



Review Paper

The Rumen Microbial Ecosystem in Sheep: The Association of Microbial Populations with Health and Production Efficiency

Seyedeh Hamideh Hosseini^{*1}, Omid Jangjou², Hassan Saleh³

1- Graduate Ph.D Student of Animal Nutrition, Animal Science Department, Faculty of Agriculture, University of Zabol, Zabol, I.R. Iran, Hamideh.Hosseini98@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0008-1089-6863>

2- Graduate Master Student of Poultry Nutrition, Department Animal Science, University of Saravan, Saravan, Sistan and Baluchestan, I.R. Iran, omidjangjou@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-1212-1200>

3- Associate Professor of Poultry Nutrition, Department Animal Science, University of Saravan, Saravan, Sistan and Baluchestan, I.R. Iran, hsaleh.um@gmail.com, <http://orcid.org/0000-0002-7124-3216>

Article Info

Article type:

Review Article

Article history:

Received: 16 March 2026

Accepted: 5 June 2026

Published online: Spring 2026

Keywords: Probiotics,
Productive performance,
Rumen microbial population,
Sheep health

ABSTRACT

The rumen microbial population, as a complex and dynamic ecosystem, plays a pivotal role in the health and productive efficiency of sheep. This review aimed to comprehensively evaluate the role of the rumen microbial population in sheep performance, health, and production, identify factors affecting its composition and activity, and examine management strategies for modulating this microbial community. In this study, research conducted over recent decades was reviewed to assess the importance and composition of the rumen microbial population and the factors affecting its dynamics. In addition, strategies for modulating the microbial population, including probiotics, prebiotics, yeasts, plant essential oils, and novel technologies such as microbial population transfer, were considered. The findings indicated that the rumen microbial population plays an important role in nutrient utilization and, consequently, growth, feed conversion ratio, carcass characteristics, and milk production through the fermentation of feed components, fiber digestion, protein metabolism, volatile fatty acid production, and microbial protein supply. Maintaining a balanced microbial population is associated with stable fermentation conditions and animal health and may help reduce the risk of disorders such as acidosis and bloat. However, inter-individual variation, the complexity of microbial interactions, and differences in animals' responses to nutritional interventions remain important challenges for targeted management of this community. Therefore, understanding the factors affecting the structure and activity of the rumen microbial population and the targeted application of nutritional and management strategies, particularly feed additives and bioactive compounds, may improve nutrient utilization, maintain animal health, and enhance sustainable productivity in sheep, while providing a basis for more precise management of this ecosystem.

Cite this article: Hosseini, SH., Jangjou, O & Saleh, H. (2026). The Rumen Microbial Ecosystem in Sheep: The Association of Microbial Populations with Health and Production Efficiency. *Journal of Livestock Research*, 8 (1), 91-110. DOI: 10.22077/jlr.2026.11914.1066

Publisher: The University of Birjand Press.

DOI: <https://doi.org/10.22077/jlr.2026.11914.1066>

Extended Abstract**Introduction**

The rumen microbiome is a complex and dynamic ecosystem that plays a central role in sheep health and production. It consists mainly of bacteria, archaea, anaerobic fungi, and protozoa that interact with each other and with the host. Through microbial fermentation, plant structural carbohydrates are degraded and converted into volatile fatty acids (VFAs), while dietary nitrogen is transformed into microbial protein. These processes contribute substantially to nutrient supply, host metabolism, and animal production. This review aimed to examine the effects of the rumen microbiome on sheep health and production, identify major factors influencing its composition and activity, and evaluate nutritional and technological strategies for its targeted management.

Bacteria constitute the dominant microbial group in the rumen, with genera such as *Prevotella*, *Ruminococcus*, *Fibrobacter*, and *Butyrivibrio* contributing to carbohydrate degradation, protein metabolism, and VFA production. Anaerobic fungi, including *Neocallimastix* and *Pecoramyces*, contribute to the degradation of lignocellulosic plant tissues through their extensive enzymatic activity. Protozoa participate in feed particle degradation, bacterial predation, fermentation, and nitrogen metabolism. Methanogenic archaea, particularly members of *Methanobrevibacter*, consume hydrogen and carbon dioxide and produce methane, thereby contributing to redox balance but also to greenhouse gas emissions. The coordinated activity of these microbial groups supports fiber digestion, microbial protein synthesis, VFA production, and energy supply to the host.

Rumen microbial colonization begins shortly after birth and changes substantially during early development. The introduction of solid feed and progressive rumen maturation lead to the establishment of an adult-like microbial community. Host breed and genetics also contribute to microbial variation, and some microbial traits and rumen enterotypes appear to have a genetic component. Among environmental factors, diet is one of the most important determinants of rumen microbial composition. High-concentrate diets stimulate rapid fermentation of non-structural carbohydrates, increase propionate production, and may reduce ruminal pH and increase the risk of subacute ruminal acidosis (SARA). In contrast, forage-rich diets generally support fibrolytic microorganisms and fiber degradation. Heat stress can also alter microbial composition, fermentation patterns, feed intake, and nutrient metabolism. Feed additives, including probiotics, yeasts, and phytochemical compounds, may further modify the rumen microbial ecosystem.

The rumen microbiome contributes directly to nutrient availability and animal production through fiber digestion, protein metabolism, and VFA synthesis. Acetate, propionate, and butyrate represent the major VFAs produced during fermentation and serve important metabolic functions. Propionate is a major precursor for hepatic gluconeogenesis, whereas butyrate contributes to rumen epithelial development and energy metabolism. Microbial protein provides an important source of absorbable amino acids after passage to the small intestine. Microbial lipid metabolism and biohydrogenation can also influence the fatty acid profile of meat and milk.

Beyond nutrition, the rumen microbiome interacts with the host immune system and contributes to mucosal homeostasis. Microbial metabolites and microbial-associated molecular patterns can influence epithelial integrity, inflammatory pathways, and immune responses. Dysbiosis may disrupt rumen stability and increase the risk of digestive and metabolic disorders. SARA is particularly associated with high-concentrate feeding and shifts toward starch- and lactate-producing microorganisms. Such alterations can reduce ruminal pH, suppress some fibrolytic populations, and disturb normal fermentation. Methanogenesis represents another important microbial process; although it contributes to hydrogen disposal and fermentation stability, methane formation is associated with energy loss and environmental emissions.

Dietary management is one of the most practical approaches for maintaining a stable rumen microbiome. Appropriate forage-to-concentrate ratios, gradual dietary changes, and balanced nutrient supply can help prevent excessive fermentation disturbances. Probiotics, including *Saccharomyces cerevisiae*, *Bacillus* spp., and lactic acid bacteria, have been investigated for their ability to stabilize ruminal conditions and support beneficial microbial populations. Yeast products may stimulate fibrolytic and lactate-utilizing microorganisms, whereas prebiotics and synbiotics may support the establishment and activity of beneficial microbial communities. Phytochemical compounds and essential oils can also modify microbial populations and fermentation pathways and may contribute to reduced methane production. However, responses vary according to additive type, dose, diet, and experimental conditions.

Emerging technologies provide new opportunities for targeted microbiome manipulation. Rumen microbiota transplantation (RMT) has been proposed as a strategy for modifying microbial communities and restoring microbial stability, although its long-term effectiveness and consistency require further investigation. Next-generation sequencing, metagenomics, metatranscriptomics, metaproteomics, and metabolomics have improved the characterization of rumen microbial structure and function and can help identify microbial pathways associated with health, nutrient metabolism, and methane production.

Despite substantial progress, high inter-animal variation and complex interactions among the host, microbiome, diet, and environment remain major challenges. Differences in experimental conditions and farm management can also limit the reproducibility of microbiome-based interventions. Antibiotic use may alter microbial communities and contribute to antimicrobial resistance, emphasizing the importance of sustainable alternatives. Future research should integrate multi-omics data with host genetics, nutrition, and production information to identify reliable microbial biomarkers and develop more precise interventions. Precision microbiome management may ultimately allow nutritional and microbial strategies to be adapted to specific animals and production systems.

Conclusion

The rumen microbiome is a fundamental biological component of sheep health and production. Its microorganisms contribute to fiber digestion, protein metabolism, VFA production, immune regulation, lipid metabolism, and methane formation. Age, genetics, diet, environmental stress, and feed additives shape this ecosystem and consequently influence its interaction with the host. Targeted nutritional management, probiotics, yeasts, phytochemical compounds, and emerging microbiome technologies offer promising approaches for maintaining rumen stability and supporting sustainable sheep production. Further validation under practical farm conditions is necessary to translate microbiome-based knowledge into reliable management strategies.

Keywords: Probiotics, Productive performance, Rumen microbial population, Sheep health

Author Contributions

Seyyede Hamideh Hosseini: Conceptualization and study design, literature search and data collection, analysis and interpretation of the literature, drafting the manuscript, and final editing.

Omid Jangju: Literature search and review, analysis and interpretation of the literature, and critical revision of the manuscript.

Hassan Saleh: Scientific supervision, interpretation of the literature, and critical revision and final editing of the manuscript.

All authors have read and agreed to the published version of the manuscript. "All authors contributed to the conceptualization of the article and writing of the original and subsequent drafts."

Data Availability Statement

Data available on request from the authors.

Conflict of interest

The authors have no competing interests.

AI Tools

The authors would like to acknowledge the use of AI tools for language editing in this manuscript.

اکوسیستم میکروبی شکمبه گوسفند: ارتباط جمعیت میکروبی با سلامت و بهره‌وری تولید

سیده حمیده حسینی^{۱*}، امید جنگجو^۲، حسن صالح^۳

۱- دانش آموخته دکتری تغذیه دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، ایران. Hamideh.Hosseini98@gmail.com
۲- دانش آموخته کارشناسی ارشد تغذیه طیور، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه سراوان، سراوان، ایران.omidjangjou@gmail.com
۳- دانشیار تغذیه طیور، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه سراوان، سراوان، ایران. hsaleh.um@gmail.com

چکیده

اطلاعات مقاله

نوع مقاله:

مقاله مروری

جمعیت میکروبی شکمبه به‌عنوان یک اکوسیستم پیچیده و پویا، نقشی محوری در سلامت و بهره‌وری تولیدی گوسفند ایفا می‌کند. این مقاله با هدف بررسی جامع نقش جمعیت میکروبی شکمبه در عملکرد، سلامت و تولید گوسفند، شناسایی عوامل مؤثر بر ترکیب و فعالیت آن و بررسی راهکارهای مدیریتی برای تعدیل این جامعه میکروبی انجام شد. در این مطالعه، پژوهش‌های انجام‌شده در دهه‌های اخیر، اهمیت و ترکیب جمعیت میکروبی شکمبه و عوامل مؤثر بر پویایی بررسی شد. همچنین، راهکارهای تعدیل جمعیت میکروبی، از جمله پروبیوتیک‌ها، پری‌بیوتیک‌ها، مخمرها، اسانس‌های گیاهی و فناوری‌های نوین مانند انتقال جمعیت میکروبی، مورد توجه قرار گرفتند. نتایج نشان داد که جمعیت میکروبی شکمبه از طریق تخمیر اجزای خوراک، هضم فیبر، متابولیسم پروتئین، تولید اسیدهای چرب فرار و تأمین پروتئین میکروبی، نقش مهمی در استفاده از مواد مغذی و در نتیجه رشد، ضریب تبدیل خوراک، ویژگی‌های لاشه و تولید شیر دارد. حفظ تعادل این جمعیت با پایداری شرایط تخمیر و سلامت دام ارتباط داشته و می‌تواند در کاهش خطر اختلالاتی مانند اسیدوز و نفخ مؤثر باشد. با این حال، تنوع بین‌فردی، پیچیدگی تعاملات میکروبی و تفاوت پاسخ دام‌ها به مداخلات تغذیه‌ای، چالش‌هایی مهم در مدیریت هدفمند این جامعه هستند. بنابراین، شناخت عوامل مؤثر بر ساختار و فعالیت جمعیت میکروبی شکمبه و به‌کارگیری هدفمند راهکارهای تغذیه‌ای و مدیریتی، به‌ویژه افزودنی‌های خوراکی و ترکیبات زیست‌فعال، می‌تواند به بهبود استفاده از مواد مغذی، حفظ سلامت و افزایش بهره‌وری پایدار در گوسفند کمک کند و زمینه را برای مدیریت دقیق‌تر این اکوسیستم فراهم سازد.

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۱۲/۲۵

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۳/۱۵

تاریخ انتشار: بهار ۱۴۰۵

واژگان کلیدی:

پروبیوتیک‌ها، سلامت گوسفند، عملکرد تولیدی، جمعیت میکروبی شکمبه

استناد: حسینی، سیده حمیده؛ جنگجو، امید و صالح، حسن (۱۴۰۵). اکوسیستم میکروبی شکمبه گوسفند: ارتباط جمعیت میکروبی با سلامت و بهره‌وری تولید. مجله تحقیقات دام و طیور، دوره ۸، شماره ۱، ۹۱-۱۱۰.
DOI:10.22077/jlr.2026.11914.1066

مقدمه

صنعت پرورش گوسفند به عنوان یکی از مهم‌ترین زیربخش‌های دامپروری، نقش کلیدی در تأمین پروتئین حیوانی، اشتغال‌زایی و اقتصاد جوامع روستایی ایفا می‌کند. با افزایش جمعیت جهان و تقاضا برای محصولات دامی، بهبود بهره‌وری تولید در گوسفند، همراه با حفظ سلامت دام و کاهش اثرات زیست‌محیطی، به یکی از چالش‌های اساسی پژوهش‌های دامپروری تبدیل شده است. در این میان، جمعیت میکروبی شکمبه به عنوان یک اکوسیستم پیچیده و پویا، نقشی محوری در تعیین کارایی تولید، وضعیت سلامت و پایداری زیست‌محیطی سیستم‌های پرورش گوسفند ایفا می‌کند.

شکمبه، بزرگترین بخش دستگاه گوارش نشخوارکنندگان، میزبان جمعیت عظیمی از میکروارگانیسم‌ها شامل باکتری‌ها، متانوژن‌ها، قارچ‌ها و پروتوزوآها است که در همزیستی با میزبان، وظیفه تخمیر مواد گیاهی و تبدیل آنها به ترکیبات قابل جذب مانند اسیدهای چرب فرار و پروتئین میکروبی را بر عهده دارند (Bevilacqua et al., 2025; Majhi et al., 2024). این فرآیند تخمیری، تأمین‌کننده ۷۰ تا ۸۰ درصد از انرژی مورد نیاز گوسفند است و به طور مستقیم بر عملکرد تولیدی و سلامت دام تأثیر می‌گذارد (Shinkai et al., 2024).

پژوهش‌های دهه اخیر با بهره‌گیری از فناوری‌های پیشرفته درک ما را از تنوع و کارکرد جمعیت میکروبی شکمبه به طور چشمگیری افزایش داده‌اند (Akanmu et al., 2023).

علیرغم پیشرفت‌های قابل توجه، هنوز شکاف‌های دانشی مهمی در زمینه چگونگی تأثیرگذاری دقیق جمعیت میکروبی بر عملکرد و سلامت گوسفند، و نیز راهکارهای عملی و مؤثر برای مدیریت هدفمند آن وجود دارد. بسیاری از پژوهش‌ها بر روی گاوهای شیری متمرکز بوده و مطالعات جامع و یکپارچه در مورد گوسفند، به‌ویژه در سیستم‌های پرورشی مختلف، محدود است. از این رو، این مقاله مروری با هدف بررسی جامع تأثیر جمعیت میکروبی شکمبه بر عملکرد، سلامت و تولید گوسفند، شناسایی عوامل مؤثر بر ترکیب و فعالیت آن، و ارائه راهکارهای مدیریتی مبتنی بر دانش روز انجام شده است. در این راستا، این مرور به دنبال پاسخ به چند پرسش کلیدی است: ۱) جمعیت میکروبی شکمبه چگونه بر عملکرد تولیدی و سلامت گوسفند تأثیر می‌گذارد؟ ۲) چه عوامل تغذیه‌ای، ژنتیکی، محیطی و مدیریتی موجب تغییر در ترکیب و فعالیت این جمعیت می‌شوند؟ ۳) تغییرات جمعیت میکروبی چه ارتباطی با بهره‌وری خوراک، متابولیسم مواد مغذی و تولید متان دارند؟ و ۴) کدام راهکارهای مدیریتی و تغذیه‌ای می‌توانند به‌طور مؤثر و پایدار جمعیت میکروبی شکمبه را در جهت بهبود عملکرد و سلامت گوسفند تعدیل کنند؟

جمعیت میکروبی شکمبه در گوسفند

جمعیت میکروبی شکمبه به مجموعه کامل میکروارگانیسم‌ها شامل: باکتری‌ها، متانوژن‌ها، قارچ‌ها و پروتوزوآها و مواد ژنتیکی آنها اطلاق می‌شود که در محیط شکمبه زندگی می‌کنند (Li et al., 2018). این اکوسیستم میکروبی با میزبان خود در یک رابطه همزیستی متقابل قرار دارد؛ به طوری که میکروارگانیسم‌ها با تخمیر مواد لیگنوسلولزی، انرژی و پروتئین مورد نیاز میزبان را تأمین می‌کنند و در مقابل، میزبان محیطی بی‌هوازی، با دمای ثابت و تأمین مداوم مواد مغذی را برای آنها فراهم می‌سازد (Matthews et al., 2019). اهمیت جمعیت میکروبی شکمبه فراتر از هضم غذا است و امروزه به‌عنوان یک جزء کلیدی در تنظیم کارایی خوراک، متابولیسم، توسعه سیستم ایمنی و حتی برخی پاسخ‌های فیزیولوژیک میزبان شناخته می‌شود (Mizrahi & Jami, 2018). اختلال در تعادل این اکوسیستم می‌تواند موجب کاهش قابلیت هضم مواد مغذی، کاهش کارایی خوراک، افزایش حساسیت به اختلالات متابولیکی و در نهایت کاهش عملکرد تولیدی دام شود (Liu et al., 2021a).

پژوهش‌های اخیر (جدول ۱) با استفاده از روش‌های توالی‌یابی و متاژنومیک، شناخت دقیق‌تری از ساختار و عملکرد جوامع میکروبی شکمبه گوسفند فراهم کرده‌اند. این مطالعات نشان داده‌اند که باکتری‌ها، متانوزن‌ها، پروتوزوآ و قارچ‌های بی‌هوازی به‌صورت یک جامعه پیچیده و پویا در تجزیه خوراک، تولید متابولیت‌های تخمیری و تأمین مواد مغذی مورد نیاز میزبان مشارکت دارند.

جدول ۱- خلاصه گروه‌های اصلی میکروارگانیسم‌های شکمبه و نقش آنها

Table 1- Summary of major rumen microbial groups and their roles

منابع به‌روز	نقش اصلی در شکمبه	جنس‌ها/گونه‌های شاخص	گروه میکروبی
(Ma et al., 2025; Su et al., 2022; Wu et al., 2024)	تخمیر کربوهیدرات‌ها، تجزیه فیبر و نشاسته، تولید اسیدهای چرب فرار و مشارکت در تولید پروتئین میکروبی	<i>Prevotella</i> , <i>Ruminococcus</i> , <i>Fibrobacter</i> , <i>Butyrivibrio</i> , <i>Treponema</i>	باکتری‌ها
(Ma et al., 2025; Su et al., 2022)	تجزیه سلولز و همی سلولز و تسهیل دسترسی به کربوهیدرات‌های ساختاری گیاه	<i>Ruminococcus</i> , <i>Fibrobacter</i> , <i>Treponema</i>	باکتری‌های فیبرولیتیک
(Su et al., 2022; Wu et al., 2024)	تجزیه پروتئین و کربوهیدرات‌های غیرساختاری و تولید متابولیت‌های تخمیری	<i>Prevotella</i>	باکتری‌های تخمیرکننده نشاسته و پروتئین
(Guo et al., 2025)	مصرف H_2 و CO_2 و تولید متان و مشارکت در تعادل هیدروژن شکمبه	<i>Methanobrevibacter</i> , <i>Methanosphaera</i> , <i>Methanomicrobium</i>	متانوزن‌ها
(Ma et al., 2025)	مصرف نشاسته و باکتری‌ها و مشارکت در تخمیر و چرخه نیتروژن	<i>Entodinium</i> و سایر مؤکداران	پروتوزوآ
(Ma et al., 2025)	تجزیه ساختارهای لیگنوسلولزی و تسهیل دسترسی باکتری‌ها به فیبر	<i>Neocallimastix</i> , <i>Piromyces</i> , <i>Anaeromyces</i>	قارچ‌های بی‌هوازی
(Ma et al., 2025; Wu et al., 2024)	تخمیر کربوهیدرات‌ها و تولید بوتیرات و سایر اسیدهای چرب فرار	<i>Butyrivibrio</i> , <i>Roseburia</i> و برخی اعضای <i>Lachnospiraceae</i>	باکتری‌های تولیدکننده بوتیرات

باکتری‌ها فراوان‌ترین و مهم‌ترین گروه میکروبی شکمبه هستند و بیش از ۹۰ درصد از جمعیت میکروبی را تشکیل می‌دهند. شاخه‌های غالب باکتریایی در شکمبه گوسفند شامل *Bacteroidetes* (حدود ۵۱ درصد) و *Firmicutes* (حدود ۲۸ درصد) هستند (Albakri et al., 2023). در سطح جنس، *Prevotella* به عنوان یکی از مهم‌ترین و فراوان‌ترین جنس‌های باکتریایی در شکمبه نشخوارکنندگان شناسایی شده است. این جنس نقش کلیدی در هضم پروتئین و کربوهیدرات‌های غیرفیبری دارد (Betancur-Murillo et al., 2022). جنس‌های مهم دیگر شامل *Ruminococcus*، *Fibrobacter* و *Butyrivibrio* هستند که به‌عنوان باکتری‌های سلولولیتیک شناخته شده و در تجزیه سلولز و همی سلولز دیواره سلولی گیاهان نقش اساسی دارند. در میان آن‌ها، گونه *Ruminococcus flavefaciens* یکی از کارآمدترین باکتری‌های تجزیه‌کننده فیبر در شکمبه محسوب می‌شود و سهم مهمی در هضم خوراک‌های علوفه‌ای دارد (Morais & Mizrahi, 2019). متانوزن‌ها حدود ۳ تا ۴ درصد از جمعیت میکروبی شکمبه را تشکیل می‌دهند، آنها، با مصرف هیدروژن و تولید متان، نقش مهمی در تعادل تخمیر شکمبه دارند. با وجود فراوانی نسبتاً پایین، تولید متان می‌تواند موجب اتلاف حدود ۲ تا ۱۲ درصد از انرژی ناخالص مصرفی در نشخوارکنندگان شود. بنابراین، فراوانی کم متانوزن‌ها در جمعیت میکروبی لزوماً به معنای اثر اندک آن‌ها بر بهره‌وری انرژی نیست؛ زیرا فعالیت متانوزن‌ها می‌تواند سهم قابل توجهی در اتلاف انرژی به شکل متان داشته باشد (K. A. Beauchemin et al., 2020).

قارچ‌های بی‌هوازی شکمبه، اگرچه بخش کوچکی از جمعیت میکروبی را تشکیل می‌دهند، به دلیل توانایی نفوذ به بافت‌های لیگنوسلولزی گیاه و تولید مجموعه گسترده‌ای از آنزیم‌های سلولاز و همی‌سلولاز، نقش مهمی در آغاز فرآیند تجزیه فیبر ایفا می‌کنند. این قارچ‌ها با نفوذ به دیواره سلولی گیاه، ساختار فیزیکی خوراک را تضعیف کرده و سطح بیشتری را برای کلونیزاسیون باکتری‌های فیبرولیتیک فراهم می‌کنند. جنس‌های *Neocallimastix* و *Pecoramyces* از مهم‌ترین قارچ‌های بی‌هوازی شناسایی شده در شکمبه گوسفند هستند و در تجزیه مواد لیگنوسلولزی و بهبود قابلیت هضم علوفه‌های کم‌کیفیت نقش قابل توجهی دارند (Gruninger et al., 2014; Hanafy et al., 2022).

پروتوزوآها حدود ۲۰ تا ۵۰ درصد از زیست‌توده میکروبی شکمبه را تشکیل می‌دهند و عمدتاً شامل مژک‌داران (*Ciliates*) و تاژک‌داران (*Flagellates*) هستند. تاژک‌داران عمدتاً در نشخوارکنندگان تازه متولد شده مشاهده می‌شوند، اما با افزایش سن و تکامل اکوسیستم شکمبه، جمعیت آن‌ها کاهش یافته و مژک‌داران به گروه غالب پروتوزوایی تبدیل می‌شوند. استقرار پروتوزوآهای مژک‌دار معمولاً از هفته دوم زندگی آغاز شده و تحت تأثیر تماس با دام‌های بالغ و شرایط محیطی قرار دارد (Kenan Li et al., 2023b). پروتوزوآها با بلع ذرات خوراک (نشاسته و باکتری‌ها) در تنظیم تخمیر شکمبه، متابولیسم نیتروژن و تولید متان نقش مهمی ایفا می‌کنند (Newbold et al., 2015).

عوامل مؤثر بر ترکیب و فعالیت جمعیت میکروبی

سن و مرحله رشد

فرآیند کلنیزاسیون میکروبی شکمبه از بدو تولد آغاز شده و با تغییرات پویایی همراه است که می‌توان آن را به سه مرحله اصلی تقسیم کرد (Yáñez-Ruiz et al., 2015).

۱- **مرحله اولیه (۰ تا ۱۴ روزگی):** در روزهای نخست زندگی، شکمبه توسط باکتری‌های اولیه از جمله *Bacteroides*, *Ruminococcus*, *Eubacterium*, *Prevotella*, *Bifidobacterium* و *Clostridium* کلنیزه می‌شود. حتی در غیاب خوراک جامد، باکتری‌های سلولولیتیک نظیر *R. flavefaciens*, *Ruminococcus albus* و *R. ruminicola* در شکمبه شناسایی شده‌اند که نشان‌دهنده استقرار زودهنگام این میکروارگانیسم‌ها است (Fonty et al., 1987; Kenan Li et al., 2023a).

۲- **مرحله انتقالی (۱۴ تا ۳۰ روزگی):** با آغاز مصرف خوراک جامد و توسعه بافت شکمبه، ترکیب میکروبی دستخوش تغییرات قابل توجهی می‌شود. در این مرحله، فراوانی جنس‌هایی نظیر *Prevotella*, *Bacteroidales*, *Ruminobacter* و *Selenomonas* افزایش می‌یابد که در تخمیر نشاسته، پروتئین و سایر کربوهیدرات‌های قابل تخمیر نقش دارند (K. Li et al., 2023; Kenan Li et al., 2023a).

۳- **مرحله پایدار (از ۸ هفته‌گی به بعد):** با تکامل عملکردی شکمبه و آغاز نشخوار کامل، ساختار جمعیت میکروبی به تدریج به الگوی مشابه دام بالغ نزدیک می‌شود. این موضوع نشان می‌دهد که تغذیه و مدیریت در اوایل زندگی می‌تواند اثرات ماندگاری بر شکل‌گیری جمعیت میکروبی، سلامت و عملکرد آینده دام داشته باشد (Arshad et al., 2021).

ژنتیک

شواهد فزاینده نشان می‌دهد که ژنتیک میزبان نقش مهمی در شکل‌دهی ترکیب و عملکرد جمعیت میکروبی شکمبه دارد. مطالعات ژنومی گسترده در گوسفند نشان داده‌اند که بخشی از تنوع جمعیت میکروبی شکمبه تحت کنترل عوامل ژنتیکی میزبان قرار دارد و برخی از تاکسون‌های میکروبی دارای وراثت‌پذیری قابل اندازه‌گیری هستند (Roehe et al., 2016). علاوه بر این، در یک مطالعه بزرگ بر روی ۱۱۵۰ رأس گوسفند، وراثت‌پذیری انتروتایپ شکمبه حدود ۰/۴۷ برآورد شد و

پنج نشانگر ژنتیکی مرتبط با دو ژن *CHODL* و *ENPP6* شناسایی شد که با ساختار انتروتایپ‌های شکمبه و فراوانی چندین جنس باکتریایی ارتباط معنی‌دار داشتند. این یافته‌ها نشان می‌دهد که اصلاح ژنتیکی دام می‌تواند به‌عنوان ابزاری برای تعدیل غیرمستقیم جمعیت میکروبی شکمبه و بهبود صفات تولیدی مورد استفاده قرار گیرد (H. Wang et al., 2023; W. Wang et al., 2023; Zhang et al., 2025).

جیره و مدیریت تغذیه

جیره غذایی از مهم‌ترین عوامل تعیین‌کننده ساختار و فعالیت جمعیت میکروبی شکمبه گوسفند است. تغییر نسبت علوفه به کنسانتره می‌تواند تنوع و ترکیب باکتری‌های شکمبه و همچنین الگوی تخمیر را تغییر دهد؛ به‌طوری‌که افزایش سهم کنسانتره در برخی مطالعات با کاهش تنوع باکتریایی و تغییر فراوانی گروه‌هایی مانند *Prevotella* همراه بوده است (Liu et al., 2019). همچنین، تأمین مقدار کافی فیبر مؤثر، از طریق افزایش جویدن و حفظ *pH* مناسب شکمبه، به پایداری محیط میکروبی کمک می‌کند. مطالعه‌ای روی گوسفندان *Hu* نشان داد که افزایش *NDF* علوفه‌ای موجب افزایش *pH* شکمبه، کاهش شاخص اسیدوز و افزایش برخی باکتری‌های تجزیه‌کننده فیبر شد (Zhang et al., 2025). بنابراین، تنظیم مناسب نسبت علوفه به کنسانتره، تأمین فیبر کافی و اجتناب از تغییرات ناگهانی جیره، برای حفظ تعادل جمعیت میکروبی و سلامت و بهره‌وری گوسفند اهمیت دارد. جدول ۲ تأثیر عوامل مختلف بر ترکیب جمعیت میکروبی و مکانیسم‌های آنها را به طور خلاصه نشان می‌دهد.

جدول ۲- عوامل مؤثر بر ترکیب جمعیت میکروبی و مکانیسم‌های آنها

Table 2- Factors affecting rumen microbiome composition and their mechanisms

عامل مؤثر	تغییرات جمعیت میکروبی	مکانیسم	پیامد عملکردی	منابع
جیره پرکنسانتره	↑ <i>Streptococcus bovis</i> ↑ <i>Lactobacillus</i> , ↓ <i>Fibrobacter</i>	کاهش <i>pH</i> افزایش اسید لاکتیک	هضم ↓ SARA ریسک ↑ فیبر	(T. Nagaraja & E. Titgemeyer, 2007; Plaizier et al., 2017)
جیره پرعلوفه	↑ <i>Fibrobacter</i> ↑ <i>Ruminococcus</i>	افزایش <i>pH</i> افزایش فعالیت سلولاز	هضم فیبر ↑ تولید استات ↑	(Gemma Henderson et al., 2015; G. Henderson et al., 2015; Russell & Rychlik, 2001)
تنش گرمایی	↓ <i>Ruminococcus</i> ↓ <i>Fibrobacter</i>	تغییر دما کاهش مصرف خوراک	افزایش وزن ↓ تولید شیر ↓ ↓ ADG	(Qi Huang et al., 2026; Y. Uyeno et al., 2010; Y. Uyeno et al., 2015)
پروبیوتیک <i>S. cerevisiae</i> Yeast probiotic	↑ باکتری‌های سلولولیتیک	تثبیت <i>pH</i> تأمین عوامل رشد <i>pH</i>	هضم فیبر ↑ افزایش وزن ↑	(Chaucheyras-Durand & Fonty, 2002a, 2002b; Desnoyers et al., 2009)
پروبیوتیک‌های چندسویه	↑ <i>Bacillus</i> ↑ <i>Lactobacillus</i>	تحریک باکتری‌های مفید، افزایش فعالیت هیدرولیتیک	تولید متان ↓ ↑ VFA	(Elghandour et al., 2015; Yutaka Uyeno et al., 2015)

جیره‌های پرکنسانتره

افزایش نسبت کنسانتره در جیره موجب افزایش تخمیر سریع کربوهیدرات‌های غیرساختاری، تجمع اسیدهای چرب فرار و در برخی شرایط افزایش تولید اسید لاکتیک می‌شود که در نهایت می‌تواند *pH* شکمبه را کاهش داده و خطر بروز اسیدوز تحت‌حاد شکمبه را افزایش دهد. این شرایط معمولاً با افزایش جمعیت باکتری‌های تخمیرکننده نشاسته و تولیدکننده لاکتات، از جمله *Streptococcus bovis* و *Lactobacillus spp*، و کاهش نسبی برخی باکتری‌های سلولولیتیک نظیر *Fibrobacter succinogenes* و *Ruminococcus spp* همراه می‌باشد. باکتری‌های مصرف‌کننده لاکتات مانند

Selenomonas ruminantium و *Megasphaera elsdenii* نیز در پاسخ به افزایش لاکتات دچار تغییر جمعیت می‌شوند و در حفظ تعادل تخمیر نقش مهمی دارند. از سوی دیگر، افزایش سطح کنسانتره معمولاً نسبت پروبیونات را در الگوی اسیدهای چرب فرار افزایش داده و در صورت مدیریت صحیح جیره، می‌تواند موجب بهبود بازده استفاده از انرژی و ضریب تبدیل خوراک شود (S Calsamiglia et al., 2012; Sheng-Yong Mao et al., 2016).

تأثیر افزودنی‌های خوراکی

افزودن پروبیوتیک‌های چندسویه به جیره می‌تواند تغییرات قابل توجهی در جمعیت میکروبی شکمبه ایجاد کند. در یک مطالعه بر روی گوسفندان نژاد شال، اثر پروبیوتیک‌های چندسویه شامل *Bacillus licheniformis*، *B. subtilis* و *B. coagulans*، پروبیوتیک‌های لاکتیکی شامل *Enterococcus faecium*، *Lactobacillus rhamnosus* و *L. plantarum* و همچنین مخمر *Saccharomyces boulardii* به‌تنهایی یا در ترکیب با باکتری‌ها بررسی شد. نتایج نشان داد که افزودن این ترکیبات به میزان ۰/۱ درصد ماده خشک جیره، موجب افزایش جمعیت باکتری‌های سلولولیتیک و پروتئولیتیک، افزایش فعالیت آنزیم‌های هیدرولیتیک شامل سلولاز و پروتئاز، بهبود قابلیت هضم خوراک، افزایش تولید اسیدهای چرب فرار و کاهش تولید متان شد. همچنین ترکیب مخمر با پروبیوتیک‌های باکتریایی اثرات مطلوب‌تری نسبت به مصرف مخمر به‌تنهایی نشان داد که بیانگر وجود اثرات هم‌افزایی میان این میکروارگانیسم‌ها می‌باشد (Ashkvari et al., 2026).

شرایط محیطی و تنش گرمایی

تنش گرمایی به‌عنوان یکی از مهم‌ترین چالش‌های سیستم‌های پرورش مدرن، تأثیر قابل توجهی بر ساختار و عملکرد جمعیت میکروبی شکمبه دارد. مطالعات اخیر نشان داده‌اند که تنش گرمایی معمولاً با کاهش فراوانی باکتری‌های فیبرولیتیک نظیر *Ruminococcus* و *Fibrobacter* و افزایش باکتری‌های تولیدکننده لاکتات و تخمیرکننده نشاسته همراه است که می‌تواند الگوی تخمیر شکمبه را تغییر دهد. همچنین کاهش غلظت استات و تغییر در نسبت اسیدهای چرب فرار در بسیاری از مطالعات گزارش شده است (Esen, 2026; Kim et al., 2022). علاوه بر تغییرات تخمیری، تنش گرمایی متابولیسم میکروبی مرتبط با سنتز ویتامین‌های گروه B، متابولیسم اسیدهای آمینه، آمین‌های زیستی و اسیدهای صفراوی را نیز تحت تأثیر قرار می‌دهد که می‌تواند پیامدهای مهمی برای سلامت و بهره‌وری دام داشته باشد (Esen, 2026).

نکته قابل توجه آن است که تحمل به تنش گرمایی امروزه به‌عنوان یک صفت «هولوبیونت» در نظر گرفته می‌شود؛ به این معنا که مقاومت دام حاصل برهم‌کنش ژنوم میزبان و جامعه میکروبی همراه آن است. شواهد نشان می‌دهد نژادهای مقاوم‌تر به گرما دارای جمعیت میکروبی متنوع‌تر و پایدارتر هستند و این ویژگی می‌تواند به حفظ عملکرد تولیدی در شرایط تنش کمک کند (Abedin et al., 2026). به‌عنوان مثال، در مطالعات انجام‌شده روی گوسفند، تنش گرمایی با کاهش رشد، افت صفات لاشه و تغییر در ساختار جمعیت میکروبی شکمبه همراه بوده است. بررسی‌های مبتنی بر توالی‌یابی ۱۶ *S rRNA* نشان داده‌اند که در شرایط تنش گرمایی، فراوانی نسبی شاخه *Firmicutes* و برخی خانواده‌های مرتبط با سازگاری به شرایط نامساعد افزایش می‌یابد، در حالی که گروه‌هایی از *Bacteroidetes* و *Tenericutes* که در متابولیسم انرژی و تجزیه کربوهیدرات‌ها نقش دارند، کاهش پیدا می‌کنند. این تغییرات میکروبی با افت عملکرد رشد، تغییر متابولیسم عضله و کاهش کیفیت لاشه ارتباط داشته‌اند (Zhang et al., 2024).

آنتی‌بیوتیک‌ها و افزودنی‌ها

ممنوعیت استفاده از آنتی‌بیوتیک‌های محرک رشد در بسیاری از کشورها، به‌ویژه پس از ممنوعیت این ترکیبات در اتحادیه اروپا، موجب افزایش توجه به راهکارهای جایگزین برای حفظ سلامت و عملکرد دام شده است (Jouany & Morgavi, 2024).

(2007). استفاده از آنتی‌بیوتیک‌های درمانی، اگرچه در کنترل بیماری‌ها ضروری است، می‌تواند موجب برهم خوردن تعادل جامعه میکروبی، کاهش تنوع میکروبی و بروز دیس‌بیوزیس طولانی‌مدت شود. در مقابل، افزودنی‌هایی نظیر پروبیوتیک‌ها، پری‌بیوتیک‌ها، سین‌بیوتیک‌ها، اسانس‌های گیاهی و عصاره‌های گیاهی به‌عنوان ابزارهای مؤثر برای تعدیل جمعیت میکروبی و بهبود تخمیر شکمبه مطرح شده‌اند. این ترکیبات از طریق افزایش جمعیت میکروارگانیسم‌های مفید، بهبود پایداری اکوسیستم میکروبی، کاهش رشد پاتوژن‌ها و بهینه‌سازی الگوی تخمیر می‌توانند سلامت و بهره‌وری دام را ارتقا دهند (Arowolo & He, 2018; M Michalak et al., 2021).

نقش جمعیت میکروبی در هضم و متابولیسم

هضم فیبر

هضم فیبرهای گیاهی پیچیده مانند سلولز، همی‌سلولز و بخش‌هایی از ماتریکس لیگنوسلولوزی، فرآیندی است که عمدتاً توسط میکروارگانیسم‌های شکمبه انجام می‌شود. این فرآیند حاصل همکاری باکتری‌ها، قارچ‌های بی‌هوازی و تا حدودی پروتوزوآها است. باکتری‌های فیبرولیتیک اصلی شامل *Ruminococcus albus*، *Ruminococcus flavefaciens* و *Fibrobacter succinogenes* هستند که با تولید مجموعه‌ای از آنزیم‌های سلولاز، همی‌سلولاز و گلوکاناز، پلی‌ساکاریدهای دیواره سلولی گیاه را به قندهای قابل تخمیر تبدیل می‌کنند (Biddle et al., 2013; Flint et al., 2008). قندهای حاصل سپس توسط میکروارگانیسم‌های شکمبه تخمیر شده و محصولات نهایی این فرآیند شامل اسیدهای چرب فرار، به‌ویژه استات، پروپیونات و بوتیرات، به همراه دی‌اکسیدکربن، متان و آب است. اسیدهای چرب‌فرار منبع اصلی انرژی برای نشخوارکنندگان محسوب می‌شوند و بخش عمده نیاز انرژی دام را تأمین می‌کنند (Morais & Mizrahi, 2019; Russell & Rychlik, 2001).

متابولیسم پروتئین

متابولیسم نیتروژن در شکمبه شامل دو فرآیند اصلی تجزیه پروتئین (Proteolysis) و سنتز پروتئین میکروبی است. باکتری‌های پروتئولیتیک، به‌ویژه گونه‌هایی از جنس‌های *Prevotella* و *Butyrivibrio*، پروتئین‌های خوراکی را به پپتیدها و اسیدهای آمینه تجزیه کرده و بخشی از این ترکیبات را از طریق فرآیند دامیناسیون به آمونیاک تبدیل می‌کنند (Sharon A Huws et al., 2018; Wallace et al., 1997). آمونیاک تولیدشده، همراه با اسکلت‌های کربنی حاصل از تخمیر کربوهیدرات‌ها و انرژی حاصل از تولید ATP، توسط میکروارگانیسم‌های شکمبه برای سنتز پروتئین میکروبی مورد استفاده قرار می‌گیرد. پروتئین میکروبی پس از عبور از شکمبه و هضم در روده باریک، منبع اصلی اسیدهای آمینه قابل جذب برای نشخوارکنندگان محسوب می‌شود و در شرایط تغذیه‌ای مناسب می‌تواند بخش عمده‌ای از نیاز پروتئینی دام را تأمین کند (Timothy J. Hackmann & Jeffrey L. Firkins, 2015; Stern et al., 1997).

تولید اسیدهای چرب فرار

اسیدهای چرب‌فرار مهم‌ترین محصولات نهایی تخمیر میکروبی کربوهیدرات‌ها در شکمبه هستند و حدود ۷۰ تا ۸۰ درصد انرژی قابل متابولیسم مورد نیاز نشخوارکنندگان را تأمین می‌کنند (J. R. Aschenbach et al., 2011; Bergman, 1990). سه اسید چرب فرار اصلی شامل استات (حدود ۶۰-۷۰ درصد)، پروپیونات (۱۵-۲۰ درصد) و بوتیرات (۱۰-۱۵ درصد) هستند که نسبت آن‌ها تحت تأثیر ترکیب جیره، سطح خوراک مصرفی و شرایط تخمیر شکمبه قرار می‌گیرد (Bergman, 1990). جیره‌های غنی از علوفه معمولاً تولید استات را افزایش می‌دهند، در حالی که جیره‌های پرکنسانتره موجب افزایش سهم

پروپیونات در الگوی تخمیر می‌شوند (Russell & Wilson, 1996). استات عمدتاً در سنتز اسیدهای چرب و متابولیسم چربی مورد استفاده قرار می‌گیرد، در حالی که پروپیونات مهم‌ترین پیش‌ساز گلوکز در نشخوارکنندگان محسوب می‌شود و نقش کلیدی در گلوکونئوز کیدی دارد. بوتیرات نیز علاوه بر تأمین انرژی سلول‌های اپیتلیال شکمبه، در تنظیم رشد و تمایز سلولی، حفظ یکپارچگی اپیتلیوم و تعدیل پاسخ‌های ایمنی نقش دارد (Karen A Beauchemin et al., 2020; Pokhrel & Jiang, 2024).

متابولیسم چربی و تولید متان

متابولیسم چربی در شکمبه عمدتاً شامل هیدرولیز تری‌گلیسریدها، فسفولیپیدها و گلیکولیپیدها توسط آنزیم‌های لیپولیتیک میکروبی و سپس بیوهیدروژناسیون اسیدهای چرب غیراشباع است. باکتری‌هایی نظیر *Anaerovibrio lipolytica* و *Butyrivibrio fibrisolvens* از مهم‌ترین میکروارگانیسم‌های درگیر در این فرآیند هستند. در نتیجه بیوهیدروژناسیون، بخش قابل توجهی از اسیدهای چرب غیراشباع خوراک به اسیدهای چرب اشباع یا واسطه‌های بیوهیدروژناسیون مانند اسیدلینولئیک کونژوگه تبدیل می‌شوند. از این رو، ترکیب و فعالیت جمعیت میکروبی شکمبه می‌تواند بر پروفایل اسیدهای چرب گوشت و شیر و در نهایت ارزش تغذیه‌ای محصولات دامی تأثیر بگذارد (T. C. Jenkins et al., 2008; M Lourenço et al., 2010; M. Lourenço et al., 2010).

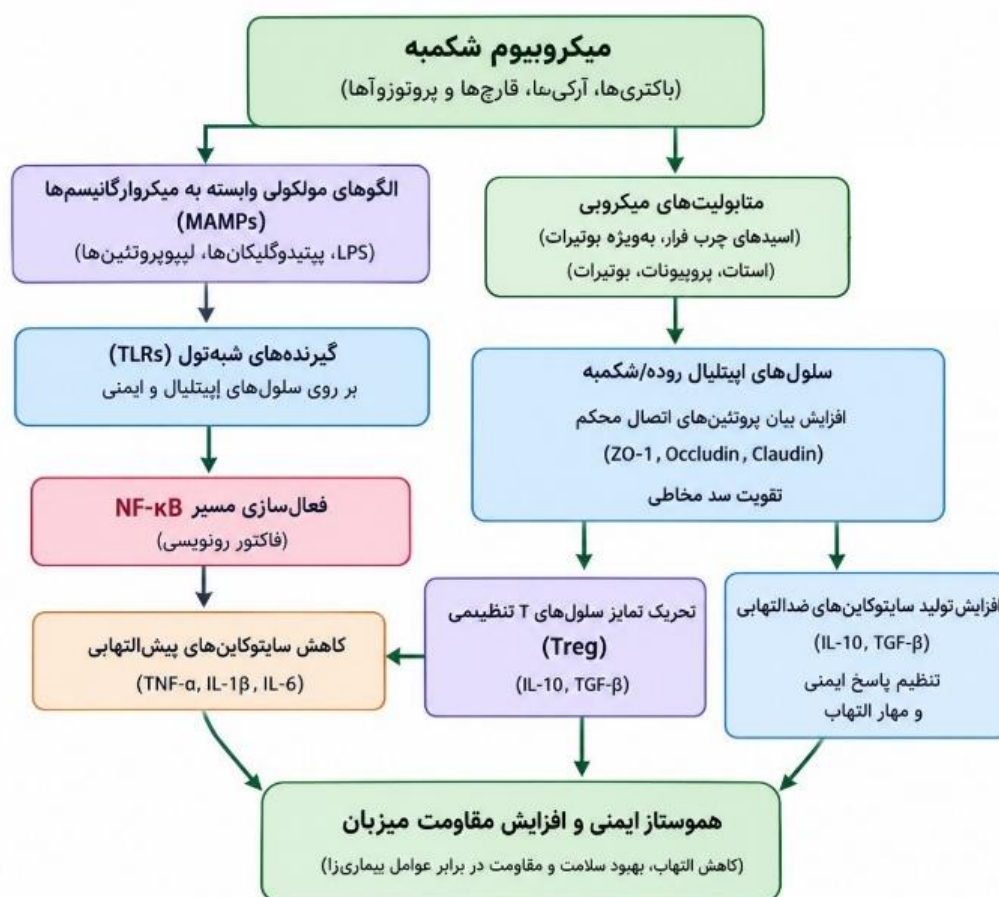
تولید متان توسط متانوژن‌های متان‌زا یکی از مهم‌ترین مسیرهای مصرف هیدروژن در شکمبه است و نقش اساسی در حفظ تعادل اکسیداسیون-احیا و تداوم فرآیندهای تخمیری دارد. با این حال، متانوژن با اتلاف حدود ۲ تا ۱۲ درصد انرژی ناخالص جیره همراه بوده و یکی از منابع اصلی انتشار گازهای گلخانه‌ای در دام‌های نشخوارکننده محسوب می‌شود (S. Alexander N Hristov et al., 2013; A. N. Hristov et al., 2013; E. Hook et al., 2010). مطالعات متاژنومیک نشان داده‌اند که برخی باکتری‌ها از جمله *Sharpea spp*، اعضای خانواده *Succinivibrionaceae* و برخی گونه‌های *Prevotella* در دام‌های دارای تولید متان پایین فراوانی بیشتری دارند. این میکروارگانیسم‌ها با هدایت هیدروژن به مسیرهای جایگزین نظیر تولید سوکسینات و پروپیونات، میزان هیدروژن در دسترس برای متانوژن‌ها را کاهش می‌دهند و در نتیجه انتشار متان را محدود می‌کنند (Auffret et al., 2018; Kittelmann et al., 2014).

نقش جمعیت میکروبی در سلامت گوسفند

سیستم ایمنی

جمعیت میکروبی شکمبه و دستگاه گوارش نشخوارکنندگان به‌عنوان یکی از مهم‌ترین تنظیم‌کننده‌های سیستم ایمنی میزبان شناخته می‌شود و نقش اساسی در توسعه، بلوغ و تنظیم پاسخ‌های ایمنی مخاطی ایفا می‌کند. برهم‌کنش میان میکروارگانیسم‌ها و سلول‌های ایمنی از طریق الگوهای مولکولی مرتبط با میکروارگانیسم‌ها (MAMPs/PAMPs) و گیرنده‌های شناسایی الگو نظیر گیرنده‌های شبه‌تول (TLRs) انجام می‌شود که در نهایت بر تولید سایتوکاین‌ها و تنظیم پاسخ‌های التهابی اثر می‌گذارند (Liu et al., 2021b; Malmuthuge & Guan, 2017). میکروارگانیسم‌های مفید، به‌ویژه باکتری‌های تولیدکننده بوتیرات، از طریق تقویت سد مخاطی، مهار مسیر $NF-\kappa B$ ، تحریک تولید سلول‌های T تنظیمی (Treg) و افزایش تولید سایتوکاین‌های ضدالتهابی، در حفظ هموستاز ایمنی نقش مهمی دارند (Dang et al., 2021). در سطح مولکولی، اثرات ایمنی‌تنظیمی جمعیت میکروبی عمدتاً از طریق برهم‌کنش الگوهای مولکولی وابسته به میکروارگانیسم‌ها (MAMPs) و متابولیت‌های میکروبی با گیرنده‌های میزبان اعمال می‌شود (Lebeer et al., 2010). اجزای دیواره سلولی باکتری‌ها نظیر لیپوپلی‌ساکاریدها (LPS)، پپتیدوگلیکان‌ها و لیپوپروتئین‌ها توسط گیرنده‌های شبه‌تول (TLRs) موجود بر سلول‌های اپیتلیالی و ایمنی شناسایی می‌شوند. فعال‌سازی کنترل‌شده این گیرنده‌ها می‌تواند تولید سایتوکاین‌ها و

عوامل دفاعی مخاطی را تنظیم کند (M. T. Abreu, 2010; H. Kayama & K. Takeda, 2020). علاوه بر این، اسیدهای چرب فرار، به‌ویژه بوتیرات، به‌عنوان مهم‌ترین متابولیت‌های ایمنی‌تنظیم‌کننده عمل کرده و از طریق مهار مسیر $NF-\kappa B$ ، افزایش بیان پروتئین‌های اتصال محکم Occludin، Claudin و ZO-1، کاهش تولید سایتوکاین‌های پیش‌التهابی و تحریک تمایز سلول‌های T تنظیمی (Treg)، در حفظ هموستاز ایمنی و یکپارچگی سد مخاطی نقش دارند (Furusawa et al., 2009; Parada Venegas et al., 2019; Peng et al., 2013). در نتیجه، جمعیت میکروبی متعادل با افزایش تولید متابولیت‌های مفید و تنظیم مسیرهای پیام‌رسانی ایمنی، می‌تواند التهاب را محدود کرده و مقاومت میزبان را در برابر عوامل بیماری‌زا افزایش دهد.



شکل ۱- مسیرهای اصلی تأثیر میکروبیوم شکمبه بر تنظیم سیستم ایمنی میزبان در گوسفند (ترسیم‌شده بر اساس منابع متن)
Figure 1. Major pathways through which the rumen microbiome regulates host immune responses in sheep.

بیماری‌های گوارشی

نقش جمعیت میکروبی شکمبه در پیشگیری یا بروز بیماری‌های گوارشی به‌خوبی شناخته شده است. یکی از مهم‌ترین اختلالات مرتبط با برهم خوردن تعادل میکروبی، اسیدوز تحت‌حاد شکمبه (SARA) است که معمولاً در نتیجه مصرف جیره‌های پرکنسانتره و افزایش سریع تخمیر کربوهیدرات‌های قابل تخمیر رخ می‌دهد. این وضعیت با افزایش فراوانی

باکتری‌های تولیدکننده لاکتات مانند *Streptococcus bovis* و برخی گونه‌های *Lactobacillus*، کاهش pH شکمبه، کاهش جمعیت باکتری‌های فیبرولیتیک و تغییر الگوی تخمیر همراه است (J. C. Plaizier et al., 2018; Q. Zebeli & B. U. Metzler-Zebeli, 2012). در نتیجه، کاهش مصرف خوراک، افت عملکرد، التهاب دیواره شکمبه و افزایش خطر بروز نفخ مشاهده می‌شود.

علاوه بر این، تغییر در ساختار جامعه میکروبی و الگوی تولید گازهای تخمیری می‌تواند در ایجاد نفخ شکمبه (Ruminal Bloat) نقش داشته باشد. تجمع کف پایدار و اختلال در خروج گازهای حاصل از تخمیر معمولاً با تغییر جمعیت میکروبی و ویژگی‌های فیزیکیوشیمیایی محتویات شکمبه مرتبط است (Nagaraja & Lechtenberg, 2007). حفظ پایداری و تنوع میکروبی از طریق مدیریت صحیح تغذیه، اجتناب از تغییرات ناگهانی جیره و استفاده از افزودنی‌هایی نظیر پروبیوتیک‌ها و مخمرها، یکی از راهکارهای مؤثر برای کاهش خطر بروز این اختلالات محسوب می‌شود (E. O'Hara et al., 2020; Yutaka Uyeno et al., 2015).

بیماری‌های متابولیکی

جمعیت میکروبی شکمبه از طریق تنظیم تخمیر کربوهیدرات‌ها، تولید اسیدهای چرب‌فرار و متابولیسم نیتروژن، با وضعیت متابولیکی میزبان ارتباط دارد. در شرایط تعادل منفی انرژی، تغییر در الگوی تخمیر و کاهش دسترسی به پیش‌سازهای گلوکز، به‌ویژه پروپیونات، می‌تواند زمینه را برای افزایش بسیج چربی و بروز کتوز و لیپیدوز کبدی فراهم کند. همچنین، تغییر ترکیب جمعیت میکروبی می‌تواند تولید متابولیت‌ها و ویتامین‌های گروه B را تحت تأثیر قرار داده و مسیرهای متابولیکی میزبان را تغییر دهد. از این رو، حفظ پایداری جمعیت میکروبی شکمبه می‌تواند در کاهش خطر اختلالات متابولیکی و بهبود کارایی استفاده از انرژی نقش داشته باشد (Jiang et al., 2022; Rico & Barrientos-Blanco, 2024).

مقاومت به تنش

جمعیت میکروبی دستگاه گوارش از طریق محور جمعیت میکروبی-روده-مغز و تولید متابولیت‌های زیستی فعال می‌تواند بر پاسخ‌های عصبی، ایمنی و متابولیکی میزبان و در نتیجه سازگاری با تنش اثرگذار باشد (Chakrabarti et al., 2022). متابولیت‌هایی مانند اسیدهای چرب‌فرار، به‌ویژه بوتیرات، و ترکیبات مرتبط با متابولیسم تریپتوفان می‌توانند در تنظیم عملکرد عصبی و پاسخ‌های استرسی نقش داشته باشند (Swier et al., 2023). همچنین، تغییرات جمعیت میکروبی در شرایط تنش گرمایی با تغییر در تخمیر شکمبه، متابولیسم انرژی و پاسخ‌های التهابی همراه است (Ma et al., 2024). شواهد نشان می‌دهد که تفاوت در ساختار جمعیت میکروبی می‌تواند با میزان تحمل دام نسبت به تنش گرمایی و حفظ عملکرد تولیدی مرتبط باشد (Esen, 2026).

راهکارهای اصلاح و مدیریت جمعیت میکروبی

پروبیوتیک‌ها، پری‌بیوتیک‌ها و سین‌بیوتیک‌ها

مطالعات نشان داده است که پروبیوتیک‌های چندسویه (Multistrain) نسبت به پروبیوتیک‌های تک‌سویه اثربخشی بیشتری دارند، احتمالاً به دلیل اثرات هم‌افزایی بین میکروارگانیسم‌های مختلف. در گوسفند، سویه‌های *Saccharomyces cerevisiae* (Bacillus) شامل *B. subtilis*، *B. licheniformis* و *B. coagulans* و باکتری‌های اسید لاکتیک بیشترین مطالعه را داشته‌اند. مطالعه‌ای بر روی بره‌های نژاد شال نشان داد که افزودن پروبیوتیک‌های چندسویه *Bacillus Lactobacilli* به میزان ۰/۸ درصد ماده خشک جیره، جمعیت باکتری‌های سلولولیتیک و پروتئولیتیک را افزایش داده، فعالیت آنزیم‌های هیدرولیتیک را بهبود بخشیده و تولید متان را کاهش داده است (Fijan, 2014; Joint, 2002).

پری بیوتیک‌ها ترکیبات غیرقابل هضمی هستند که به عنوان بستر تغذیه‌ای برای میکروارگانیسم‌های مفید عمل کرده و رشد و فعالیت آنها را تحریک می‌کنند. ترکیباتی مانند اینولین، فروکتولیگوساکاریدها (FOS) و مانان الیگوساکاریدها (MOS) از جمله پری بیوتیک‌های مورد مطالعه در نشخوارکنندگان هستند (Chowdhury et al., 2025). سین بیوتیک‌ها ترکیبی از پروبیوتیک و پری بیوتیک هستند که به طور هم‌افزای عمل می‌کنند. نتایج نشان داده است جدول ۳ که استفاده از سین بیوتیک‌ها در اوایل زندگی می‌تواند کلینزاسیون میکروبی را بهبود بخشیده و ایمنی بره‌ها را تقویت کند (Bevilacqua et al., 2025, 2026; Y Zhang et al., 2021).

جدول ۳- خلاصه‌ای از مطالعات کلیدی در مورد افزودنی‌های خوراکی و اثرات آنها را ارائه می‌دهد.

Table 3- Summary of key studies on feed additives and their effects on sheep microbiome and performance

منبع	اثر بر عملکرد	اثر بر جمعیت میکروبی	گونه دامی	دوز مصرفی	افزودنی
(Khalid et al., 2011; Yutaka Uyeno et al., 2015)	↑ تولید VFA، ↓ تولید متان	↑ باکتری‌های سلولولیتیک و پروتئولیتیک، ↑ فعالیت آنزیمی	بره پرواری	DM ۰.۸٪	پروبیوتیک چندسویه (Bacillus + Lactobacillus) Multistrain probiotic
(Ban & Guan, 2021; Chaucheyras-Durand & Fonty, 2002b)	↑ بهبود عملکرد نسبت به مخمر تنها	↑ اثر هم‌افزای جمعیت باکتریایی	بره شیری	DM ۰.۸٪	مخمر S. boulardii + Bacillus Yeast + Bacillus
(Desnoyers et al., 2009; Krehbiel et al., 2003)	↑ افزایش وزن، بهبود FCR	↑ تثبیت pH، باکتری‌های سلولولیتیک	بره پرواری	متغیر	پروبیوتیک (مخمر + لاکتوباسیل)
(Gabriella Cobellis et al., 2016; Amlan K Patra & Zhongtang Yu, 2012; A. K. Patra & Z. Yu, 2012)	کاهش تولید متان	تغییر جمعیت میکروبی، کاهش متان‌زاها	دام سبک	متغیر	اسانس‌های گیاهی

مخمرها و افزودنی‌های خوراکی

مخمرهای زنده و فرآورده‌های کشت مخمر (Yeast Culture) از رایج‌ترین افزودنی‌های خوراکی مورد استفاده برای تعدیل جمعیت میکروبی شکمبه هستند. این ترکیبات از طریق بهبود شرایط تخمیر، تحریک رشد باکتری‌های مفید و افزایش پایداری محیط شکمبه می‌توانند عملکرد دام را بهبود بخشند (F. Chaucheyras-Durand et al., 2008; Ibukun, 2018; Ogunade et al., 2018).

شواهد نشان می‌دهد که فرآورده‌های مخمری و پروبیوتیک‌ها می‌توانند با تحریک باکتری‌های سلولولیتیک، افزایش مصرف‌کنندگان لاکتات و تثبیت pH شکمبه، شرایط مناسب‌تری برای تخمیر ایجاد کنند و در نتیجه هضم فیبر و عملکرد تولیدی دام را بهبود بخشند (Desnoyers et al., 2009; Martin et al., 2010). همچنین گزارش شده است که پروبیوتیک‌ها با افزایش تولید اسیدهای چرب فرار، تحریک باکتری‌های مصرف‌کننده اسیدلاکتیک و ایجاد شرایط مناسب برای رشد باکتری‌های سلولولیتیک، به بهبود تخمیر شکمبه و پایداری pH کمک می‌کنند (Kholif et al., 2024).

ترکیبات گیاهی و اسانس‌ها

ترکیبات گیاهی و اسانس‌های طبیعی به دلیل خواص ضد میکروبی، ضد التهابی و آنتی‌اکسیدانی، به عنوان جایگزین‌های بالقوه آنتی‌بیوتیک‌های محرک رشد مورد توجه قرار گرفته‌اند. این ترکیبات می‌توانند با تعدیل انتخابی جمعیت میکروبی

شکمه، الگوی تخمیر را تغییر داده و در برخی شرایط موجب افزایش تولید پروپیونات، کاهش متانوزن و بهبود قابلیت هضم خوراک شوند (Calsamiglia et al., 2007).

فناوری‌های نوین

پیوند جمعیت میکروبی شکمه (RMT): این روش شامل انتقال مایع یا محتویات شکمه از یک حیوان دهنده به حیوان گیرنده است و به عنوان رویکردی نوین برای بازسازی جمعیت میکروبی و اصلاح اختلالات ناشی از دیسبیوزیس مورد توجه قرار گرفته است. مطالعات نشان داده‌اند که RMT می‌تواند ترکیب میکروبی و برخی شاخص‌های تخمیر شکمه را تحت تأثیر قرار دهد، هرچند پایداری و موفقیت آن به عوامل متعددی وابسته است (Paul J Weimer, 2015; Zhao et al., 2025).

فناوری‌های پیشرفته ژنتیک و Omics: پیشرفت در فناوری‌های توالی‌یابی نسل جدید، متانومیکس، متاترانسکریپتومیکس، متابروئومیکس و متابولومیکس امکان بررسی جامع ساختار و عملکرد جمعیت میکروبی شکمه را فراهم کرده است. این ابزارها در شناسایی ژن‌های عملکردی، مسیرهای متابولیکی، تعاملات میکروبی و نشانگرهای زیستی مرتبط با سلامت، بهره‌وری خوراک و تولید متان نقش مهمی دارند (Sharon A Huws et al., 2018; D Peer Morgavi et al., 2013).

چالش‌ها و چشم‌انداز آینده

علیرغم پیشرفت‌های چشمگیر، چندین چالش اساسی در مسیر بهره‌گیری کامل از پتانسیل جمعیت میکروبی شکمه در صنعت گوسفند وجود دارد:

تنوع بین فردی بالا: تنوع قابل توجه جمعیت میکروبی بین دام‌های مختلف، حتی در شرایط یکسان، یکی از مهم‌ترین چالش‌هاست. این تنوع که ناشی از تعامل پیچیده ژنتیک، محیط و تاریخچه زندگی دام است، پاسخ‌دهی به مداخلات مدیریتی را غیرقابل پیش‌بینی می‌کند (Paul J. Weimer, 2015).

اثرات متقابل پیچیده: اثرات متقابل میان میکروارگانیسم‌ها، میزبان و اجزای جیره شبکه‌ای پیچیده ایجاد می‌کند؛ بنابراین، تغییر یک گروه میکروبی ممکن است بر سایر جمعیت‌ها و فرآیندهای تخمیری اثر بگذارد. این پیچیدگی یکی از محدودیت‌های اصلی در دستکاری هدفمند جمعیت میکروبی شکمه است (Sharon A Huws et al., 2018).

مقاومت آنتی‌بیوتیکی: مصرف آنتی‌بیوتیک‌ها می‌تواند ساختار جوامع میکروبی و مخزن ژن‌های مقاومت در دستگاه گوارش دام را تحت تأثیر قرار دهد و از منظر سلامت حیوان، انسان و محیط‌زیست اهمیت دارد (Guo et al., 2026; H. Wang et al., 2023).

کاربردپذیری در مزرعه: تفاوت میان شرایط آزمایشگاهی و مزرعه‌ای، تغییرات جیره و مدیریت و همچنین تفاوت‌های فردی دام از عوامل مهم مؤثر بر تکرارپذیری و کاربرد عملی مداخلات جمعیت میکروبی هستند (D. P. Morgavi et al., 2013). با وجود این چالش‌ها، آینده مدیریت جمعیت میکروبی شکمه روشن به نظر می‌رسد. پیشرفت‌های فناوری و همکاری‌های بین‌رشته‌ای، مسیرهای جدیدی را گشوده‌اند:

مدیریت دقیق جمعیت میکروبی: پیشرفت فناوری‌های توالی‌یابی و تحلیل داده، امکان شناسایی الگوهای میکروبی مرتبط با صفات تولیدی و توسعه مدل‌های پیش‌بینی‌کننده برای بهینه‌سازی تغذیه و مدیریت دام را فراهم کرده است. با این

حال، استفاده روتین از این رویکرد در سطح هر دام همچنان به استانداردسازی روش‌ها و اعتبارسنجی در شرایط مزرعه نیاز دارد (Muñoz-Tamayo et al., 2023).

توسعه افزودنی‌های نسل جدید: شناسایی میکروارگانیسم‌ها، متابولیت‌ها و مسیرهای عملکردی کلیدی می‌تواند به توسعه افزودنی‌های هدفمند برای تعدیل تخمیر شکمبه، افزایش بهره‌وری خوراک و کاهش تولید متان کمک کند. با این حال، تفاوت میان نتایج مطالعات آزمایشگاهی و شرایط حیوان زنده، ضرورت ارزیابی دقیق این افزودنی‌ها را نشان می‌دهد (Firkins & Mitchell, 2023).

ادغام داده‌های چندلایه (Multi-omics Integration): ترکیب داده‌های متاتنومیکس، متاترانسکریپتومیکس، متاپروتمومیکس، متابولومیکس و داده‌های مربوط به ژنوتیپ و عملکرد میزبان، امکان بررسی هم‌زمان ساختار و عملکرد جمعیت میکروبی و ارتباط آن با تغذیه و تولید را فراهم می‌کند. این رویکرد می‌تواند به شناسایی روابط پیچیده میان جیره، جمعیت میکروبی و صفات تولیدی کمک کند (Dixit et al., 2023).

توسعه استراتژی‌های کاهش متان: شناسایی میکروارگانیسم‌ها و مسیرهای مرتبط با تولید پایین‌تر متان، یکی از محورهای مهم پژوهش‌های آینده است. برخی مطالعات، ارتباط جنس‌ها و گروه‌هایی مانند *Sharpea* و *Succinivibrionaceae* را با فنوتیپ کم‌متان گزارش کرده‌اند؛ با این حال، استفاده از آنها به عنوان اهداف مداخله‌ای نیازمند شواهد بیشتری است (Kamke et al., 2016).

محدودیت‌های مطالعات موجود

با وجود نتایج ارزشمند مطالعات انجام‌شده، مقایسه و تعمیم یافته‌ها باید با احتیاط صورت گیرد. تفاوت در حجم نمونه و طراحی آزمایشی، نژاد و زمینه ژنتیکی حیوانات، شرایط تغذیه‌ای و محیطی و نیز روش‌های ارزیابی جمعیت میکروبی می‌تواند موجب اختلاف در نتایج مطالعات شود. همچنین، در برخی مطالعات حجم نمونه محدود بوده و مدت زمان آزمایش برای ارزیابی تغییرات پایدار در جمعیت میکروبی کافی نبوده است. بنابراین، انجام مطالعات با حجم نمونه مناسب، طراحی استاندارد و کنترل دقیق عوامل ژنتیکی، تغذیه‌ای و محیطی می‌تواند به افزایش قابلیت مقایسه و تعمیم نتایج کمک کند.

نتیجه‌گیری

جمعیت میکروبی شکمبه نقش مهمی در هضم، سلامت و بهره‌وری تولیدی گوسفند دارد و تحت تأثیر عواملی مانند سن، ژنتیک، جیره غذایی، تنش‌های محیطی و افزودنی‌های خوراکی قرار می‌گیرد. مدیریت هدفمند جیره و استفاده مناسب از افزودنی‌های زیستی و گیاهی می‌تواند به حفظ تعادل میکروبی و بهبود عملکرد و سلامت گوسفند کمک کند. در آینده، بهره‌گیری از فناوری‌های نوین و رویکردهای چندلایه می‌تواند زمینه را برای مدیریت دقیق‌تر میکروبیوم شکمبه و تولید پایدارتر فراهم سازد.

منابع

- Abedin, S. N., Sejian, V., Tasmiya, I., & Sahoo, A. (2026). Molecular and gut-immune basis of heat stress resilience in small ruminants. *Small Ruminant Research*, 262, 107814. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2026.107814>
- Abreu, M. T. (2010). Toll-like receptor signalling in the intestinal epithelium: how bacterial recognition shapes intestinal function. *Nature Reviews Immunology*, 10(2), 131-144. <https://doi.org/10.1038/nri2707>
- Akanmu, A. M., van Marle-Köster, E., Hassen, A., & Adejoro, F. A. (2023). Datasets of shotgun metagenomics evaluation of rumen microbiota of South African mutton merino sheep. *Data Brief*, 51, 109629. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2023.109629>

- Albakri, N., Amasha, R., & Aly, M. M. (2023). Ruminant gut microbiota: Importance, development, and alternative therapeutics for Dysbiosis. *Journal of Contemporary Medical Sciences*, 9(1), 10-17. <https://doi.org/https://doi.org/10.22317/jcms.v9i1.1301>
- Arowolo, M. A., & He, J. (2018). Use of probiotics and botanical extracts to improve ruminant production in the tropics: A review. *Anim. Nutr.*, 4(3), 241-249. <https://doi.org/10.1016/j.aninu.2018.04.010>
- Arshad, M. A., Hassan, F.-U., Rehman, M. S., Huws, S. A., Cheng, Y., & Din, A. U. (2021). Gut microbiome colonization and development in neonatal ruminants: Strategies, prospects, and opportunities. *Anim. Nutr.*, 7(3), 883-895. <https://doi.org/10.1016/j.aninu.2021.03.004>
- Aschenbach, J. R., Penner, G. B., Stumpff, F., & Gäbel, G. (2011). Ruminant Nutrition Symposium: Role of fermentation acid absorption in the regulation of ruminal pH. *J Anim Sci*, 89(4), 1092-1107. <https://doi.org/10.2527/jas.2010-3301>
- Ashkvari, A., Rezaei, J., Fazaeli, H., & Dehghan, S. A. (2026). Effect of new multistrain Bacilli, Lactobacilli, yeast, or their mixtures on in vitro ruminal microbial populations, hydrolytic enzymes, and fermentation variables of sheep. *Animal Feed Science and Technology*, 332, 116612. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2025.116612>
- Auffret, M. D., Stewart, R., Dewhurst, R. J., Duthie, C. A., Rooke, J. A., Wallace, R. J., Freeman, T. C., Snelling, T. J., Watson, M., & Roehe, R. (2017). Identification, Comparison, and Validation of Robust Rumen Microbial Biomarkers for Methane Emissions Using Diverse Bos Taurus Breeds and Basal Diets. *Front Microbiol*, 8, 2642. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02642>
- Ban, Y., & Guan, L. L. (2021). Implication and challenges of direct-fed microbial supplementation to improve ruminant production and health. *J Anim Sci Biotechnol*, 12(1), 109. <https://doi.org/10.1186/s40104-021-00630-x>
- Beauchemin, K. A., Ungerfeld, E. M., Eckard, R. J., & Wang, M. (2020). Review: Fifty years of research on rumen methanogenesis: lessons learned and future challenges for mitigation. *animal*, 14, s2-s16. <https://doi.org/https://doi.org/10.1017/S1751731119003100>
- Bergman, E. (1990). Energy contributions of volatile fatty acids from the gastrointestinal tract in various species. *Physiological reviews*, 70(2), 567-590.
- Betancur-Murillo, C. L., Aguilar-Marín, S. B., & Jovel, J. (2022). Prevotella: A key player in ruminal metabolism. *Microorganisms*, 11(1), 1. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11010001>
- Bevilacqua, A., Khan, S., Caroprese, M., Speranza, B., Racioppo, A., & Albenzio, M. (2026). Microbiota in the Early Lives of Sheep: A Short Overview on the Rumen Microbiota. *Animals*, 16(1), 80. <https://www.mdpi.com/2076-2615/16/1/80>
- Biddle, A., Stewart, L., Blanchard, J., & Leschine, S. (2013). Untangling the Genetic Basis of Fibrolytic Specialization by Lachnospiraceae and Ruminococcaceae in Diverse Gut Communities. *Diversity*, 5(3), 627-640. <https://www.mdpi.com/1424-2818/5/3/6>
- Calsamiglia, S., Blanch, M., Ferret, A., & Moya, D. (2011). Is subacute ruminal acidosis a pH related problem? Causes and tools for its control. *Animal Feed Science and Technology*, 172(1), 42-50. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2011.12.007>
- Calsamiglia, S., Busquet, M., Cardozo, P. W., Castillejos, L., & Ferret, A. (2007). Invited Review: Essential Oils as Modifiers of Rumen Microbial Fermentation. *Journal of Dairy Science*, 90(6), 2580-2595. <https://doi.org/https://doi.org/10.3168/jds.2006-644>
- Chakrabarti, A., Geurts, L., Hoyle, L., Iozzo, P., Kraneveld, A. D., La Fata, G., Miani, M., Patterson, E., Pot, B., Shortt, C., & Vauzour, D. (2022). The microbiota-gut-brain axis: pathways to better brain health. Perspectives on what we know, what we need to investigate and how to put knowledge into practice. *Cell. Mol. Life Sci.*, 79(2), 80. <https://doi.org/10.1007/s00018-021-04060-w>
- Chaucheyras-Durand, F., & Fonty, G. (2002). Influence of a Probiotic Yeast (Saccharomyces cerevisiae CNCM I-1077) on Microbial Colonization and Fermentations in the Rumen of Newborn Lambs. *Microbial Ecology in Health and Disease*, 14(1), 30-36. <https://doi.org/10.1080/089106002760002739>
- Chaucheyras-Durand, F., Walker, N. D., & Bach, A. (2008). Effects of active dry yeasts on the rumen microbial ecosystem: Past, present and future. *Animal Feed Science and Technology*, 145(1), 5. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2007.04.019>
- Chowdhury, M. R., Hassan, M., & Shimosato, T. (2025). Gut health management in livestock: roles of probiotics, prebiotics, and synbiotics in growth, immunity, and microbiota modulation. *Vet Res Commun*, 49(6), 361. <https://doi.org/10.1007/s11259-025-10927-1>
- Cobellis, G., Trabalza-Marinucci, M., & Yu, Z. (2016). Critical evaluation of essential oils as rumen modifiers in ruminant nutrition: A review. *Sci Total Environ*, 545-546, 556-568. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2015.12.103>
- Dang, G., Wu, W., Zhang, H., & Everaert, N. (2021). A new paradigm for a new simple chemical: butyrate & immune regulation. *Food Funct.*, 12(24), 12181-12193. <https://doi.org/10.1039/d1fo02116h>
- Desnoyers, M., Giger-Reverdin, S., Bertin, G., Duvaux-Ponter, C., & Sauvant, D. (2009). Meta-analysis of the influence of Saccharomyces cerevisiae supplementation on ruminal parameters and milk production of ruminants. *Journal of dairy science*, 92(4), 1620-1632.

- Dixit, S., Kumar, S., Sharma, R., Banakar, P. S., Singh, M., Keshri, A., & Tyagi, A. K. (2023). Rumen multi-omics addressing diet-host-microbiome interplay in farm animals: a review. *Anim. Biotechnol.*, 34(7), 3187-3205. <https://doi.org/10.1080/10495398.2022.2078979>
- Elghandour, M. M., Salem, A. Z., Castañeda, J. S. M., Camacho, L. M., Kholif, A. E., & Chagoyán, J. C. V. (2015). Direct-fed microbes: A tool for improving the utilization of low quality roughages in ruminants. *Journal of Integrative Agriculture*, 14(3), 526-533.
- Esen, S. (2026). An update on heat stress impacts on rumen microbiome composition, fermentation parameters, and mitigation approaches in ruminants. *J. Therm. Biol.*, 139(104480), 104480. <https://doi.org/10.1016/j.jtherbio.2026.104480>
- Fijan, S. (2014). Microorganisms with claimed probiotic properties: an overview of recent literature. *International journal of environmental research and public health*, 11(5), 4745-4767.
- Firkins, J. L., & Mitchell, K. E. (2023). Invited review: Rumen modifiers in today's dairy rations. *J. Dairy Sci.*, 106(5), 3053-30. <https://doi.org/10.3168/jds.2022-22644>
- Flint, H. J., Bayer, E. A., Rincon, M. T., Lamed, R., & White, B. A. (2008). Polysaccharide utilization by gut bacteria: potential for new insights from genomic analysis. *Nat Rev Microbiol*, 6(2), 121-131. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1817>
- Fonty, G., Gouet, P., Jouany, J.-P., & Senaud, J. (1987). Establishment of the microflora and anaerobic fungi in the rumen of lambs. *Journal of general microbiology*, 133(7), 1835-1843.
- Furusawa, Y., Obata, Y., Fukuda, S., Endo, T. A., Nakato, G., Takahashi, D., Nakanishi, Y., Uetake, C., Kato, K., Kato, T., Takahashi, M., Fukuda, N. N., Murakami, S., Miyauchi, E., Hino, S., Atarashi, K., Onawa, S., Fujimura, Y., Lockett, T., ... Ohno, H. (2013). Commensal microbe-derived butyrate induces the differentiation of colonic regulatory T cells. *Nature*, 504(7480), 446-450. <https://doi.org/10.1038/nature12721>
- Gruninger, R. J., Puniya, A. K., Callaghan, T. M., Edwards, J. E., Youssef, N., Dagar, S. S., Fliegerova, K., Griffith, G. W., Forster, R., Tsang, A., McAllister, T. & Elshahed, M. S. (2014). Anaerobic fungi (phylum Neocallimastigomycota): advances in understanding their taxonomy, life cycle, ecology, role and biotechnological potential. *FEMS microbiology ecology*, 90(1), 1-17. <https://doi.org/10.1111/1574-6941.12383>
- Guo, J., Song, H., Xi, Z., Geng, W., & Wang, F. (2026). The role of gut microbiome in antimicrobial resistance transmission between companion animals and livestock: mechanisms, drivers, and One Health implications [Review]. *Frontiers in Microbiology*, Volume 17 - 2026. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2026.1872946>
- Guo, W., Liu, H., Wang, Y., Na, M., Zhang, R., & Na, R. (2025). Effect of Roughage Source on the Composition and Colonization of Rumen Bacteria and Methanogens in Dumont and Mongolian Sheep. *Animals (Basel)*, 15(14). <https://doi.org/10.3390/ani15142079>
- Hackmann, T. J., & Firkins, J. L. (2015). Maximizing efficiency of rumen microbial protein production [Review]. *Frontiers in Microbiology*, Volume 6 - 2015. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.00465>
- Hanafy, R. A., Dagar, S. S., Griffith, G. W., Pratt, C. J., Youssef, N. H., & Elshahed, M. S. (2022). Taxonomy of the anaerobic gut fungi (Neocallimastigomycota): a review of classification criteria and description of current taxa. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 72(7). <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.005322>
- Henderson, G., Cox, F., Ganesh, S., Jonker, A., Young, W., & Janssen, P. H. (2015). Rumen microbial community composition varies with diet and host, but a core microbiome is found across a wide geographical range. *Sci Rep*, 5, 14567. <https://doi.org/10.1038/srep14567>
- Hook, S. E., Wright, A. D., & McBride, B. W. (2010). Methanogens: methane producers of the rumen and mitigation strategies. *Archaea*, 2010, 945785. <https://doi.org/10.1155/2010/945785>
- Hristov, A. N., Oh, J., Firkins, J. L., Dijkstra, J., Kebreab, E., Waghorn, G., Makkar, H. P., Adesogan, A. T., Yang, W., Lee, C., Gerber, P. J., Henderson, B. & Tricarico, J. M. (2013). Special topics--Mitigation of methane and nitrous oxide emissions from animal operations: I. A review of enteric methane mitigation options. *J Anim Sci*, 91(11), 5045-5069. <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6583>
- Huang, Q., Du, D., Guo, J., Liu, J., & Sun, P. (2026). Heat stress suppresses lactation through potential rumen-mammary communication mediated by extracellular vesicles: integrated analysis of microbiome, metabolome, and miRNA profiles. *Microbiome*, 14(1). <https://doi.org/10.1186/s40168-026-02363-3>
- Huws, S. A., Creevey, C. J., Oyama, L. B., Mizrahi, I., Denman, S. E., Popova, M., Muñoz-Tamayo, R., Forano, E., Waters, S. M., Hess, M., Tapio, I., Smidt, H., Krizsan, S. J., Yáñez-Ruiz, D. R., Belanche, A., Guan, L., Gruninger, R. J., McAllister, T. A., Newbold, C. J., ... Morgavi, D. P. (2018). Addressing Global Ruminant Agricultural Challenges Through Understanding the Rumen Microbiome: Past, Present, and Future [Review]. *Frontiers in Microbiology*, Volume 9 - 2018. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.02161>
- Jenkins, T. C., Wallace, R. J., Moate, P. J., & Mosley, E. E. (2008). Board-invited review: Recent advances in biohydrogenation of unsaturated fatty acids within the rumen microbial ecosystem. *J Anim Sci*, 86(2), 397-412. <https://doi.org/10.2527/jas.2007-0588>

- Jiang, Q., Lin, L., Xie, F., Jin, W., Zhu, W., Wang, M., Qiu, Q., Li, Z., Liu, J., & Mao, S. (2022). Metagenomic insights into the microbe-mediated B and K2 vitamin biosynthesis in the gastrointestinal microbiome of ruminants. *Microbiome*, 10(1), 109. <https://doi.org/10.1186/s40168-022-01298-9>
- Joint, F. (2002). WHO working group report on drafting guidelines for the evaluation of probiotics in food. London, Ontario, Canada, 30(1), 16-22 .
- Jouany, J. P., & Morgavi, D. P. (2007). Use of 'natural' products as alternatives to antibiotic feed additives in ruminant production. *Animal*, 1(10), 1443-1466. <https://doi.org/10.1017/S1751731107000742>
- Kamke, J., Kittelmann, S., Soni, P., Li, Y., Tavendale, M., Ganesh, S., Janssen, P. H., Shi, W., Froula, J., Rubin, E. M., & Attwood, G. T. (2016). Rumen metagenome and metatranscriptome analyses of low methane yield sheep reveals a *Sharpea*-enriched microbiome characterised by lactic acid formation and utilisation. *Microbiome*, 4(1), 56. <https://doi.org/10.1186/s40168-016-0201-2>
- Kayama, H., & Takeda, K. (2020). Manipulation of epithelial integrity and mucosal immunity by host and microbiota-derived metabolites. *Eur J Immunol*, 50(7), 921-931. <https://doi.org/10.1002/eji.201948478>
- Khalid, M., Shahzad, M., Sarwar, M., Rehman, A., Sharif, M., & Mukhtar, N. (2011). Probiotics and lamb performance: A review. *African Journal of Agricultural Research*, 6(23), 5198-5203. <https://doi.org/10.5897/AJAR11.1134>
- Kholif, A. E., Anele, A., & Anele, U. Y. (2024). Microbial feed additives in ruminant feeding. *AIMS Microbiol*, 10(3), 542-571. <https://doi.org/10.3934/microbiol.2024026>
- Kim, S. H., Ramos, S. C., Valencia, R. A., Cho, Y. I., & Lee, S. S. (2022). Heat stress: Effects on Rumen microbes and host physiology, and strategies to alleviate the negative impacts on lactating dairy cows. *Front. Microbiol.*, 13, 804562. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.804562>
- Kittelmann, S., Pinares-Patiño, C. S., Seedorf, H., Kirk, M. R., Ganesh, S., McEwan, J. C., & Janssen, P. H. (2014). Two different bacterial community types are linked with the low-methane emission trait in sheep. *PloS one*, 9(7), e103171. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0103171>
- Krehbiel, C., Rust, S., Zhang, G., & Gilliland, S. (2003). Bacterial direct-fed microbials in ruminant diets: Performance response and mode of action. *Journal of Animal Science*, 81(14 suppl_2), E120-E132 .
- Lebeer, S., Vanderleyden, J., & De Keersmaecker, S. C. J. (2010). Host interactions of probiotic bacterial surface molecules: comparison with commensals and pathogens. *Nature reviews microbiology*, 8(3), 171-184. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2297>
- Li, F., Neves, A. L. A., Ghoshal, B., & Guan, L. L. (2018). Symposium review: Mining metagenomic and metatranscriptomic data for clues about microbial metabolic functions in ruminants¹. *Journal of dairy science*, 101(6), 5605-5618. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13356>
- Li, K., Shi, B., & Na, R. (2023b). The colonization of Rumen Microbiota and intervention in pre-weaned ruminants. *Animals (Basel)*, 13(6), 994. <https://doi.org/10.3390/ani13060994>
- Liu, H., Xu, T., Xu, S., Ma, L., Han, X., Wang, X., Zhang, X., Hu, L., Zhao, N., Chen, Y., Pi, L., & Zhao, X. (2019). Effect of dietary concentrate to forage ratio on growth performance, rumen fermentation and bacterial diversity of Tibetan sheep under barn feeding on the Qinghai-Tibetan plateau. *PeerJ*, 7, e7462. <https://doi.org/10.7717/peerj.7462>
- Liu, K., Zhang, Y., Yu, Z., Xu, Q., Zheng, N., Zhao, S., Huang, G., & Wang, J. (2021). Ruminal microbiota-host interaction and its effect on nutrient metabolism. *Anim. Nutr.*, 7(1), 49-55. <https://doi.org/10.1016/j.aninu.2020.12.001>
- Lourenço, M., Ramos-Morales, E., & Wallace, R. J. (2010). The role of microbes in rumen lipolysis and biohydrogenation and their manipulation. *animal*, 4(7), 1008-1023. <https://doi.org/10.1017/S175173111000042X>
- Ma, X., Wang, B., Xu, M., Zhang, Y., Liu, N., Teng, L., Li, Z., Yang, H., Xie, X., Zhang, B., Wang, Z., Wang, Y., Liu, J., Bao, J., & Luo, H. (2025). Multiomics insights into rumen microbiome and function in grazing lambs: implications for nutrient absorption and grassland sustainability. *Microbiome*, 14(1), 30. <https://doi.org/10.1186/s40168-025-02200-z>
- Ma, Y., Yang, P., Li, P., Elsabagh, M., Cheng, L., Chen, H., Feng, Y., Li, Z., & Xu, M. (2024). Dietary thiamine supplementation modulates ruminal microbiota and partly restores lactation performance in lactating Hu ewes under heat-stress conditions. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 318(116119), Not Available. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2024.116119>
- Majhi, S., Kerry, R. G., & Sahoo, L. (2024). Profiling of microbiome diversity in cattle: present status and future perspectives. In *Applications of Metagenomics* (pp. 129-142). Elsevier .
- Malmuthuge, N., & Guan, L. L. (2017). Understanding host-microbial interactions in rumen: searching the best opportunity for microbiota manipulation. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 8(1), 8. <https://doi.org/10.1186/s40104-016-0135-3>
- Mao, S. Y., Huo, W. J., & Zhu, W. Y. (2016). Microbiome-metabolome analysis reveals unhealthy alterations in the composition and metabolism of ruminal microbiota with increasing dietary grain in a goat model. *Environ Microbiol*, 18(2), 525-541. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.12724>

- Martin, C., Morgavi, D. P., & Doreau, M. (2010). Methane mitigation in ruminants: from microbe to the farm scale. *animal*, 4(3), 351-365. <https://doi.org/https://doi.org/10.1017/S1751731109990620>
- Matthews, C., Crispie, F., Lewis, E., Reid, M., O'Toole, P. W., & Cotter, P. D. (2019). The rumen microbiome: a crucial consideration when optimising milk and meat production and nitrogen utilisation efficiency. *Gut Microbes*, 10(2), 115-132. <https://doi.org/10.1080/19490976.2018.1505176>
- Michalak, M., Wojnarowski, K., Cholewińska, P., Szeligowska, N., Bawej, M., & Pacoń, J. (2021). Selected Alternative Feed Additives Used to Manipulate the Rumen Microbiome. *Animals*, 11(6), 1542. <https://doi.org/10.3390/ani11061542>
- Mizrahi, I., & Jami, E. (2018). Review: The compositional variation of the rumen microbiome and its effect on host performance and methane emission. *Animal*, 12(s2), s220-s232. <https://doi.org/10.1017/S1751731118001957>
- Moraïs, S., & Mizrahi, I. (2019). Islands in the stream: from individual to communal fiber degradation in the rumen ecosystem. *FEMS Microbiology Reviews*, 43(4), 362-379. <https://doi.org/10.1093/femsre/fuz007>
- Morgavi, D. P., Kelly, W. J., Janssen, P. H., & Attwood, G. T. (2013). Rumen microbial (meta)genomics and its application to ruminant production. *animal*, 7, 184-201. <https://doi.org/https://doi.org/10.1017/S1751731112000419>
- Muñoz-Tamayo, R., Davoudkhani, M., Fakih, I., Robles-Rodriguez, C. E., Rubino, F., Creevey, C. J., & Forano, E. (2023). Review: Towards the next-generation models of the rumen microbiome for enhancing predictive power and guiding sustainable production strategies. *Animal*, 17 Suppl 5(100984), 100984. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2023.100984>
- Nagaraja, T. G., & Lechtenberg, K. F. (2007). Acidosis in feedlot cattle. *Vet Clin North Am Food Anim Pract*, 23(2), 333-350, viii-ix. <https://doi.org/10.1016/j.cvfa.2007.04.002>
- Nagaraja, T. G., & Titgemeyer, E. C. (2007). Ruminant Acidosis in Beef Cattle: The Current Microbiological and Nutritional Outlook1, 2. *Journal of Dairy Science*, 90, E17-E38. <https://doi.org/https://doi.org/10.3168/jds.2006-478>
- Newbold, C. J., de la Fuente, G., Belanche, A., Ramos-Morales, E., & McEwan, N. R. (2015). The role of ciliate protozoa in the Rumen. *Front. Microbiol.*, 6, 1313. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01313>
- O'Hara, E., Neves, A. L. A., Song, Y., & Guan, L. L. (2020). The Role of the Gut Microbiome in Cattle Production and Health: Driver or Passenger? *Annu Rev Anim Biosci*, 8, 199-220. <https://doi.org/10.1146/annurev-animal-021419-083952>
- Ogunade, I., Schweickart, H., Andries, K., Lay, J., & Adeyemi, J. (2018). Monensin Alters the Functional and Metabolomic Profile of Rumen Microbiota in Beef Cattle. *Animals (Basel)*, 8(11). <https://doi.org/10.3390/ani8110211>
- Parada Venegas, D., De la Fuente, M. K., Landskron, G., González, M. J., Quera, R., Dijkstra, G., Harmsen, H. J. M., Faber, K. N., & Hermoso, M. A. (2019). Short Chain Fatty Acids (SCFAs)-Mediated Gut Epithelial and Immune Regulation and Its Relevance for Inflammatory Bowel Diseases [Review]. *Frontiers in Immunology*, Volume 10 - 2019. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2019.00277>
- Patra, A. K., & Yu, Z. (2012). Effects of essential oils on methane production and fermentation by, and abundance and diversity of, rumen microbial populations. *Appl Environ Microbiol*, 78(12), 4271-4280. <https://doi.org/10.1128/aem.00309-12>
- Peng, L., Li, Z. R., Green, R. S., Holzman, I. R., & Lin, J. (2009). Butyrate enhances the intestinal barrier by facilitating tight junction assembly via activation of AMP-activated protein kinase in Caco-2 cell monolayers. *J Nutr*, 139(9), 1619-1625. <https://doi.org/10.3945/jn.109.104638>
- Plaizier, J. C., Danesh Mesgaran, M., Derakhshani, H., Golder, H., Khafipour, E., Kleen, J. L., Lean, I., Looor, J., Penner, G., & Zebeli, Q. (2018). Review: Enhancing gastrointestinal health in dairy cows. *animal*, 12, s399-s418. <https://doi.org/https://doi.org/10.1017/S1751731118001921>
- Plaizier, J. C., Li, S., Tun, H. M., & Khafipour, E. (2017). Nutritional models of experimentally-induced subacute ruminal acidosis (SARA) differ in their impact on rumen and hindgut bacterial communities in dairy cows. *Frontiers in microbiology*, 7, 2128.
- Pokhrel, B., & Jiang, H. (2024). Postnatal growth and development of the rumen: integrating physiological and molecular insights. *Biology*, 13(4), 269.
- Rico, J. E., & Barrientos-Blanco, M. A. (2024). Invited review: Ketone biology-The shifting paradigm of ketones and ketosis in the dairy cow. *J. Dairy Sci.*, 107(6), 3367-3388. <https://doi.org/10.3168/jds.2023-23904>
- Roehe, R., Dewhurst, R. J., Duthie, C.-A., Rooke, J. A., McKain, N., Ross, D. W., Hyslop, J. J., Waterhouse, A., Freeman, T. C., & Watson, M. (2016). Bovine host genetic variation influences rumen microbial methane production with best selection criterion for low methane emitting and efficiently feed converting hosts based on metagenomic gene abundance. *PLoS genetics*, 12(2), e1005846. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1005846>
- Russell, J. B., & Rychlik, J. L. (2001). Factors that alter rumen microbial ecology. *Science*, 292(5519), 1119-1122.
- Russell, J. B., & Wilson, D. B. (1996). Why are ruminal cellulolytic bacteria unable to digest cellulose at low pH? *J Dairy Sci*, 79(8), 1503-1509. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(96\)76510-4](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(96)76510-4)

- Shinkai, T., Takizawa, S., Fujimori, M., & Mitsumori, M. (2024). - Invited Review - The role of rumen microbiota in enteric methane mitigation for sustainable ruminant production. *Anim Biosci*, 37(2), 360-369. <https://doi.org/10.5713/ab.23.0301>
- Stern, M. D., Bach, A., & Calsamiglia, S. (1997). Alternative techniques for measuring nutrient digestion in ruminants. *Journal of Animal Science*, 75(8), 2256-2276.
- Su, M., Hao, Z., Shi, H., Li, T., Wang, H., Li, Q., Zhang, Y., & Ma, Y. (2022). Metagenomic Analysis Revealed Differences in Composition and Function Between Liquid-Associated and Solid-Associated Microorganisms of Sheep Rumen [Original Research]. *Frontiers in Microbiology*, Volume 13 - 2022. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.851567>
- Swier, N. M., Venkidesh, B. S., Murali, T. S., & Mumbreakar, K. D. (2023). Gut microbiota-derived metabolites and their importance in neurological disorders. *Mol. Biol. Rep.*, 50(2), 1663-1675. <https://doi.org/10.1007/s11033-022-08038-0>
- Uyeno, Y., Sekiguchi, Y., & Kamagata, Y. (2010). rRNA-based analysis to monitor succession of faecal bacterial communities in Holstein calves. *Lett Appl Microbiol*, 51(5), 570-577. <https://doi.org/10.1111/j.1472-765X.2010.02937.x>
- Uyeno, Y., Shigemori, S., & Shimosato, T. (2010). Effect of Probiotics/Prebiotics on Cattle Health and Productivity. *Microbes Environ*, 30(2), 126-132. <https://doi.org/10.1264/jsme2.ME14176>
- Wallace, R., Onodera, R., & Cotta, M. (1997). Metabolism of nitrogen-containing compounds. In *The rumen microbial ecosystem* (pp. 283-328). Springer.
- Wang, H., Qi, J.-F., Qin, R., Ding, K., Graham, D. W & Zhu, Y.-G. (2023). Intensified livestock farming increases antibiotic resistance genotypes and phenotypes in animal feces. *Communications Earth & Environment*, 4(1), 123. <https://doi.org/10.1038/s43247-023-00790-w>
- Wang, W., Zhang, Y., Zhang, X., Li, C., Yuan, L., Zhang, D., Zhao, Y., Li, X., Cheng, J., Lin, C., Zhao, L., Wang, J., Xu, D., Yue, X., Li, W., Wen, X., Jiang, Z., Ding, X., Salekdeh, G. H., & Li, F. (2023). Heritability and recursive influence of host genetics on the rumen microbiota drive body weight variance in male Hu sheep lambs. *Microbiome*, 11(1), 197. <https://doi.org/10.1186/s40168-023-01642-7>
- Weimer, P. J. (2015). Redundancy, resilience, and host specificity of the ruminal microbiota: implications for engineering improved ruminal fermentations [Review]. *Frontiers in Microbiology*, Volume 6 - 2015. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.00296>
- Wu, X., Zhang, G., Zhang, W., Zhou, J., Cong, H., Yang, G., & Liu, G. (2024). Rumen microbiota helps Tibetan sheep obtain energy more efficiently to survive in the extreme environment of the Qinghai-Tibet Plateau [Original Research]. *Frontiers in Microbiology*, Volume 15 - 2024. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1431063>
- Yáñez-Ruiz, D. R., Abecia, L., & Newbold, C. J. (2015). Manipulating rumen microbiome and fermentation through interventions during early life: a review [Review]. *Frontiers in Microbiology*, Volume 6 - 2015. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01133>
- Zebeli, Q., & Metzler-Zebeli, B. U. (2012). Interplay between rumen digestive disorders and diet-induced inflammation in dairy cattle. *Res Vet Sci*, 93(3), 1099-1108. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2012.02.004>
- Zhang, S., Zhang, Y., Wei, Y., Zou, J., Yang, B., Wang, Q., Lu, J., Lu, J., Zheng, Z., Huang, Y., & Jiang, Q. (2024). Effect of heat stress on growth performance, carcass characteristics, meat quality and rumen-muscle axis of Hu sheep. *Italian Journal of Animal Science*, 23(1), 87-100. <https://doi.org/10.1080/1828051X.2023.2284886>
- Zhang, Y., Choi, S. H., Nogoy, K. M., & Liang, S. (2021). Review: The development of the gastrointestinal tract microbiota and intervention in neonatal ruminants. *animal*, 15(8), 100316. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2021.100316>
- Zhao, Y., Li, E., Qiu, Y., Ma, X., Xiao, D., & Li, Z. (2025). Mechanisms Underlying the Effects of Rumen Microbiota Transplantation on the Growth and Development of Ruminants. *Fermentation*, 11(12), 674. <https://doi.org/https://www.mdpi.com/2311-5637/11/12/674>