой куропатки на уровне бактериальных семейств (по данным NGS-секвенирования ампликонов гена 16S рРНК).

По результатам NGS-секвенирования наиболее значимые отличия, детектируемые между различными анализируемыми участками ЖКТ, наблюдались в представленности таксона *Firmicutes*: в слепых отростках кишечника в среднем их доля

составляла $66,24 \pm 7,8\%$, а в подвздошной – $9,91 \pm 0,5\%$. Представители данного филума преимущественно играют важную роль в переваривании и усвоении компонентов корма из рациона. Бактерии из филума *Bacteroidota*, чьи функции тради-

ционно ассоциируются с ферментативными и метаболическими процессами [5], также продемонстрировали высокую концентрацию в образцах из слепой кишки, в то время как в тонком кишечнике данные микроорганизмы не были обнаружены.

Интересно, что в подвздошной кишке белой куропатки доминирующими были бактерии филума *Cyanobacteria*, где их среднее содержание составляло $74,36 \pm 7,4\%$, в отличие от слепых отростков кишечника, в котором их концентрация была минорной. Согласно имеющимся данным, *Cyanobacteria* могут вступать в симбиотические отношения с другими микроорганизмами, что обеспечивает условия для формирования более разнообразного микробиома и увеличивает его функциональность [5].

При более детальном рассмотрении, до уровня семейств, наблюдалась аналогичная картина схожего микробного пейзажа (рис.2). В частности, следует отметить высокое содержание в слепой кишке целлюлозолитических бактерий семейства *Clostridia vadinBB60*, уровень которых составлял $50,25 \pm 11,5\%$, при этом в тонком отделе ЖКТ они не были идентифицированы. Известно, что бактерии этого семейства отвечают за метаболизм сложных углеводов и других органических веществ, содержащихся в корме, и производят различные короткие цепочки жирных кислот, которые могут использоваться организмом в качестве источника энергии.

Представители других целлюлозолитических бактерий, таких как семейства *Oscillospiraceae* и *Lachnospiraceae*, также были обнаружены в большем относительном количестве в слепой кишке по сравнению с тонким отделом. В частности, доля представителей *Oscillospiraceae* составляла в среднем $5,01 \pm 2,45\%$ и $1,82 \pm 2,57\%$, а таксона *Lachnospiraceae* $4,84 \pm 0,27\%$ и $0,67 \pm 0,95\%$, в содержимом слепых отростков и подвздошной кишки, соответственно [5]. В целом, высокое присутствие в слепой кишке бактерий с ферментативными свойствами в отношении различных питательных соединений,

может свидетельствовать о более эффективном микробном метаболизме кормов, способствующему лучшему усвоению питательных веществ из корма, что особенно важно для видов птиц, питающихся растительной пищей. Высокое разнообразие в кишечнике белой куропатки бактерий с широким ферментативным и метаболическим потенциалом вызывает интерес в аспекте выделения штаммов для поиска и разработки биопрепаратов-пробиотиков с ферментативными свойствами.

В содержимом тонкой кишки, в отличие от слепой, детектировались представители нежелательной микрофлоры, а именно *Streptococcaceae* и *Helicobacteraceae*, содержание которых составило $5,67 \pm 6,38\%$ и $5,09 \pm 7,2\%$, соответственно. В образцах химуса из слепых отростков бактерии семейства *Helicobacteraceae* обнаруживались в минорных количествах ($0,24 \pm 0,34\%$), а *Streptococcaceae* отсутствовали. Стоит отметить, что некоторые представители этих семейств могут обуславливать воспалительные заболевания ЖКТ (гастрит, энтерит, колит, язвенные поражения), особенно на фоне ослабления иммунитета.

При проведении анализа для предсказания метаболических путей и функциональной аннотации с применением программного обеспечения PiCRUST2, была получена информация о 318 различных последовательностей метаболизма (рисунок 3 и 4). Большая их часть, особенно детектируемых в образцах слепых отростков кишечника, были связаны с ферментативными свойствами, в частности с метаболическими путями усвоения питательных веществ.

Как показано на рисунке 3, большее количество детектированных метаболических путей, связанных с углеводным обменом, присутствовало в содержимом слепых отростков, в то время как у микробиоты химуса тонкого отдела кишечника преимущественно определялись пути деградации лактозы, галактозы и фенилацетата (LACTOSECAT-PWY, PWY0-321). Известно, что среди тетеревиных птиц,

пищеварение у белой куропатки в большей степени зависит от активности микроорганизмов. Подтверждением служат исследования некоторых авторов, согласно которым в экскрементах белой куропатки содержание энергии было на 26-40% ниже, чем у других представителей этого семейства [4]. На основании косвенных данных, включающих морфологическое строение, ферментативную активность, химический состав содержи-

мо, а также динамику заполнения и опорожнения слепых отростков, предполагается, что в них происходит наиболее важный этап пищеварения у куропадок. Именно в данном отделе наблюдается расщепление и усваивание многих питательных элементов, содержащихся в грубом веточном корме, а также нейтрализуются токсичные компоненты древесных смол [9].

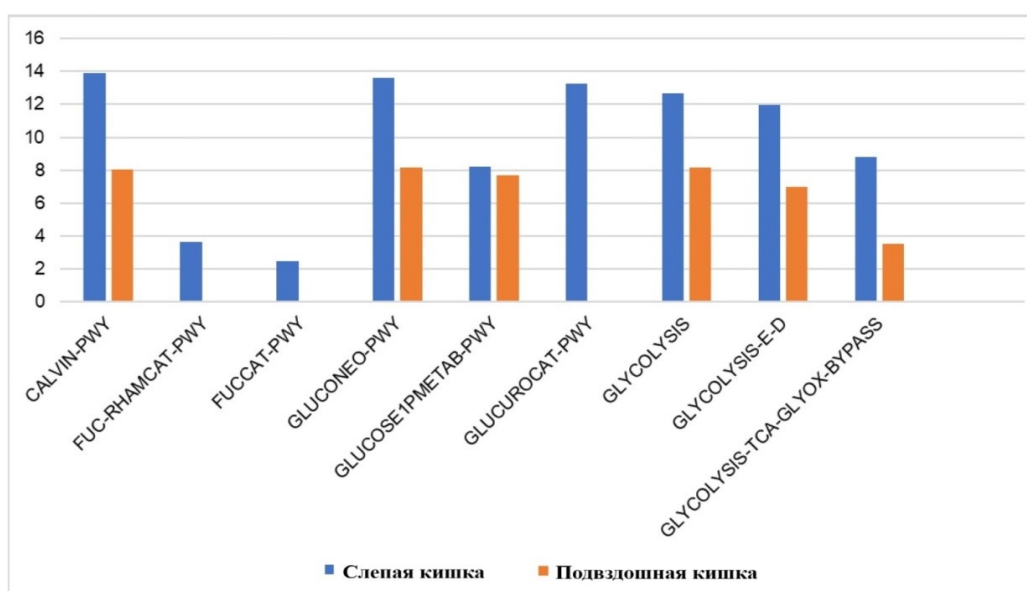


Рисунок 3 – Функциональный состав микробиома ЖКТ белой куропатки. Пути углеводного обмена (по данным NGS-секвенирования ампликонов гена 16S rPHK).

Также ранее было продемонстрировано, что в слепых отростках птицы содержится наибольшее количество микроорганизмов по сравнению с другими отделами пищеварительной системы. Они являются основным резервуаром для микробного разложения клетчатки и синтеза летучих жирных кислот, также в них протекают различные ферментативные процессы [9, 10]. Ведущая роль в разрушении клетчатки принадлежит микроорганизмам. При этом белая куропатка при недостаточном полноценном рационе способна усваивать до 20% целлюлозы корма [11], а по некоторым исследованиям до 27,7-

36,8% [12].

При изучении биоэнергетики тетеревиных птиц было высказано предположение, что слепые отростки дополняют работу тонкой кишки, а ее функциональная деятельность зависит от сезона года. В полном объеме функциональные возможности слепой кишки реализуются в наиболее суровые периоды года. Слепые отростки в широких пределах изменяют коэффициент усвоения корма при его одинаковом суточном потреблении, что свидетельствует о более полном его усвоении в организме птиц [13]. В летний период слепые отростки птицы почти не

функционируют [7].

В нашем исследовании разнообразие метаболических путей по данным функциональной аннотации оказалось напрямую взаимосвязано с таксономическим составом в слепых отростках и подвздошной кишке. При этом более высокое разнообразие таксономического состава в слепых отростках сопровождалось и более высоким метаболическим профилем. В микробиоме слепых отростков по сравнению с подвздошной кишкой наблюдалось достоверно более высокое относительное количество генов, ассоциированных с метаболическими путями, обуславливающими деградацию фукозы и рамнозы (FUC-RHAMCAT-PWY) – в 182 раза ($p \leq 0,005$), фукозы (FUCAT-PWY) – в 49,8 раза ($p \leq 0,001$), β -D-глюкуронида и D-глюкуроната (GLUCUROCAT-PWY) – в 132 раза ($p \leq 0,005$).

Помимо этого, большее количество генов микробиоты слепой кишки было связано с другими процессами углеводного и энергетического обмена. Метаболический путь глюконеогенеза GLUCONEO-PWY, который обеспечивает синтез глюкозы из несакхарных углеродных источников, таких как пируват, (S)-лактат, глицерин и глюконеогенные аминокислоты (прежде всего L-аланин и L-глутамин) у микроорганизмов, обитающих в слепых отростках, оказался в 1,7 раза активнее по сравнению с данными, полученными по подвздошной кишке. Путь CALVIN-PWY, относящийся к циклу Кальвина-Бенсона-Бассама, используемый некоторыми бактериями для фиксации углерода, эффективно преобразуя углекислый газ в органические соединения, так же в слепых отростках был в 1,7 раза более выражен. Пути GLYCOLYSIS-E-D и GLYCOLYSIS в 1,7 и 1,6 раза превосходили показатели, полученные по тонкой кишке, соответственно. В то же время количество генов пути GLUCOSE1PMETAB-PWY, задействованного в метаболизме глюкозы и глюкозо-1-фосфата, у микробиоты подвздошной и слепой кишки было сопоставимо.

Процесс обратный гликолизу (путь

GLYCOLYSIS-TCA-GLYOX-BYPASS), в микробном сообществе слепых отростков кишечника куропаток также был представлен в 2,5 раза большим количеством генов, ответственных за его реализацию. Стоит отметить, что ферменты данного глюконеогенного пути широко распространены у архей, бактерий, грибов, растений и животных [14, 15, 16].

Другие выраженные отличия наблюдались между функциональным профилем слепой и подвздошной кишки по представленности метаболических путей, связанных с антиоксидантной активностью, метаболизмом витаминов и кофакторов (рис. 4). В частности, в содержимом слепых отростков наблюдалось большее содержание генов, связанных с биосинтезом НАД (никотинамидадениндинуклеотида), который, как и его фосфорилированное производное, никотинамидадениндинуклеотидфосфат (НАДФ), являются двумя наиболее важными коферментами в окислительно-восстановительных реакциях клетки. Как правило, НАД участвует в катаболических реакциях, тогда как НАДФ в анаболических [17, 18]. Активность метаболического пути NAD-BIOSYNTHESIS-II микробиоты слепых отростков превосходило показатель содержимого подвздошной кишки в 122 раза ($p \leq 0,005$).

ДНК-последовательности, обеспечивающие метаболические пути, связанные с восстановлением НАД I (PYRIDNUCSAL-PWY) и направленные на синтез НАД из аспартата (PYRIDNUCSYN-PWY) у микробиоты химуса слепых кишок встречались в 2,1 и 1,7 раза чаще, чем в тонкой кишке, соответственно.

В содержимом слепой кишки куропатки наблюдалось большее относительное количество генов, ассоциированных с метаболизмом витаминов. Метаболические пути PYRIDOXSYN-PWY отражающие биосинтез пиридоксаль-5'-фосфата I, являющегося витамином B6 и важным кофактором во всех живых системах, у микробиоты слепых отростков были в 3,9 раз ($p \leq 0,05$) более выраженными по сравнению с тонкой кишкой. Стоит

отметить, что пиридоксаль-5'-фосфат I играет важную роль в метаболизме аминокислот и углеводов. При этом указанный метаболический путь характерен только для микроорганизмов и растений.

Данное соединение не может быть синтезировано организмом животных, что обуславливает его статус незаменимого нутриента в их рационе [19].

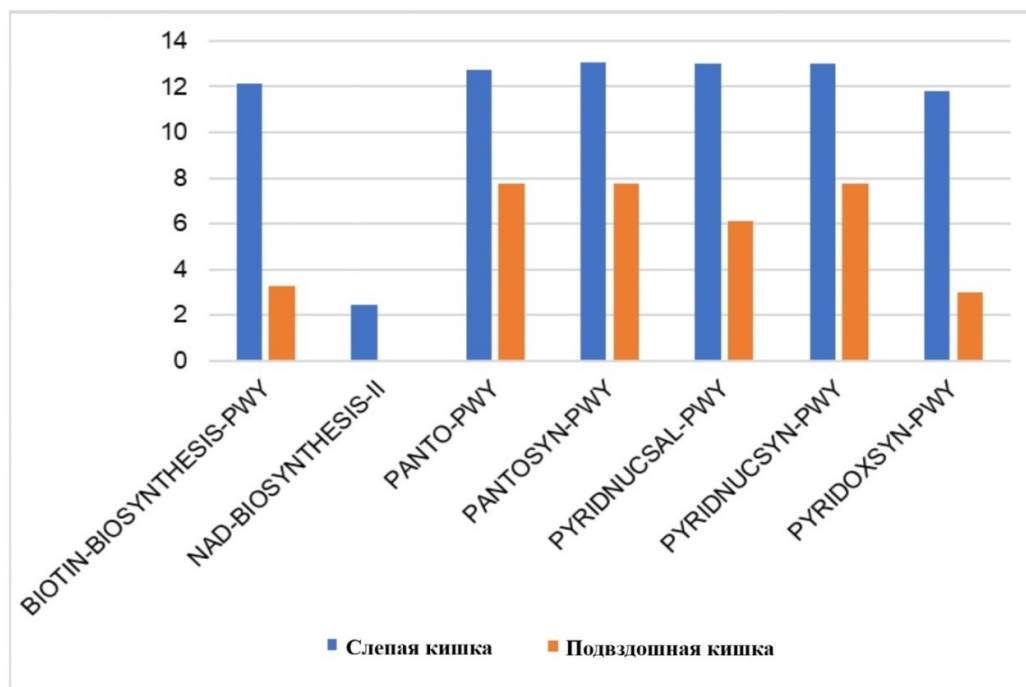


Рисунок 4 – Функциональный состав микробиома ЖКТ белой куропатки. Пути синтеза витаминов и коферментов (по данным NGS-секвенирования ампликонов гена 16S rPHK).

Различия в метаболическом пути BIOTIN-BIOSYNTHESIS-PWY ответственно за биосинтез биотина составили 3,7 раза. Стоит отметить, что биотин является важным кофактором для ферментов переноса карбоксильных групп, таких как ацетил-КоА-карбоксилаза, необходимого для всех форм жизни [20].

Гены, ответственные за синтез фосфопантотената через метаболический путь PANTO-PWY, в микробном сообществе слепой кишки встречались в 1,6 раза чаще. При этом биосинтез фосфопантотената возможен только растениями и микроорганизмами (включая некоторые эукариотические микроорганизмы, такие как *Saccharomyces cerevisiae*). Наиболее рас-

пространенной формой солей пантотеновой кислоты (витамина B5) является пантотенат кальция, который представляет собой кальциевую соль витамина B5. Он играет важную роль в обмене веществ, участвует в синтезе кофермента A (КоА), необходимого для многих метаболических процессов, и поддерживает энергетический обмен.

Метаболический путь PANTOSYN-PWY обеспечивает биосинтез кофермента A (КоА) – кофактора, широко распространенного у растений, бактерий и животных. Кофермент A играет ключевую роль в многочисленных ферментативных реакциях, являющихся центральными для промежуточного метаболизма, включая

окисление жирных кислот, углеводов и аминокислот. Кроме того, кофермент А необходим для множества биосинтетических процессов и катаболических путей, в ходе которых формируются ключевые промежуточные продукты в энергетическом обмене [21]. В контексте микробного сообщества толстой кишки активность данного метаболического пути оказалась в 1,7 раза выше по сравнению с представителями тонкой кишки.

ВЫВОДЫ / CONCLUSION

В ходе настоящего исследования впервые с применением метода NGS-секвенирования исследован таксономический состав микробиома кишечника белой куропатки и определен его метаболический потенциал. Продемонстрированы уникальные особенности, характерные для тонкого и толстого отдела кишечника указанного вида птиц. В составе микробиома содержимого всех образцов присутствовало 15 бактериальных филумов и суперфилумов, среди которых доминирующими были представители *Firmicutes*, *Cyanobacteria* и *Bacteroidota*, доля которых существенно различалась в зависимости от отдела кишечника. При этом в слепых отростках белой куропатки доминирующими оказались бактерии с высоким метаболическим потенциалом в отношении питательных веществ корма из филумов *Firmicutes* и *Bacteroidota*, а в подвздошной кишке преобладающими были представители филума *Cyanobacteria*, особенностью которых является развитие симбиотических отношений с другими микроорганизмами, что способствует формированию более разнообразного микробиома и повышает его функциональные возможности.

Метаболический профиль слепой и подвздошной кишки также имели характерные отличия. Микробиом слепых отростков характеризовался более высоким разнообразием метаболических путей, ассоциированных с энергетическим обменом, антиоксидантными свойствами, биосинтезом витаминов и кофакторов.

STUDY OF THE TAXONOMIC AND FUNCTIONAL PROFILE OF THE WILLOW PARTRIDGE MICROBIOME

Filatov A.V.^{1,2} * – Dr. of Veterinary Sciences, Prof., Leading Researcher (ORCID 0000-0003-4557-844X); **Nikolaev S.V.**¹ – Candidate of Veterinary Sciences, Leading Researcher (ORCID 0000-0001-5485-4616); **Laptev G.Yu.**^{3,4} – Dr. of Biological Sciences (ORCID 0000-0002-8795-6659); **Irina L.A.**^{3,4} – Dr. of Biological Sciences (0000-0003-2789-4844)

¹Institute of Agrobiotechnology named after A.V. Zhuravsky Komi Scientific Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences

²Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education “Vyatka State Agrotechnological University”;

³Federal State Educational Institution of Higher Education "Saint Petersburg State Agrarian University" (FSBEI VO SPbSAU)

⁴Limited Liability Company "BIOTROF" (OOO "BIOTROF")

*fav6819@yandex.ru

ABSTRACT

Despite a significant amount of research on the digestive system of birds, grouse, which includes the, remain insufficiently studied in this context. One of the characteristic features of the digestive physiology of partridge (*Lagopus lagopus*) is the enlarged cecum compared to representatives of other families. The purpose of this study is to analyze the taxonomic and metabolic composition of the intestinal microbiota of the white partridge using modern molecular genetic methods, in particular NGS sequencing. The object of the study was the contents of the ileum and caecal appendages of the intestine of a white partridge, harvested in winter on the territory of the Malozemelskaya tundra of the Nenets Autonomous Okrug. The research results demonstrated a range of differences related to the taxonomic and functional diversity of the microbiota of the small and large intestine of the white partridge. At the same time, a significantly higher number of bacteria with cellulolytic properties

(Clostridia vadinBB60, Oscillospiraceae, and Lachnospiraceae families) was observed in the blind processes of birds. This fact may be of interest in the context of the search for strains of microorganisms for the development of biological products with probiotic and enzymatic properties. Representatives of opportunistic microbiota (Streptococcaceae and Helicobacteraceae families) have also been detected in the intestines of the white partridge, which often causes diseases due to weakened immunity. In the cecum, compared with the ileum, there was a higher number of metabolic pathways associated with energy metabolism (FUC-RHAMCAT-PWY ($p < 0.005$), FUCAT-PWY ($p < 0.001$), GLUCUROCAT-PWY ($p < 0.005$)), antioxidant activity (NAD-BIOSYNTHESIS-II ($p < 0.005$), PYRIDNUCSAL-PWY, PYRIDNUCSYN-PWY, PYRIDOXSYN-PWY ($p < 0.05$)), biosynthesis of vitamins and co-factors. The results of the conducted studies indicate a significant metabolic potential of the intestinal microbiome of the white partridge, especially in its blind processes.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Воронин Р.Н. Питание белой куропатки в Большеземельской тундре // Сборник научн.-техн. Информ. ВНИИОЗ. Киров. – 1974. Вып. 44-45. – С. 58-63.
2. Johnsgard, P. Grouses and Quails of North America. – New York, 1973.
3. Исаев А.П. Тетеревиные птицы Якутии: распространение, численность, экология. - Новосибирск: Наука, 2016. – 340 с.
4. Андреев А.В. Адаптация птиц к зимним условиям Субарктики. – М.: Наука, 1980. – 176 с.
5. Лаптев Г.Ю., Новикова Н.И., Ёылдырым Е.А., Ильина Л.А. Микробиом сельскохозяйственных животных: связь со здоровьем и продуктивностью – СПб, 2020. – 336 с.
6. Hird, S.M., Sánchez C., Carstens B.C., Brumfield R.T. Comparative Gut Microbiota of 59 Neotropical Bird Species // Front Microbiol. – 2015. – V. – 21(6). – P. 1403. DOI: 10.3389/fmicb.2015.01403.
7. Потапов Р.Л. Отряд курообразные (Galliformes). Семейство тетеревиные (Tetraonidae). – Л.: Наука, 1985. – 638с. – (Фауна СССР; Н.С., № 133; Птицы; Т. III; Вып.1; Ч.2).
8. Кочкарев П.В. Роль слепых отростков белой куропатки (*Lagopus lagopus Montin.* 1776) в процессе регулирования микроэлементного состава // Вестник КрасГАУ. – 2014. – №10.
9. Каблучеева Т.И. Роль слепых кишок в переваривании клетчатки корма// Тр. КубГАУ. – Краснодар, 2000. – Вып. № 379(407). – С. 100-104.
10. Кузьмина М.А. Тетеревиные и фазановые СССР. – Алма-Ата: Наука, 1977.
11. Moss R., Parkinson J.A. The digestion of heather (*Calluna vulgaris*) by Red Grouse (*Lagopus lagopus scoticus*). – Brit. J. Nutr., 1972, vol. 27, p. 285-298.
12. Pulliainen E., Paloheimo L., Syrjala L., Digestibility of blueberry stems (*Vaccinium myrtillus*) and cowberries (*Vaccinium vitis-idaea*) in the Willow Grouse (*Lagopus lagopus*). – Ann. Acad. Sci. Fenn. Ser. A. Biol., 1968, vol. 126, p. 4-15.
13. Андреев А.В. Об энергетическом балансе и особенностях пищеварения некоторых тетеревиных птиц в зимний период. – Биол. Проб. Севера, 1973, вып. 2. – С. 146-155.
14. Hu, S., Png, E., Gowans, M. et al. Ectopic gut colonization: a metagenomic study of the oral and gut microbiome in Crohn's disease. Gut Pathog 13, 13 (2021). <https://doi.org/10.1186/s13099-021-00409-5>
15. Cherbuy, C., Vaugelade P, Labarthe S, Honvo-Houeto E, Darcy-Vrillon B, Watford M, Duée PH. The Contribution of Intestinal Gluconeogenesis to Glucose Homeostasis Is Low in 2-Day-Old Pigs // J. Nutr. – 2017. – V.147(3). –P. 361-366. DOI: 10.3945/jn.116.242131.
16. Sheng, S., Chen J., Zhang Y., Qin Q., Li W., Yan S., Wang Y., Li T., Gao X., Tang L, Li A, Ding S. Structural and Functional Alterations of Gut Microbiota in Males with Hyperuricemia and High Levels of Liver Enzymes // Front. Med. (Lausanne). – 2021. – V.19. P. 8:779994. DOI: 10.3389/fmed.2021.779994.
17. Houtkooper, R.H., Cantó C., Wanders

- R.J., Auwerx J. The secret life of NAD⁺: an old metabolite controlling new metabolic signaling pathways // *Endocr. Rev.* 2010 – V.2. – P.194-223. DOI: 10.1210/er.2009-0026.
18. Croft T., Venkatakrishnan P., Lin S.J. NAD⁺ Metabolism and Regulation: Lessons from Yeast. *Biomolecules.* 2020. – V. 10(2). – P. 330. DOI: 10.3390/biom10020330
19. Manzoor A, Amir S, Gul F, Sidique MA, Kayani MUR, Zaidi SSA, Javed S, Abbas Shah ST, Nasir A. Characterization of the Gastrointestinal and Reproductive Tract Microbiota in Fertile and Infertile Pakistani Couples // *Biology (Basel).* 2021. – V.11 (1). – P. 40. DOI: 10.3390/biology11010040.
20. Peng, Y.C., Xu J.X., You X.M., Huang Y.Y., Ma L., Li L.Q., Qi L.N. Specific gut microbiome signature predicts hepatitis B virus-related hepatocellular carcinoma patients with microvascular invasion // *Ann. Med.* – 2023. –V. 55(2). P. 2283160. DOI: 10.1080/07853890.2023.2283160
21. Oretomiloye, F, Adewole D. Exploring the modulatory effects of brown seaweed meal and extracts on intestinal microbiota and morphology of broiler chickens challenged with heat stress // *Poult Sci* – 2024. – V. 103(4). – P. 103562. DOI: 10.1016/j.psj.2024.103562.
- REFERENCES**
1. Voronin, R. N. (1974). Pitanie beloy kuropatki v Bol'shezemel'skoy tundre [Nutrition of the willow ptarmigan in the Bol'shezemel'skaya tundra]. *Sbornik nauchno-tekhnicheskoy informatsii VNIIOZ*, (44-45), 58–63.
2. Johnsgard, P. A. (1973). *Grouse and Quails of North America*. University of Nebraska Press.
3. Isaev, A. P. (2016). Teterevinye ptitsy Yakutii: rasprostranenie, chislennost', ekologiya [Grouse birds of Yakutia: distribution, abundance, ecology]. *Nauka*.
4. Andreev, A. V. (1980). Adaptatsiya ptits k zimnim usloviyam Subarktiki [Adaptation of birds to winter conditions of the Subarctic]. *Nauka*.
5. Laptev, G. Yu., Novikova, N. I., Yildirim, E. A., & Ilyina, L. A. (2020). Mikrobiom sel'skokhozyaystvennykh zivotnykh: svyaz so zdorov'em i produktivnost'yu [Microbiome of farm animals: connection with health and productivity]. (In Russian).
6. Hird, S. M., Sánchez, C., Carstens, B. C., & Brumfield, R. T. (2015). Comparative Gut Microbiota of 59 Neotropical Bird Species. *Frontiers in Microbiology*, *6*, 1403. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01403>.
7. Potapov, R. L. (1985). Otryad kuropobraznye (Galliformes). Semeystvo teterevinye (Tetraonidae) [Order Galliformes. Family Tetraonidae]. In *Fauna SSSR. Ptitsy (Vol. 1, Pt. 2)*. *Nauka*. (In Russian).
8. Kochkarev, P. V. (2014). Rol' slepykh otrostkov beloy kuropatki (*Lagopus lagopus Montin. 1776*) v protsesse regulirovaniya mikroelementnogo sostava [The role of the cecal appendages of the willow ptarmigan in regulating the microelement composition]. *Vestnik KrasGAU*, (10).
9. Kablucheeva, T. I. (2000). Rol' slepykh kishkek v perevarivanii kletchatki korma [The role of ceca in the digestion of feed fiber]. *Trudy Kubanskogo Gosudarstvennogo Agrarnogo Universiteta*, *379*(407), 100–104.
10. Kuz'mina, M. A. (1977). Teterevinye i fazanovye SSSR [Grouse and pheasants of the USSR]. *Nauka*.
11. Moss, R., & Parkinson, J. A. (1972). The digestion of heather (*Calluna vulgaris*) by Red Grouse (*Lagopus lagopus scoticus*). *British Journal of Nutrition*, *27*(2), 285–298. <https://doi.org/10.1079/BJN19720087>.
12. Pulliainen, E., Paloheimo, L., & Syrjälä, L. (1968). Digestibility of blueberry stems (*Vaccinium myrtillus*) and cowberries (*Vaccinium vitis-idaea*) in the Willow Grouse (*Lagopus lagopus*). *Annales Academiae Scientiarum Fennicae. Series A. IV. Biologica*, (126), 1–4.
13. Andreev, A. V. (1973). Ob energeticheskom balanse i osobennostyakh pishchevareniya nekotorykh teterevinykh ptits v zimniy period [On the energy balance and digestion features of some grouse birds in winter]. *Biologicheskie Problemy Severa*, (2), 146–155.
14. Hu, S., Png, E., Gowans, M., et al.

- (2021). Ectopic gut colonization: a metagenomic study of the oral and gut microbiome in Crohn's disease. *Gut Pathogens*, *13*, 13. <https://doi.org/10.1186/s13099-021-00409-5>.
15. Cherbuy, C., Vaugelade, P., Labarthe, S., Honvo-Houeto, E., Darcy-Vrillon, B., Watford, M., & Duée, P. H. (2017). The Contribution of Intestinal Gluconeogenesis to Glucose Homeostasis Is Low in 2-Day-Old Pigs. *The Journal of Nutrition*, *147*(3), 361–366. <https://doi.org/10.3945/jn.116.242131>.
16. Sheng, S., Chen, J., Zhang, Y., Qin, Q., Li, W., Yan, S., Wang, Y., Li, T., Gao, X., Tang, L., Li, A., & Ding, S. (2021). Structural and Functional Alterations of Gut Microbiota in Males with Hyperuricemia and High Levels of Liver Enzymes. *Frontiers in Medicine*, *8*, 779994. <https://doi.org/10.3389/fmed.2021.779994>.
17. Houtkooper, R. H., Cantó, C., Wanders, R. J., & Auwerx, J. (2010). The secret life of NAD⁺: an old metabolite controlling new metabolic signaling pathways. *Endocrine Reviews*, *31*(2), 194–223. <https://doi.org/10.1210/er.2009-0026>.
18. Croft, T., Venkatakrisnan, P., & Lin, S. J. (2020). NAD⁺ Metabolism and Regulation: Lessons from Yeast. *Biomolecules*, *10*(2), 330. <https://doi.org/10.3390/biom10020330>.
19. Manzoor, A., Amir, S., Gul, F., Sidique, M. A., Kayani, M. U. R., Zaidi, S. S. A., Javed, S., Abbas Shah, S. T., & Nasir, A. (2021). Characterization of the Gastrointestinal and Reproductive Tract Microbiota in Fertile and Infertile Pakistani Couples. *Biology*, *11*(1), 40. <https://doi.org/10.3390/biology11010040>.
20. Peng, Y. C., Xu, J. X., You, X. M., Huang, Y. Y., Ma, L., Li, L. Q., & Qi, L. N. (2023). Specific gut microbiome signature predicts hepatitis B virus-related hepatocellular carcinoma patients with microvascular invasion. *Annals of Medicine*, *55*(2), 2283160. <https://doi.org/10.1080/07853890.2023.2283160>.
21. Oretomiloye, F., & Adewole, D. (2024). Exploring the modulatory effects of brown seaweed meal and extracts on intestinal microbiota and morphology of broiler chickens challenged with heat stress. *Poultry Science*, *103*(4), 103562. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.103562>.