

1 kg of gain. Using the analysis of libraries of 16S rRNA gene sequences sequenced on the Illumina MiSeq platform, shifts in the microbiota of the cecum were discovered, which can help improve the morphological and physiological parameters of quails.

Keywords: quail, probiotic, feed additive, lactobacilli

ДОПОЛНИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

КРАТКИЕ СООБЩЕНИЯ

УДК 579.64

ЭФФЕКТ ПРОБИОТИЧЕСКИХ ЛАКТОБАКТЕРИЙ
НА МИКРОБИОТУ КИШЕЧНИКА
И МОРФОЛОГО-ФИЗИОЛОГИЧЕСКИЕ ПОКАЗАТЕЛИ ПЕРЕПЕЛОВ

© 2024 г. Е. А. Гаврилова^{а, *}, О. С. Карасева^а, Я. М. Монир^а,
А. М. Ежкова^б, В. О. Ежков^б, Р. А. Волков^б, А. М. Сенина^а,
Д. Р. Хуснутдинова^а, Е. В. Никитина^{а, с}, Д. Р. Яруллина^а, А. Р. Каюмов^а

^аКазанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, 420008, Россия

^бКазанская государственная академия ветеринарной медицины имени Н.Э. Баумана, 420061, Казань, Россия

^сКазанский национальный исследовательский технологический университет, Казань, 420015, Россия

*e-mail: Alalila@yandex.ru

Таблица S1. Анализ форменных элементов и биохимических показателей крови перепелов, получавших *L. plantarum* AG10 в качестве пробиотической добавки. *Значимые различия при $p < 0.05$ в тесте Манна–Уитни

Показатель	Контроль	<i>L. plantarum</i> AG10
Лейкоциты, 10 ⁹ /л	50.0 ± 7.0	54.2 ± 4.2
Лимфоциты, 10 ⁹ /л	38.3 ± 6.5	39.8 ± 1.9
Сумма: нейтрофилы, моноциты, эозинофилы, базофилы, 10 ⁹ /л	2.3 ± 2.2	2.6 ± 2.2
Гранулоциты, 10 ⁹ /л	9.4 ± 2.4	11.8 ± 2.8
Лимфоциты, %	76.5 ± 5.8	73.6 ± 4.3
Сумма: нейтрофилы, моноциты, эозинофилы, базофилы, %	4.7 ± 4.5	4.7 ± 3.9
Гранулоциты, %	18.7 ± 4.2	21.7 ± 4.2
Эритроциты, 10 ¹² /л	2.8 ± 0.1	2.8 ± 0.4
Гемоглобин, г/л	223.0 ± 14.4	225.8 ± 16.5
Гематокрит, %	37.2 ± 2.9	36.5 ± 4.2
Средний объем эритроцитов, 10 ¹⁵ /л	131.9 ± 10.3	131.0 ± 4.9
Средняя концентрация гемоглобина в крови, 10 ¹² /л	79.4 ± 8.0	81.7 ± 9.9
Средняя концентрация гемоглобина в эритроцитах, г/л	601.9 ± 46.3	622.4 ± 61.9
Широта распределения популяции эритроцитах, %	10.5 ± 1.1	10.0 ± 2.2
Тромбоциты, 10 ⁹ /л	20.4 ± 11.6	13.6 ± 4.2
Средний объем тромбоцитов, 10 ¹⁵ /л	8.8 ± 2.0	10.1 ± 2.0
Широта распределения популяции тромбоцитов, %	28.8 ± 4.6	25.0 ± 4.2
Альбумин, г/дл	3.1 ± 0.9	3.6 ± 0.8
Общий белок, г/дл	2.5 ± 0.7	2.4 ± 0.6
Билирубин, мг/дл	0.1	0.1
Креатинин, мг/дл	0.2	0.1
Общие липиды, мг/дл	499.3 ± 154.2	465.6 ± 129.6

Окончание таблицы S1

Показатель	Контроль	<i>L. plantarum</i> AG10
Холестерин, мг/дл	172.6 ± 46.4	160.7 ± 33.4
Триглицериды, мг/дл	335.0 ± 296.2	333.6 ± 402.3
Липопротеиды высокой плотности, мг/дл	187.7 ± 39.5	180.3 ± 63.4
Липопротеиды низкой плотности, мг/дл	287.2 ± 59.7	264.7 ± 64.2
*Аспаратаминотрансфераза (АСТ), Ед/л	6.6 ± 3.4	14.3 ± 6.4
Аланинаминотрансфераза (АЛТ), Ед/л	22.6 ± 4.9	23.6 ± 6.2
Кальций, мг/дл	9.7 ± 2.2	10.4 ± 0.9

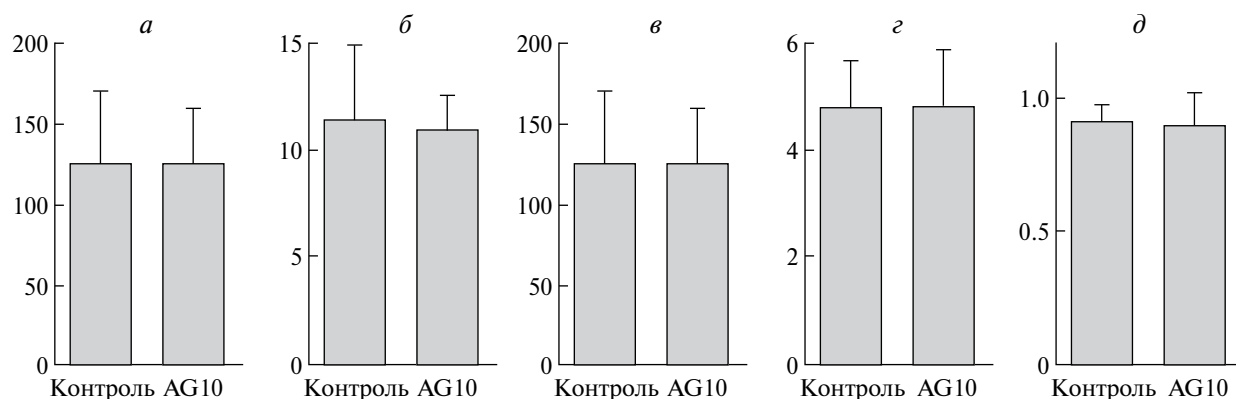


Рис. S1. Эффект внесения *L. plantarum* AG10 в качестве пробиотической добавки в корм перепелов на индексы биоразнообразия микробного сообщества слепой кишки: индексы таксономического разнообразия ((а) – Chao1; (г) – индекс Шеннона; (д) – индекс Симпсона), показатель филогенетического разнообразия Faith's PD (б) и количество ОТЕ (в).

Таблица S2. Таксономический профиль бактериального сообщества слепой кишки перепелов, получавших с кормом пробиотическую добавку на основе *L. plantarum* AG10, исследованный методом секвенирования гена 16S рибосомной РНК

Таксон	Количество
d__Bacteria;__;	0.001887
d__Bacteria;p__Actinobacteriota;c__Actinomycetia;o__Actinomycetales;f__Bifidobacteriaceae;g__Bifidobacterium_388775;s__Bifidobacterium pullorum_B_388330	0.023067
d__Bacteria;p__Actinobacteriota;c__Coriobacteriia;o__Coriobacteriales;f__Atopobiaceae;g__Thermophilibacter;s__Thermophilibacter avicola	0.03858
d__Bacteria;p__Actinobacteriota;c__Coriobacteriia;o__Coriobacteriales;f__Coriobacteriaceae;g__Collinsella;__	0.005675
d__Bacteria;p__Actinobacteriota;c__Coriobacteriia;o__Coriobacteriales;f__Coriobacteriaceae;g__Collinsella;s__Collinsella ihuae	0.001106
d__Bacteria;p__Actinobacteriota;c__Coriobacteriia;o__Coriobacteriales;f__Coriobacteriaceae;g__Limicola;s__Limicola sp002160065	0.000607
d__Bacteria;p__Actinobacteriota;c__Coriobacteriia;o__Coriobacteriales;f__Eggerthellaceae;__;	0.000713
d__Bacteria;p__Actinobacteriota;c__Coriobacteriia;o__Coriobacteriales;f__Eggerthellaceae;g__CAG-1427;s__CAG-1427 sp000435475	0.000564
d__Bacteria;p__Bacteroidota;c__Bacteroidia;__;	8.06E-05
d__Bacteria;p__Bacteroidota;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;__;	0.000579
d__Bacteria;p__Bacteroidota;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Bacteroidaceae;__;	0.018242
d__Bacteria;p__Bacteroidota;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Bacteroidaceae;g__Bacteroides_H;__	0.000107

Продолжение таблицы S2

Таксон	Количество
d__Bacteria;p__Bacteroidota;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Bacteroidaceae;g__Bacteroides_H;s__Bacteroides_H massiliensis	0.109079
d__Bacteria;p__Bacteroidota;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Bacteroidaceae;g__Phocaeicola_A_858004;s__	0.015066
d__Bacteria;p__Bacteroidota;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Bacteroidaceae;g__Phocaeicola_A_858004;s__Phocaeicola_A_858004 gallinaceus	0.023985
d__Bacteria;p__Bacteroidota;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Bacteroidaceae;g__Phocaeicola_A_858004;s__Phocaeicola_A_858004 salanitronis	0.001826
d__Bacteria;p__Bacteroidota;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Bacteroidaceae;g__Prevotella;s__Prevotella copri	0.000386
d__Bacteria;p__Bacteroidota;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Bacteroidaceae;g__Prevotella;s__Prevotella lascolaii	0.015189
d__Bacteria;p__Bacteroidota;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Bacteroidaceae;g__Prevotella;s__Prevotella sp003447235	0.000254
d__Bacteria;p__Bacteroidota;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Muribaculaceae;g__Limisoma;s__Limisoma sp900548875	0.004776
d__Bacteria;p__Bacteroidota;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Rikenellaceae;g__Alistipes_A_871400;s__	0.010875
d__Bacteria;p__Bacteroidota;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Rikenellaceae;g__Alistipes_A_871404;s__	0.001255
d__Bacteria;p__Bacteroidota;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Tannerellaceae;g__Parabacteroides_B_862066;s__Parabacteroides_B_862066 sp002159645	0.00217
d__Bacteria;p__Campylobacterota;c__Campylobacteria;o__Campylobacterales;f__Helicobacteraceae;__;	0.050162
d__Bacteria;p__Desulfobacterota_I;c__Desulfovibrionia;o__Desulfovibrionales;f__Desulfovibrionaceae;g__Desulfovibrio_R_446353;__	0.001178
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Christensenellales;f__Borkfalkiaceae;g__Borkfalkia;s__	0.000428
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Lachnospirales;f__Lachnospiraceae;__;	0.051638
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Lachnospirales;f__Lachnospiraceae;g__Anaerobutyricum;s__Anaerobutyricum faecale	0.000698
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Lachnospirales;f__Lachnospiraceae;g__Blautia_A_141781;__	0.004368
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Lachnospirales;f__Lachnospiraceae;g__Lachnoclostridium_B;s__Lachnoclostridium_B sp000765215	0.004055
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Lachnospirales;f__Lachnospiraceae;g__Mediterraneibacter_A_155507;__	0.029052
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Lachnospirales;f__Lachnospiraceae;g__Mediterraneibacter_A_155507;s__Mediterraneibacter_A_155507 cottocaccae	0.018415
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Lachnospirales;f__Lachnospiraceae;g__Sellimonas;s__Sellimonas intestinalis	0.002748
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Acutalibacteraceae;__;	0.001186
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Acutalibacteraceae;g__;	0.000386
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Acutalibacteraceae;g__Acutalibacter;s__	0.001887
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Acutalibacteraceae;g__Eubacterium_R;s__Eubacterium_R faecavium	0.008513
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Acutalibacteraceae;g__Hydrogeniclostridium;s__	0.011681

Окончание таблицы S2

Таксон	Количество
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Butyricicoccaceae;g__Agathobaculum;s__Agathobaculum sp900291975	0.000725
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Oscillospiraceae_88309;g__;	0.001182
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Oscillospiraceae_88309;g__Dysosmobacter;g__	0.000419
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Oscillospiraceae_88309;g__Dysosmobacter;s__Dysosmobacter welbionis	0.002286
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Oscillospiraceae_88309;g__Lawsonibacter;s__	0.004585
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Oscillospiraceae_88309;g__Lawsonibacter;s__Lawsonibacter sp000177015	0.003099
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Ruminococcaceae;g__;	0.003545
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Ruminococcaceae;g__Faecalibacterium;s__Faecalibacterium sp002160895	0.072577
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Ruminococcaceae;g__Gemmiger_A_73129;g__	0.009068
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Ruminococcaceae;g__Gemmiger_A_73129;s__Subdoligranulum variabile	0.002558
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Ruminococcaceae;g__Gemmiger_A_73276;s__Gemmiger_A_73276 avium	0.000886
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Ruminococcaceae;g__Negativibacillus;s__Negativibacillus massiliensis	0.000813
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Ruminococcaceae;g__Paludicola;s__Paludicola psychrotolerans	0.001132
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__Oscillospirales;f__Ruminococcaceae;g__Phoceae;s__	0.001465
d__Bacteria;p__Firmicutes_A;c__Clostridia_258483;o__TANB77;f__CAG-508;g__CAG-269;s__CAG-269 sp000431335	0.000434
d__Bacteria;p__Firmicutes_C;c__Negativicutes;o__Selenomonadales;f__Selenomonadaceae_42771;g__Megamonas;s__Megamonas hypermegale	0.003813
d__Bacteria;p__Firmicutes_C;c__Negativicutes;o__Veillonellales;f__Dialisteraceae;g__UBA1822;s__UBA1822 sp900545365	0.002162
d__Bacteria;p__Firmicutes_D;c__Bacilli;o__Erysipelotrichales;f__Coprobaillaceae;g__;	0,000305
d__Bacteria;p__Firmicutes_D;c__Bacilli;o__Erysipelotrichales;f__Coprobaillaceae;g__Erysipelatoclostridium;s__Erysipelatoclostridium spiroforme	0.001474
d__Bacteria;p__Firmicutes_D;c__Bacilli;o__Erysipelotrichales;f__Erysipelotrichaceae;g__Faecalicoccus;s__Faecalicoccus pleomorphus	0.00051
d__Bacteria;p__Firmicutes_D;c__Bacilli;o__Lactobacillales;f__Lactobacillaceae;g__Ligilactobacillus;s__Ligilactobacillus salivarius	0.00082
d__Bacteria;p__Firmicutes_D;c__Bacilli;o__RFN20;f__CAG-826;g__Onthovivens;s__Onthovivens sp002399785	0.005211
d__Bacteria;p__Patescibacteria;c__Saccharimonadia;o__Saccharimonadales;f__Nanoperiomorphaeae;g__Nanoperiomorbus;s__	0.008928
d__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Burkholderiales_595427;f__Burkholderiaceae_A_595427;g__Aphodousia;s__Aphodousia faecalis	0.003061
d__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Burkholderiales_595427;f__Burkholderiaceae_A_595427;g__Sutterella;s__Sutterella parvirubra	0.0014

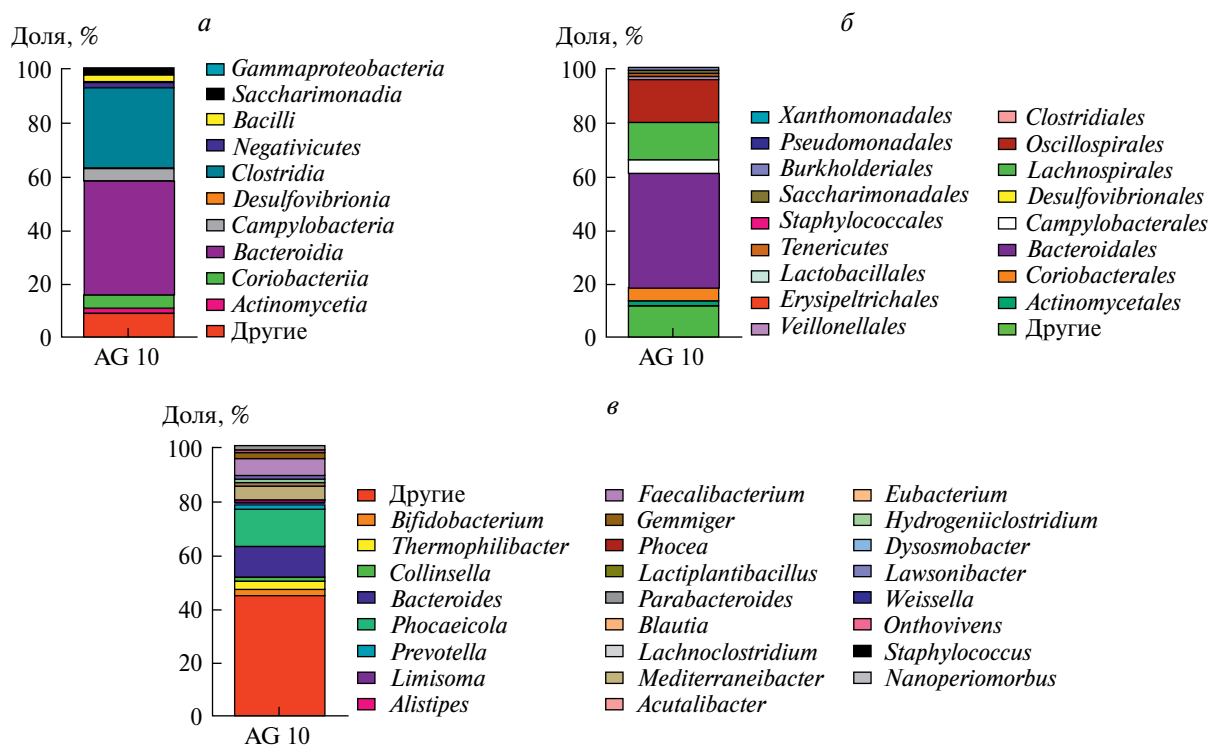


Рис. S2. Эффект внесения *L. plantarum* AG10 в качестве пробиотической добавки в корм перепелов на относительное содержание таксонов ((а) — на уровне классов; (б) — на уровне отрядов; (в) — на уровне родов).