

T-RFLP-анализ микрофлоры кишечника — основа выбора кормовых добавок для птицы

Г. Лаптев, канд. биол. наук

И. Никонов, главный специалист по координации НИОКР

Л. Кряжевских, аспирант, биотехнолог, ООО «Биотроф»

И. Егоров, академик РАСХН, ВНИТИП

Рационы питания высокопродуктивной птицы построены так, чтобы обеспечить максимально быстрый рост за возможно короткий промежуток времени. Однако повышенная концентрация питательных веществ в корме часто приводит к нарушению баланса микроорганизмов в кишечнике и, соответственно, к возможному развитию условно-патогенной и патогенной микрофлоры.

Для решения проблемы в настоящее время применяют различные группы препаратов: кормовые антибиотики, подкислители, пробиотики и пребиотики, кокцидиостатики и др. Также антимикробным эффектом обладают фитобиотики и некоторые ароматизаторы. В связи с огромным количеством предложений кормовых добавок отечественного и зарубежного производства для птицевода возникает существенная проблема рационального выбора, которую можно решить только с помощью максимально точного и быстрого по затратам времени и средств анализа микрофлоры желудочно-кишечного тракта птицы.

Одним из эффективных подходов к определению микрофлоры является экспресс-метод на основе T-RFLP-анализа. Он основан на выделении ДНК, амплификации и секвенировании с последующим исследованием полученных T-RFLP-грамм по базам данных с помощью программы «Fragment Sorter» и комплексным анализом на основе статистических (корреляционный и кластерный), таксономических и экологических подходов.

Апробация метода была проведена в ходе производственного опыта на базе вивария Загорского ЭПХ ВНИТИП на цыплятах-бройлерах кросса «Кобб Авиан 48», которым скармливали комбикорма, сбалансированные как по валовому содержанию аминокислот (ОР1), так и с учётом их доступности (ОР2). В

рационы опытных вариантов добавляли ферментативный пробиотик целлобактерин. Необходимо отметить, что аминокислотное питание — ключевой показатель и требует нормирования не только общего количества протеина в корме, но и отдельных аминокислот.

У цыплят-бройлеров отбирали образцы желудочно-кишечного тракта (тонкий кишечник, слепые отростки) и провели исследование содержимого методом T-RFLP. Всего было выявлено 229 видов бактерий, относящихся к различным таксономическим группам. Значительная часть представлена «uncultured»-видами, являющимися в настоящее время

увеличению среднесуточных приростов с одновременным снижением затрат корма.

Изучено влияние микробного фона желудочно-кишечного тракта птицы на метаболизм 20 незаменимых аминокислот и их усвоение. Численность доминирующих видов бактерий коррелируется с использованием аминокислот организмом. Например, наличие некоторых видов лактобацилл негативно действует на усвояемость лизина, аспарагиновой кислоты и треонина. В то же время присутствие некультивируемых видов положительно сказывается на усвояемости гистидина, а наличие Fusobacterium —



некультивируемыми на существующих типах питательных сред. Таксономический анализ не выявил возбудителей бактериальных заболеваний ни в контрольных, ни в опытных вариантах.

Необходимо отметить, что на формирование таксономической структуры микробиоценоза ЖКТ птицы существенное влияние оказывает состав рациона. Обнаружены значительные различия в структуре микробных сообществ контрольных и опытных вариантов. Целлобактерин воздействует на соотношение доминирующих видов микроорганизмов. Применение данного пробиотика на рационах, сбалансированных по аминокислотному питанию, приводит к

гистидина, лизина и пролина. Механизм влияния требует дополнительного изучения.

Таким образом, экспресс-метод определения микрофлоры на основе T-RFLP-анализа позволяет оценить влияние различных компонентов рационов птицы на микробный фон и выявить взаимосвязи между его составом, структурой и показателями продуктивности. Кроме того, он перспективен для ранней диагностики бактериальных болезней. Поэтому с его помощью можно осуществить рациональный выбор кормовых добавок для птицы.

Работа поддержана грантом РФФИ №09-04-13768 – офи_ц.

