

УДК 619

DOI: 10.53315/2949-1231-2023-2-3-37-43

*Маштыков С.С., кандидат биологических наук, доцент
Калмыцкий государственный университет*

им. Б.Б. Городовикова, г. Элиста

*Генджиев А.Я., кандидат биологических наук, доцент
Калмыцкий государственный университет*

им. Б.Б. Городовикова, г. Элиста

Горяева А.В., ассистент

Калмыцкий государственный университет

им. Б.Б. Городовикова, г. Элиста

Маштыков Д.С., студент

Калмыцкий государственный университет

им. Б.Б. Городовикова, г. Элиста

Чимидова С.Ю., студент

Калмыцкий государственный университет

им. Б.Б. Городовикова, г. Элиста

МИКРОБИОМ СОБАК И КОШЕК

Аннотация. Микробиом — это удивительная экосистема микроорганизмов, населяющих организмы различных живых существ. Каждый вид имеет свой уникальный микробиом, специфический для его физиологии и стиля жизни. В данной статье дан обзор важнейших функций микробиома собак и кошек, рассматривается его влияние на их здоровье и общее благополучие.

Ключевые слова: микробиом, микробиота кишечника, дисбиоз, энтеропатии собак и кошек.

UDC 619

DOI: 10.53315/2949-1231-2023-2-3-37-43

***Mashtykov S.S.**, Candidate of Biological Sciences, Associate Professor
Kalmyk State University named after B.B. Gorodovikov, g. Elista,
Gendzhiev A.Y., Candidate of Biological Sciences, Associate Professor
Kalmyk State University named after B.B. Gorodovikov, g. Elista,
Goryaeva A.V., assistant
Kalmyk State University named after B.B. Gorodovikov, g. Elista,
Mashtykov D.S., student
Kalmyk State University named after B.B. Gorodovikov, g. Elista,
Chimidova S.Y., student
Kalmyk State University named after B.B. Gorodovikov, g. Elista,*

MICROBIOME OF DOGS AND CATS

Annotation. The microbiome is an amazing ecosystem of microorganisms that inhabit the bodies of various living creatures. Each species has its own unique microbiome, specific to its physiology and lifestyle. This article provides an overview of the most important functions of the canine and feline microbiome and examines the impact on their health and overall well-being.

Key words: microbiome, intestinal microbiota, dysbiosis, enteropathy of dogs and cats.

ВВЕДЕНИЕ

На сегодняшний день доказано, что микробиом кишечника собак и кошек оказывает огромное влияние на обмен веществ у хозяев, иммунную систему. Современный уровень развития науки позволяет нам раскрыть спектр ранее неизвестных некультивируемых бактерий. Большинство из них относятся к пяти типам: Actinobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes, Fusobacteria, Proteobacteria. Хотя есть вариации в составе микробиома вдоль желудочно-кишечного тракта, большинство исследователей изучают микробиоту кала.

МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

Сведения получены благодаря обзору научных статей зарубежных авторов в рецензируемых высокорейтинговых периодических изданиях.

РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

У практикующих ветврачей во всем мире особый интерес представляют изменения в микробиоме больных животных. Например, у собак воспаление кишечника, хроническое или острое, связано с существенными различиями в составе кишечной микробиоты. Изменения или дисбаланс в ней влияют на иммунную функцию, и стратегии манипуляции микробиомом кишечника могут быть полезными для болезней, связанных с ЖКТ. По этой причине интересно применение в ветеринарной практике трансплантации микробиоты кала, которая может быть перспективным инструментом для помощи в восстановлении после дисбиоза. Микробиом у собак имеет противовоспалительную функцию, при этом способен быстро реагировать на инфекции [2]. Исследования, проведенные с использованием бактериальных культур или молекулярных методов, согласуются в том, что количество и разнообразие бактерий увеличиваются вдоль тракта [3]. Первоначальные исследования с использованием бактериологических культур показали, что количественная нагрузка бактерий в тонком кишечнике у здоровых собак ниже, чем в ободочной кишке, и общая нагрузка вдоль желудочно-кишечного тракта колеблется от 10² до 10¹¹ колониообразующих единиц (КОЕ) на грамм химуса [4,5]. Молекулярные методы позволили выявить некультивируемые бактерии, присутствующие в желудочно-кишечном тракте собаки, и теперь оценки общей микробной нагрузки колеблются в диапазоне от 10¹² до 10¹⁴, что примерно в 10 раз больше числа клеток, присутствующих в организме хозяина [6]. Микробные сообщества вдоль тракта меняются в зависимости от микросреды и физиологических функций каждого отдела кишечника. Например, в тонком кишечнике обитает смесь аэробных и факультативно анаэробных бактерий, в то время как ободочная кишка практически полностью колонизирована анаэробами. Вдоль желудочно-кишечного тракта бактериальные последовательности обычно относятся к одной из пяти групп: Firmicutes, Fusobacteria, Bacteroidetes, Proteobacteria и Actinobacteria [3, 7]. Различия в обилии таксонов вдоль желудочно-кишечного тракта отражаются в производстве и потреблении различных метаболитов. Вдоль тракта концентрация большинства метаболитов либо увеличивается, либо уменьшается постепенно, хотя некоторые могут внезапно снижаться в конце, а иногда даже осциллировать вдоль тракта [7]. Метаболомика, то есть изучение метаболитов, представляет собой новое направление исследований, которое анализирует метаболические обмены между организмом-хозяином и микробиомом. Данные метаболомики можно считать дополнительными к данным метагеномики при изучении микробиома кишечника, и они позволяют ученым перейти от вопроса

«какие микроорганизмы присутствуют?», возможно, к более актуальному вопросу — «что они делают?» Несмотря на вариации таксонов вдоль желудочно-кишечного тракта, образцы из конкретных участков тракта трудно получить, и поэтому большинство клинических исследований сосредотачиваются на микробиоте кала. Собачьи и кошачьи образцы кала надежно содержат большую часть соответствующих таксонов, в отличие от людей, у которых наиболее значимые таксоны тесно связаны со слизью [8].

Эти результаты могут быть обусловлены анатомией желудочно-кишечного тракта собак и кошек, который короче, чем у человека, и характеризуется более быстрым временем прохождения, что облегчает исследование микробиома кишечника у собак и кошек. Хотя в различных исследованиях наблюдаются вариации в составе, важно отметить, что независимо от используемых методов в фекальных образцах здоровых собак постоянно присутствуют ключевые виды бактерий, это указывает на наличие основного фекального бактериального сообщества. Фекальный микробиом здоровых собак и кошек совместно доминируется тремя типами: *Fusobacterium*, *Bacteroidetes* и *Firmicutes* [9,10].

Обзор литературы позволил увидеть широкие вариации в процентах конкретных бактериальных таксонов. Важно помнить, что методы секвенирования и анализа данных постоянно развиваются, и многие из этих вариаций можно объяснить различными методами секвенирования и/или анализа данных. Даже различная глубина секвенирования (т.е. количество последовательностей на образец) может снизить схожесть данных, и новые методы значительно увеличили количество последовательностей на образец, которые можно получить. Кроме того, существуют индивидуальные вариации в профиле микробиома [11,12], и их следует учитывать особенно при экстраполяции результатов из небольших групп образцов. Внутри этого основного бактериального сообщества многие основные таксоны принадлежат *Firmicutes*. Бактериальный класс *Clostridia* постоянно входит в число наиболее обильных таксонов и доминируется тремя кластерами *Clostridium*: IV (например, семейство *Ruminococcaceae*, *Faecalibacterium prausnitzii*), XI (например, семейство *Peptostreptococcaceae*) и XIVa.

Зачастую практикующие ветеринарные врачи, применяя антибиотики, не задумываются о микрофлоре пищеварительного тракта. Поэтому необходимо обратить внимание коллег на эту проблему, побудить их поменять свои подходы к диагностике и лечению гастроэнтерологических пациентов. В медицине человека уже доказано, что состав микробиома людей, страдающих аутизмом, депрессией, ожирением, артериальной гипертензией отличается от микробиома здоровых людей. Причем при изменении микробиома наблюдается улучшение состояния больных. Исследования в области ветеринарной медицины также доказали взаимосвязь между составом микробиоты и хроническими энтеропатиями, ожирением, прогрессированием хронической болезни почек собак. Общеизвестно, что на микробиом влияют диета и антибиотики. Поскольку у микробиома очень много полезных функций, при нарушении его состава возможна выработка эндотоксинов, развитие воспаления. Продуцируемые микробиомом короткоцепочечные жирные кислоты (КЦЖК) могут привести к изменению чувства насыщения. Влияние на метаболизм желчных кислот может спровоцировать нарушение жирового и углеводного обмена. Большое количество исследований было проведено в рамках изучения влияния диеты кошек и собак на состав микробиома. Хотя взаимосвязь выявлена, все же не ясно, что первично в этой связке. А изменения свойств микробиома становятся причиной усугубления хронической болезни почек. Изменение проницаемости кишечника и его моторики, а также высвобождение энтероэндокринных пептидов находятся под контролем кишечной микробиоты. Учитывая тот факт, что 90% волокон блуждающего нерва несут

информацию от ЖКТ к головному мозгу, проведены исследования микробиома агрессивных и неагрессивных собак. Разница оказалась существенной. Необходимо сказать и о влиянии антибиотиков. Принято считать, что микробиота быстро восстанавливается, однако это не так. Например, использование ципрофлоксацина в течение 7 дней приводит к ее угнетению на 6 месяцев. Если он используется в комбинации с метронидазолом и ванкомицином — на 30 месяцев. Расположение микроорганизмов в ЖКТ неравномерно.

Воспаление кишечника также может быть вызвано дисбиозом кишечника из-за нарушения метаболизма желчных кислот, который наблюдается как у собак, так и у людей. Желчные кислоты (ЖК) необходимы для переваривания липидов, но также они играют роль в защите слизистой оболочки и обладают противовоспалительными свойствами. Бактерии в просвете кишечника ответственны за деконъюгацию и дегидроксилирование ЖК, поэтому дисбиоз может нарушать продукцию вторичной ЖК. Хронические кишечные заболевания также могут снижать экспрессию апикального натрий-зависимого переносчика желчных кислот (ASBT), которые необходимы для реабсорбции конъюгированной первичной ЖК. В совокупности эти результаты указывают на то, что дисбиоз и воспаление кишечника могут существенно нарушать метаболизм ЖК, что, в свою очередь, может дополнительно стимулировать воспаление кишечника.

Дисбиоз наблюдается при многих патологиях, как локальных, внутри желудочно-кишечного тракта, так и системных. Хотя недавние работы выходят за рамки этого обзора, недавние исследования связывают дисбактериоз с ожирением, метаболическими заболеваниями, раком, неврологическими дисфункциями и многими другими как у собак, так и у людей. Однако следует проявлять осторожность при интерпретации этих результатов. Хотя при данных заболеваниях продемонстрирована связь с дисбактериозом, зачастую причинно-следственная связь еще не доказана, и дисбиоз может быть симптомом патологического процесса.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Микробиом у собак и кошек представляет собой сложную систему микроорганизмов, которые играют фундаментальную роль в здоровье и жизнеспособности животных. Понимание функций микробиома позволяет нам разработать стратегии по улучшению его состава, что, безусловно, будет способствовать поддержанию их здоровья и долголетия.

Список литературы

1. O'Mahony SM, Clarke G, Borre YE, Dinan TG, Cryan JF. Serotonin, tryptophan metabolism and the brain-gut-microbiome axis. *Behav Brain Res.* (2015) 277:32–48. doi: 10.1016/j.bbr.2014.07.027
2. Tizard IR, Jones SW. The microbiota regulates immunity and immunologic diseases in dogs and cats. *Vet Clin North Am Small Anim Pract.* (2018) 48:307–22. doi: 10.1016/j.cvsm.2017.10.008
3. Suchodolski JS, Camacho J, Steiner JM. Analysis of bacterial diversity in the canine duodenum, jejunum, ileum, and colon by comparative 16S rRNA gene analysis. *FEMS Microbiol Ecol.* (2008) 66:567–78. doi: 10.1111/j.1574-6941.2008.00521.x
4. German AJ, Day MJ, Ruaux CG, Steiner JM, Williams DA, Hall EJ. Comparison of direct and indirect tests for small intestinal bacterial overgrowth and antibiotic-responsive diarrhea in dogs. *J Vet Intern Med.* (2003) 17:33–43. doi: 10.1111/j.1939-1676.2003.tb01321.x
5. Mentula S, Harmoinen J, Heikkilä M, Westermarck E, Rautio M, Huovinen P, et al. Comparison between cultured small-intestinal and fecal microbiotas in beagle dogs. *Appl Environ Microbiol.* (2005) 71:4169–75. doi: 10.1128/AEM.71.8.4169-4175.2005

6. Suchodolski JS. Intestinal microbiota of dogs and cats: a bigger world than we thought. *Vet Clin North Am Small Anim Pract.* (2011) 41:261–72. doi: 10.1016/j.cvsm.2010.12.006
7. Honneffer JB, Steiner JM, Lidbury JA, Suchodolski JS. Variation of the microbiota and metabolome along the canine gastrointestinal tract. *Metabolomics.* (2017) 13:26. doi: 10.1007/s11306-017-1165-3
8. Vazquez-Baeza Y, Hyde ER, Suchodolski JS, Knight R. Dog and human inflammatory bowel disease rely on overlapping yet distinct dysbiosis networks. *Nat Microbiol.* (2016) 1:16177. doi: 10.1038/nmicrobiol.2016.177
9. Middelbos IS, Vester Boler BM, Qu A, White BA, Swanson KS, Fahey GC Jr. Phylogenetic characterization of fecal microbial communities of dogs fed diets with or without supplemental dietary fiber using 454 pyrosequencing. *PLoS ONE.* (2010) 5:e9768. doi: 10.1371/journal.pone.0009768
10. Hand D, Wallis C, Colyer A, Penn CW. Pyrosequencing the canine faecal microbiota: breadth and depth of biodiversity. *PLoS ONE.* (2013) 8:e53115. doi: 10.1371/journal.pone.0053115
11. Nicole S Kirchoff 1, Monique A R Udell 2, Thomas J Sharpton The gut microbiome correlates with conspecific aggression in a small population of rescued dogs (*Canis familiaris*)

References

1. O'Mahony SM, Clarke G, Borre YE, Dinan TG, Cryan JF. Serotonin, tryptophan metabolism and the brain-gut-microbiome axis. *Behav Brain Res.* (2015) 277:32–48. doi: 10.1016/j.bbr.2014.07.027
2. Tizard IR, Jones SW. The microbiota regulates immunity and immunologic diseases in dogs and cats. *Vet Clin North Am Small Anim Pract.* (2018) 48:307–22. doi: 10.1016/j.cvsm.2017.10.008
3. Suchodolski JS, Camacho J, Steiner JM. Analysis of bacterial diversity in the canine duodenum, jejunum, ileum, and colon by comparative 16S rRNA gene analysis. *FEMS Microbiol Ecol.* (2008) 66:567–78. doi: 10.1111/j.1574-6941.2008.00521.x
4. German AJ, Day MJ, Ruaux CG, Steiner JM, Williams DA, Hall EJ. Comparison of direct and indirect tests for small intestinal bacterial overgrowth and antibiotic-responsive diarrhea in dogs. *J Vet Intern Med.* (2003) 17:33–43. doi: 10.1111/j.1939-1676.2003.tb01321.x
5. Mentula S, Harmoinen J, Heikkilä M, Westermarck E, Rautio M, Huovinen P, et al. Comparison between cultured small-intestinal and fecal microbiotas in beagle dogs. *Appl Environ Microbiol.* (2005) 71:4169–75. doi: 10.1128/AEM.71.8.4169-4175.2005
6. Suchodolski JS. Intestinal microbiota of dogs and cats: a bigger world than we thought. *Vet Clin North Am Small Anim Pract.* (2011) 41:261–72. doi: 10.1016/j.cvsm.2010.12.006
7. Honneffer JB, Steiner JM, Lidbury JA, Suchodolski JS. Variation of the microbiota and metabolome along the canine gastrointestinal tract. *Metabolomics.* (2017) 13:26. doi: 10.1007/s11306-017-1165-3
8. Vazquez-Baeza Y, Hyde ER, Suchodolski JS, Knight R. Dog and human inflammatory bowel disease rely on overlapping yet distinct dysbiosis networks. *Nat Microbiol.* (2016) 1:16177. doi: 10.1038/nmicrobiol.2016.177
9. Middelbos IS, Vester Boler BM, Qu A, White BA, Swanson KS, Fahey GC Jr. Phylogenetic characterization of fecal microbial communities of dogs fed diets with or without supplemental dietary fiber using 454 pyrosequencing. *PLoS ONE.* (2010) 5:e9768. doi: 10.1371/journal.pone.0009768

10. Hand D, Wallis C, Colyer A, Penn CW. Pyrosequencing the canine faecal microbiota: breadth and depth of biodiversity. PLoS ONE. (2013) 8:e53115. doi: 10.1371/journal.pone.0053115

11. Nicole S Kirchoff 1, Monique A R Udell 2, Thomas J Sharpton The gut microbiome correlates with conspecific aggression in a small population of rescued dogs (*Canis familiaris*)