

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ МЕТАГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ МИКРОБИОТЫ КИШЕЧНИКА КУР И РУБЦА КОРОВ: ОТ КЛАССИЧЕСКОЙ СТАТИСТИКИ ДО МАШИННОГО ОБУЧЕНИЯ В ОЦЕНКЕ КОРМОВЫХ СТРАТЕГИЙ

Аксенов Р. Г.¹, Садовская Т. А.³

Научный руководитель – канд. техн. наук, доцент Мамонова Т. Е.¹, Никонов И.Н.²

¹НИУ ТПУ, ²СПбГУВМ, ³ФГБОУ ВО МГАВМиБ-МВА им. К.И. Скрябина

aksenov@scamt-itmo.ru

Введение

Микробиом желудочно-кишечного тракта играет ключевую роль в переваривании кормов, иммунной системе и продуктивности сельскохозяйственных животных [1]. Современные высокопроизводительные методы секвенирования (NGS) позволяют детально изучать таксономический состав микробных сообществ [2], однако интерпретация полученных данных требует применения как классических статистических подходов, так и алгоритмов машинного обучения [3]. Цель работы – на примере двух объектов (молодняк кур-несушек и коровы Суксунской породы) показать возможности комплексного анализа метагеномных данных для оценки эффективности кормовых добавок природного происхождения («Шунгигард», бурые водоросли *Fucus vesiculosus*).

Основная часть

В исследовании на молодняке кур яичного кросса «Хай-Лайн» коричневый (n=20) применяли кормовую добавку из шунгитового минерала в дозировках 0,5 и 1,0 кг/т комбикорма. Секвенирование региона V3–V4 гена 16S рНК выполняли на платформе Illumina MiSeq. Классический статистический анализ (индексы Шеннона, Симпсона, Chao1) выявил дозозависимый эффект: при 1,0 кг/т наблюдалось увеличение доли филумов *Actinobacteria* (на 172%) и *Firmicutes* (на 132%), а также снижение потенциально патогенных *Proteobacteria* (на 87%). Для интегральной оценки взаимосвязи микробиома с продуктивностью разработана нейросетевая модель CompNN, позволившая рассчитать индекс биоконсолидации CSI. Установлена высокая корреляция CSI с живой массой ($r = 0,93–0,99$) и определена оптимальная доза шунгита (1,0 кг/т), обеспечившая повышение сохранности до 97,7% и делового выхода молодняка до 96,6%. В эксперименте на лактирующих коровах Суксунской породы (n=20) изучали отдельное и комбинированное включение в рацион шунгита и бурой водоросли *F. vesiculosus*. Полноразмерный ген 16S рНК секвенировали на платформе Oxford Nanopore. Биоинформатическая обработка (Minimap2, Emlu, DADA2) показала, что комбинация добавок увеличивает альфа-разнообразие (*Chao1*) и относительную численность целлюлозолитических родов (*Fibrobacter*, *Ruminococcus*, *Pseudobutyrvibrio*), одновременно снижая долю метаногенов *Methanobrevibacter* на 58%. Применение методов машинного обучения (кластеризация, регрессионные модели) позволило выявить синергетический эффект комбинации, выразившийся в росте среднесуточного удоя на 2,07 кг и улучшении усвоения клетчатки на 5,3% по сравнению с контролем.

Выводы

Интеграция классических статистических метрик (индексы биоразнообразия) и современных алгоритмов машинного обучения (нейросетевое моделирование, кластеризация) обеспечивает глубокое понимание модуляции микробиома под влиянием кормовых факторов. Предложенный подход позволяет не только оценить таксономические сдвиги, но и прогнозировать хозяйственно полезные признаки,

обосновывая рекомендации по использованию природных адаптогенов в птицеводстве и животноводстве.

Литература

1. Кочиш И. И., Аксенов Р. Г., Никонов И. Н. Анализ микробиома кишечника у молодняка кур-несушек кросса «Хай-Лайн» на фоне применения минерала шунгита // Нормативно-правовое регулирование в ветеринарии. - 2023. - № 2. - С. 159-163.
2. Mathieu A. et al. Machine learning and deep learning applications in metagenomic taxonomy and functional annotation //Frontiers in Microbiology. – 2022. – Т. 13. – С. 811495.
3. Аксенов Р. Г. и др. Анализ геномных вариантов клеток *Escherichia coli* K-12, устойчивых к инфекции фагом T7 //Научный журнал НИУ ИТМО. Серия «Процессы и аппараты пищевых производств». – 2023. – №. 2 (56). – С. 3-12.