

УДК 579.62+579.262

## ФЕКАЛЬНАЯ МИКРОБИОТА ЗАБАЙКАЛЬСКИХ ВЕРБЛЮДОВ (*CAMELUS BACTRIANUS*) ПРИ РАЗЛИЧНЫХ УСЛОВИЯХ СОДЕРЖАНИЯ

© 2024 г. Е. В. Лаврентьева<sup>a, b, \*</sup>, Т. Г. Банзаракцаева<sup>a</sup>, Д. Д. Цыренова<sup>a</sup>, В. Б. Дамбаев<sup>a</sup>,  
Ш. А. Бегматов<sup>c</sup>, А. В. Марданов<sup>c</sup>, Д. Д. Бархутова<sup>a</sup>

<sup>a</sup>Институт общей и экспериментальной биологии СО РАН, Улан-Удэ, 660047, Россия

<sup>b</sup>Бурятский государственный университет имени Доржи Банзарова, Улан-Удэ, 670000, Россия

<sup>c</sup>ФИЦ “Фундаментальные основы биотехнологии” РАН, Москва, 119071, Россия

\*e-mail: lena\_l@mail.ru

Поступила в редакцию 16.10.2023 г.

После доработки 10.11.2023 г.

Принята к публикации 10.11.2023 г.

Выявлено микробное разнообразие в образцах фекалий двугорбых верблюдов Забайкалья при различных условиях содержания (свободный выпас, смешанное и стойловое содержание) с помощью высокопроизводительного секвенирования V3–V4 переменных участков гена 16S рРНК. Показано, что прокариотное сообщество в фекальной микробиоте является разнообразным, и зависит от условий содержания верблюдов. Наиболее распространенными филумами фекальной микробиоты верблюдов были *Bacillota* и *Bacteroidota*. Филум *Verrucomicrobiota* являлся кодоминантом в фекальной микробиоте I и II группы животных, *Actinomycetota* — в микробном сообществе фекалий верблюдов III группы. Изменения в структуре фекальной микробиоты и таксономическом составе происходят в зависимости от условий содержания. Различия в сообществах фекальной микробиоты между самками и самцами верблюдов заключались в обилии таксонов, а не в их присутствии или отсутствии. Полученные результаты вносят вклад в современное понимание фекальной микробиоты верблюдов при различных условиях содержания и предоставляют свидетельства о влиянии питания на микробиоту фекалий при различных условиях содержания. Наши результаты могут быть полезны для решения вопросов воспроизводства и сохранения забайкальского верблюда (*Camelus bactrianus*).

**Ключевые слова:** фекальная микробиота, высокопроизводительное секвенирование переменных участков гена 16S рРНК, забайкальский верблюд, *Camelus bactrianus*, кутикулярно-копрологический метод, условия выпаса

DOI: 10.31857/S0026365624020224

Домашние двугорбые верблюды (*Camelus bactrianus*) распространены в Центральной (Казахстан, Иран) и Восточной (Россия, Монголия, Китай) Азии. Эти животные естественным образом адаптировались к суровым условиям окружающей среды: от скалистых гор до сухих степей и холодных (полу)пустынь (Mohandesan et al., 2017). Если микробиом двугорбых верблюдов Китая, Индии и Монголии изучается в течение последнего десятилетия (Ming et al., 2017; He et al., 2018; Gharechahi et al., 2022), то исследования микробиома двугорбых верблюдов России начаты Карначук О.В. и др., в 2021 г. (Karnachuk et al., 2023).

Цель настоящего исследования — изучить микробное разнообразие в образцах фекалий двугорбых верблюдов Забайкалья при различных условиях содержания (свободный выпас, смешанное содержание, стойловое содержание) с помощью

высокопроизводительного секвенирования ампликонов гена 16S рРНК.

В Забайкалье обитает популяция двугорбых верблюдов (*C. bactrianus*) — забайкальский верблюд, который имеет монгольское происхождение. В XXI веке верблюды забайкальской популяции практически исчезли, так, по данным Росстата на 01.08.2021 г., насчитывалось 256 голов, которые в основном находились на свободном пастбищном выпасе. Содержание в стойловом или пастбищно-стойловом содержании в животноводческих хозяйствах не распространено. В настоящее время остро стоит вопрос о восстановлении и сохранении популяции забайкальских верблюдов. Исследование микробиома внесет вклад в решение данного вопроса, т.к. состав микробиома животного тесно связан с окружающей средой и образом жизни.

Образцы фекалий у 6 двугорбых верблюдов забайкальской популяции были отобраны на

территории Забайкальского края и республики Бурятия весной 2022 года. Нами определены три группы животных в зависимости от содержания: I группа — 7-летняя самка и 4-летний самец, находящиеся круглый год на свободном пастбищном выпасе (Забайкальский край); II группа — 7-летняя самка и 10-летний самец, находящиеся на смешанном (пастбищно-стойловом) выпасе, на огороженной территории Агинского дацана в Забайкальском крае; III группа — 6-летняя самка и 6-летний самец, находящиеся на стойловом содержании на территории этнозоопарка в Республике Бурятия.

Свежие образцы фекалий собирали сразу после дефекации в пластиковые герметично закрывающиеся пакеты. Транспортировка в лабораторию осуществлялась в сухом льду в течение 12 ч. Тотальную геномную ДНК из фекалий экстрагировали с использованием набора для выделения ДНК Power Soil (“MO BIO Laboratories, Inc.”, Карлсбад, Калифорния, США) и хранили при  $-20^{\circ}\text{C}$ . ПЦР-амплификацию фрагментов гена 16S рРНК, включающих переменные регионы V3–V4, проводили с использованием универсальных прокариотических праймеров PRK 341F (5'-CCTAYG GGBGWCWSCAG) и 806R (5'-GGA CTA CNVGGG THTCTAAT) (Frey et al., 2016).

Библиотеки были проиндексированы с использованием Nextera XT Index Kit v.2 (“Illumina”, США) и секвенированы на платформе MiSeq в формате парного чтения ( $2 \times 300$ ). Парные чтения были объединены с помощью FLASH v.1.2.11 (Magoc et al., 2011). Последовательности гена 16S

рРНК были кластеризованы в операционные таксономические единицы (ОТЕ) с 97% идентичностью с использованием программы USEARCH v. 11 (Edgar, 2010). Считывания низкого качества, химерные последовательности и одиночные элементы были удалены алгоритмом USEARCH. Для расчета распространенности ОТЕ все полученные чтения были сопоставлены с последовательностями ОТЕ с порогом идентичности 97% с помощью USEARCH. Таксономическое присвоение OTU осуществляли путем поиска в базе данных последовательностей рРНК SILVA v.138 с использованием алгоритма VSEARCH v. 2.14.1 (Rognes et al., 2016). Последовательности фрагментов гена 16S рРНК депонированы в базе NCBI Sequence Read Archive (SRA) и доступны через BioProject PRJNA785979.

Для определения качественного и количественного состава кормов в образцах фекалий использовали метод микроскопического кутикулярно-копрологического анализа растений (Holechek et al., 1982). Корреляционный анализ Пирсона (порог значимости  $p < 0.05$ ) между фекальной микробиотой и рационом верблюдов был проведен с использованием программного обеспечения Statistica12 (“StatSoft”, США).

В общей сложности в 6 образцах фекалий было получено 52871 достоверных нуклеотидных последовательностей. Наблюдаемое богатство и филогенетическое разнообразие были использованы для оценки разнообразия микробных сообществ.

**Таблица 1.** Разнообразие и таксономическая структура и фекальной микробиоты верблюдов

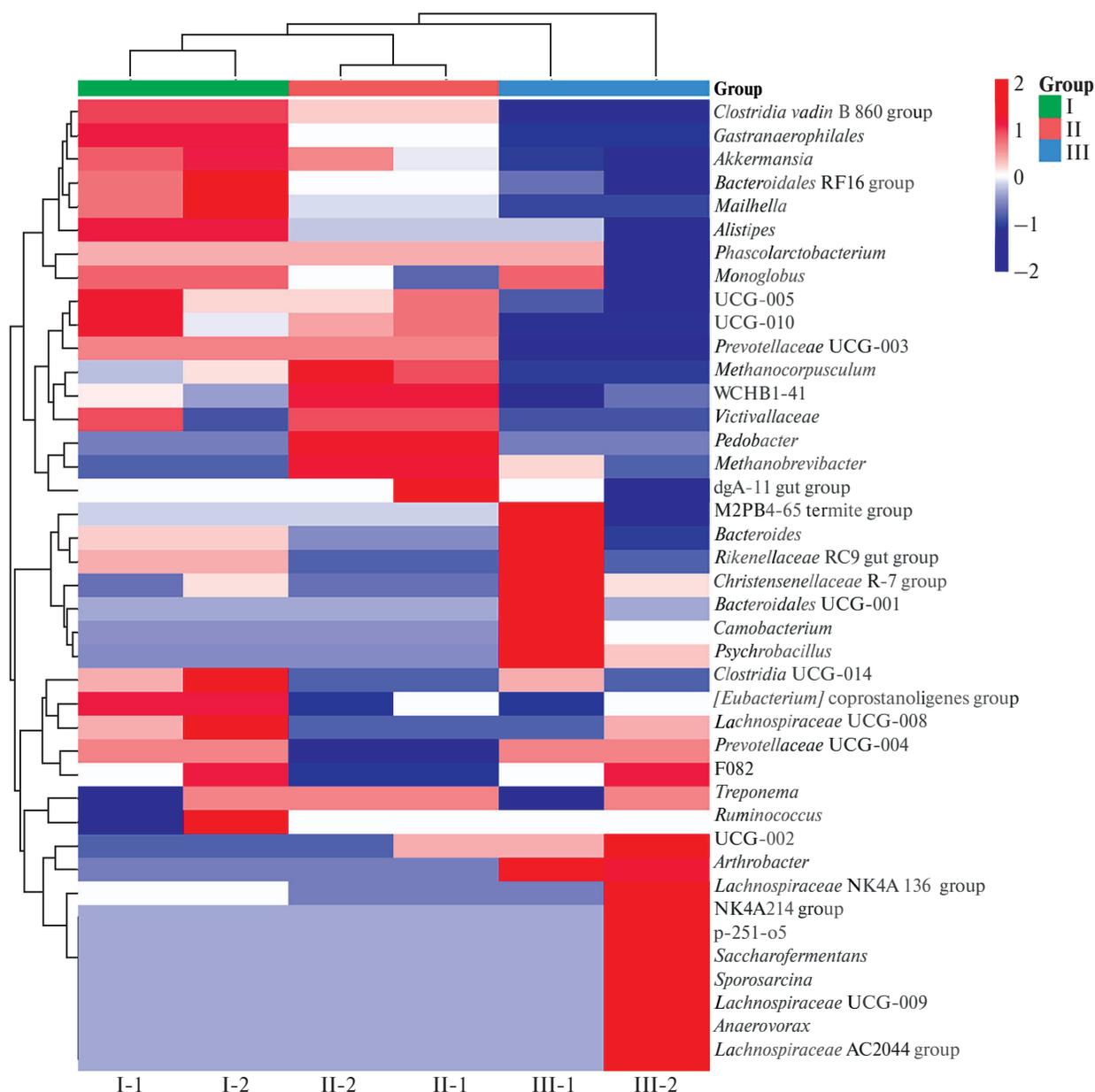
Группа	I		II		III	
	Самка	Самец	Самка	Самец	Самка	Самец
Пол						
Возраст	7	4	7	10	6	6
Количество последовательностей	11711	9393	7557	8111	9969	6130
ОТЕ	1079	1018	760	733	788	716
Индексы $\alpha$ -разнообразия						
Shannon	5.8	5.7	5.3	5.2	5.0	5.3
Chao-1	1470	1459	1012	932.8	967.3	725
ACE	1429	1417	1057	950.8	994.4	742.2
Таксономическая структура (%)						
<i>Bacillota</i>	49.7	46.1	48.0	43.3	49.8	67.4
<i>Bacteroidota</i>	25.6	28.1	20.9	21.4	32.7	14.6
<i>Actinomycetota</i>	0.1	0.1	2.0	2.0	12.6	12.0
<i>Verrucomicrobiota</i>	14.9	14.5	16.9	19.6	1.3	2.2
<i>Euryarchaeota</i>	0.5	0.4	1.9	2.0	1.6	0.2
<i>Halobacterota</i>	2.4	2.6	4.8	5.7	0.1	0.5
Другие	6.8	8.2	5.5	6	1.9	3.1

Количество ОТЕ и показатели  $\alpha$ -разнообразия различались между группами животных (табл. 1). Индекс разнообразия Шеннона и значения Chao1 и ACE, основанные на оценке охвата, были значительно выше в I группе животных.

В фекальной микробиоте верблюдов забайкальской популяции доминировали бактериальные филумы *Bacillota* и *Bacteroidota* независимо от условий содержания, возраста и пола верблюдов. Считается, что обилие этих двух основных филумов в значительной степени соответствует зрелому микробиому верблюдов (Gharechahi et al., 2015). Филум *Verrucomicrobiota* являлся кодоминантом

в фекальной микробиоте I и II групп животных, *Actinomycetota* – в микробном сообществе фекалий верблюдов III группы, находящихся на стойловом содержании. Другие бактериальные последовательности (>1% всех последовательностей гена 16S рРНК) были отнесены к следующим филумам: *Cyanobacteriota*, *Pseudomonadota*, *Spirochaetota* и *Thermodesulfobacterota*. Археи были представлены филумами *Halobacterota* и *Euryarchaeota* и наибольшее количество обнаружены во II группе животных, при смешанном выпасе.

На родовом уровне в фекальной микробиоте I группы наиболее распространенными представителями



**Рис. 1.** Тепловая карта, показывающая иерархическую кластеризацию состава фекальной микробиоты среди трех групп (I, II, III) животных на основе высокопроизводительного секвенирования ампликонов гена 16S рРНК (I-1, II-1, III-1 самки; I-2, II-2, III-2 самцы).

микроорганизмов являлись *Akkermansia*, *Bacteroides*, *Monoglobus*, *Alistipes*, *Methanocorpusculum*, *Mailhella* и некультивируемые *UCG-010*, *Clostridia vadinBB60 group*, *Rikenellaceae RC9 gut group*, *WCHB1-41*. Доминантные таксоны на уровне рода *Akkermansia*, *Methanobrevibacter*, *Methanocorpusculum* и некультивируемые *UCG-010*, *UCG-005*, *WCHB1-41*, *Rikenellaceae RC9 gut group*, [*Eubacterium*] *coprostanoligenes group*, *Prevotellaceae UCG-003* были обнаружены во II группе животных, находящихся на смешанном выпасе. Другие рода, такие как *Arthrobacter*, *Psychrobacillus*, *Carnobacterium* и *Christensenellaceae R-7 group*, *Bacteroides*, *F082, p-251-o5*, *Lachnospiraceae NK4A136 group*, *Lachnospiraceae UCG-009*, *Bacteroidales UCG-001* были доминирующими в III группе животных (рис. 1).

Бактерии филума *Bacillota* и *Bacteroidota* были наиболее распространенными представителями в фекальной микробиоте верблюдов, что согласуется с предыдущими исследованиями (Samsudin et al., 2011, Rabee et al., 2020; Karnachuk et al., 2023). Представители *Bacillota* и *Bacteroidota* с функциональной точки тесно связаны с метаболизмом углеводов, белков и клетчатки и, вероятно, играют главную роль в переваривании корма у верблюдов (Huo et al., 2014). Высокая доля *Ruminococcaceae* и *Lachnospiraceae*, *Rikenellaceae* и *Christensenellaceae* подтверждает это предположение. Кроме того, *Ruminococcaceae* и *Christensenellaceae* рассматриваются как потенциально полезные бактерии, поскольку они участвуют в положительной регуляции кишечной среды и связаны с иммуномодуляцией и здоровым гомеостазом (He et al., 2019).

Филум *Verrucomicrobiota* в I и II группе животных в основном представлен бактериями рода *Akkermansia*, которые играют важную роль в биологии двугорбых верблюдов. Было отмечено, что бактерии рода *Akkermansia* способствуют снижению уровня глюкозы в крови и предоставляют возможность переносить высокое потребление соли с пищей (He et al., 2018). В отличие от I и II групп животных, в III группе выявлено содоминирование бактерий рода *Arthrobacter* филума *Actinomycetota*. По данным EzBioCloud все филоциты, полученные в данном исследовании, были близкородственными к культивируемым видам *Arthrobacter gengyunqii* и *Arthrobacter sunyamini*, которые были выделены из фекалий и содержимого кишечника гималайского сурка на уровне 99% сходства (Zhang et al., 2022; Liu et al., 2023).

Мы предполагаем, что распространение *Arthrobacter* в фекальной микробиоте у III группы животных связано с питанием. Питание верблюдов в этнозоопарке состоит на 80% из сена, 15% из кормового концентрата (зерносмесь ячменя, пшеницы, отрубей пшеничных; ГОСТ 51899-2002) и 5% из корнеплодов. Высокая относительная численность *Arthrobacter* в фекалиях верблюдов, находящихся на стойловом содержании, требует

дальнейших исследований, т.к. в настоящее время имеется значительный недостаток информации о роли *Actinobacteriota* в биологии и экологии микробиома кишечника животных.

Микростологический анализ фекалий верблюдов выявил фрагменты 35 видов растений. Основу рациона у животных групп I и III составляло разнотравье (82 и 87.6%). В образцах фекалий верблюдов группы I наиболее встречаемыми видами являлись *Lappula myosotis* (26%), *Carex pediformis* (16%), *Aster alpinus* и *Saussurea salicifolia* (по 10%). У верблюдов группы III в фекалиях преимущественно были обнаружены *Artemisia sieversiana* и *Lappula myosotis* (по 16%), *Carex pediformis* (15%), *Thermopsis lanceolata* и *Goniolimon speciosum* (по 9%). В фекалиях верблюдов группы II основу рациона составляли злаковые с доминированием *Agropyron cristatum* (51%). Вероятно, преобладание в питании верблюдов II группы одного вида растения связано с ограниченной территорией выпаса.

Корреляционный анализ по Пирсону (порог значимости  $p < 0.05$ ) между фекальной микробиотой и рационом показал, что 36 доминирующих родов бактерий были в значительной степени связаны с 15 видами растений. *Bacteroides*, *Mailhella*, *Ruminococcus*, *Methanocorpusculum*, некультивируемые *UCG-014*, *Rikenellaceae RC9 gut group* и *WCHB1-41*, доминирующие в фекальной микробиоте I и II групп верблюдов, положительно коррелировали с растениями видов *Lappula myosotis*, *Koeleria cristata*, *Schizonepeta multifida*, *Potentilla acaulis*, *Agropyron cristatum* ( $r = 0.8-0.9$ ). Доминирующие рода бактерий I и II групп животных имели отрицательные коэффициенты корреляции ( $r = -0.8$  и  $-0.9$ ) с видами растений *Goniolimon speciosum*, *Artemisia sieversiana* и *Thermopsis lanceolata*. Доминанты фекальной микробиоты III группы *NK4A214 group*, *Arthrobacter*, *Bacteroidales UCG-001*, *Psychrobacillus* показали положительную взаимосвязь ( $r = 0.9$ ) с *Goniolimon speciosum*, *Artemisia sieversiana*, *Thermopsis lanceolata*, *Artemisia dracuncul*, *Achnatherum splendens*. Следует отметить, что доминанты фекальной микробиоты III группы верблюдов, в отличие от фекальной микробиоты I и II групп, имели наибольшее количество положительных корреляций с растениями, что, вероятно, обусловлено более разнообразным питанием.

Результаты этого исследования ясно продемонстрировали, что изменения в структуре фекальной микробиоты и таксономическом составе происходят при различных условиях содержания верблюдов и их питания. Кроме того, у самок и самцов были обнаружены разные доминанты на уровне рода. Так, например, в III группе животных было показано доминирование у самок представителей *Bacteroides*, *Monoglobus*, *Prevotellaceae UCG-003*, *Phascolarctobacterium*, *Bacteroidales UCG-001*,

*Psychrobacillus* и *Carnobacterium*, тогда как у самцов доминировали *WCHB1-41*, *Clostridia\_UCG-014*, *F082*, *p-251-o5*, *Lachnospiraceae\_NK4A136\_group* и *Anaerovorax*. В целом, необходимо отметить, что различия в сообществах фекальной микробиоты между самками и самцами верблюдов заключаются в обилии таксонов, а не в их присутствии или отсутствии. Считается, что наибольшее разнообразие у самок верблюдов связано с физиологией, т.к. им требуется больше энергии в процессе лактации и размножения (Bhatt et al., 2013).

Таким образом, пилотное исследование показало, что прокарриотное сообщество в фекальной микробиоте является разнообразным и зависит от условий содержания верблюдов. Отмечено, что свободный выпас верблюдов обусловил обилие бактерий, разлагающих клетчатку (*Ruminococcaceae* и *Rikenellaceae*), в то время как кормление на стойловом содержании увеличивало количество бактерий, разлагающих белки и углеводы (*Caryophanaceae*). Полученные результаты вносят вклад в современное понимание фекальной микробиоты верблюдов при различных условиях содержания и предоставляют свидетельства о влиянии питания на микробиоту фекалий при различных условиях содержания.

#### ФИНАНСИРОВАНИЕ РАБОТЫ

Работа выполнена при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019–2027 годы (Соглашение № 075-15-2021-1401 от 3 ноября 2021 г.).

#### СОБЛЮДЕНИЕ ЭТИЧЕСКИХ СТАНДАРТОВ

Настоящая статья не содержит результатов исследований, где в качестве объектов использовались люди или животные.

#### КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Aricha H., Simujide H., Wang C., Zhang J., Lv W., Jimisi X., Liu B., Chen H., Zhang C., He L., Cui Y., Gao R., Aorigele C. Comparative analysis of fecal microbiota of grazing mongolian cattle from different regions in Inner Mongolia, China // *Animals* (Basel). 2021. V. 11. Art. 1938.  
Bhatt V.D., Dande S.S., Patil N.V., Joshi C.G. Molecular analysis of the bacterial microbiome in the forestomach fluid from the dromedary camel (*Camelus dromedarius*) // *Mol. Biol. Rep.* 2013. V. 40. P. 3363–3371.

Edgar R.C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST // *Bioinformatics*. 2010. V. 26. P. 2460–2461.

Frey B., Rime T., Phillips M., Stierli B., Hajdas I., Widmer F., Hartmann M. Microbial diversity in European alpine permafrost and active layers // *FEMS Microbiol. Ecol.* 2016. V. 92. Art. fiw018.

Gharechahi J., Sarikhan S., Han J.L., Ding X. Zh., Salekdeh G.H. Functional and phylogenetic analyses of camel rumen microbiota associated with different lignocellulosic substrates // *NPJ Biofilms Microbiomes*. 2022. V. 8. Art. 46.

Gharechahi J., Zahiri H.S., Noghabi K.A., Salekdeh G.H. In-depth diversity analysis of the bacterial community resident in the camel rumen // *Syst. Appl. Microbiol.* 2015. V. 38. P. 67–76.

Holechek J.L., Vavra M., Pieper R.D. Botanical composition determination of range herbivore diets: a review // *J. Range Manage.* 1982. V. 35. P. 309–315.

He J., Yi L., Hai L. Ming L., Gao W., Ji R. Characterizing the bacterial microbiota in different gastrointestinal tract segments of the Bactrian camel // *Sci. Rep.* 2018. V. 8. Art. 654.

He J., Hai L., Orgoldol K., Yi L., Ming L., Guo F., Li G., Ji R. High-throughput sequencing reveals the gut microbiome of the Bactrian camel in different ages // *Curr. Microbiol.* 2019. V. 76. P. 810–817.

Henderson G., Cox F., Ganesh S., Jonker A., Young W. Global Rumen Census Collaborators & Janssen, P.H. Rumen microbial community composition varies with diet and host, but a core microbiome is found across a wide geographical range // *Sci. Rep.* 2015. V. 5. Art. 14567.

Huo W., Zhu W., Mao S. Impact of subacute ruminal acidosis on the diversity of liquid and 446 solid-associated bacteria in the rumen of goats // *World J. Microbiol. Biotechnol.* 2014. V. 30. P. 669–680.

Rabee A.E., Forster R., Elekwachi C., Sabra E., Lamera M. Comparative analysis of the metabolically active microbial communities in the rumen of dromedary camels under different feeding systems using total rRNA sequencing // *Peer J.* 2020. V. 8. Art. e10184.

Rognes T., Flouri T., Nichols B., Quince C., Mahé F. VSEARCH: a versatile open source tool for metagenomics // *Peer J.* 2016. V. 4. Art. e2584.

Karnachuk O.V., Panova I.A., Panov V.L., Ikkert O.P., Kadnikov V.V., Rusanov I.I., Avakyan M.R., Glukhova L.B., Lukina A.P., Rakitin A.V., Begmatov S., Beletsky A.V., Pimenov N.V., Ravin N.V. Active sulfate-reducing bacterial community in the camel gut // *Microorganisms*. 2023. V. 11. Art. 401.

Liu Y., Zhang G., Yang J., Cheng Y., Ye L., Lai X.H., Yang C., Ma C., Tao Y., Jin D., Lu S., Liu L., Xu J. *Arthrobacter caoxuetaonis* sp. nov., *Arthrobacter zhangbolii* sp. nov. and *Arthrobacter gengyunqii* sp. nov., isolated from Marmota himalayana faeces from Qinghai-Tibet Plateau // *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2023. V. 73. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.005742>

Magoc T., Salzberg S. FLASH: Fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies // *Bioinformatics*. 2011. V. 27. P. 2957–2963.

- Ming L., Yi L., Siriguleng., Hasi S., He J., Hai L., Wang Z., Guo F., Qiao X., Jirimutu. Comparative analysis of fecal microbial communities in cattle and Bactrian camels // PLoS One. 2017. V. 12. Art. e0173062.
- Mohandesan E., Fitak R.R., Corander J., Yadamsuren A., Chuluunbat B., Abdelhadi O., Raziq A., Nagy P., Stalder G., Walzer C. Mitogenome sequencing in the genus *Camelus* reveals evidence for purifying selection and long-term divergence between wild and domestic Bactrian camels // Sci. Rep. 2017. V. 7. Art. 9970.
- Samsudin A.A., Evans P.N., Wright A.D., Aj Jassim R. Molecular diversity of the foregut bacteria community in the dromedary camel (*Camelus dromedarius*) // Environ. Microbiol. 2011. V. 13. P. 3024–3035.
- Zhang G., Yang J., Jin D., Lai X.H., Lu S., Ren Z., Qin T., Liu L., Pu J., Liu Y., Ye L., Zhou J., Lv X., Tao Y., Xu J. *Arthrobacter sunyaminii* sp. nov. and *Arthrobacter jiangjiafuii* sp. nov., new members in the genus *Arthrobacter* // Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 2022. V. 72. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.005181>

---



---

 SHORT COMMUNICATIONS
 

---



---

## Fecal Microbiota of Transbaikal Camels (*Camelus bactrianus*) under Different Systems of Grazing Management

E. V. Lavrentyeva<sup>1, 2, \*</sup>, T. G. Banzaraktsaeva<sup>1</sup>, D. D. Tsyrenova<sup>1</sup>, V. B. Dambaev<sup>1</sup>, Sh. A. Begmatov<sup>3</sup>, A. V. Mardanov<sup>3</sup>, and D. D. Barkhutova<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institute of General and Experimental Biology, Siberian Branch, Russian Academy of Sciences, Ulan-Ude, 660047 Russia

<sup>2</sup>Buryat State University named after D. Banzarov, Ulan-Ude, 670000 Russia

<sup>3</sup>Research Center of Biotechnology, Russian Academy of Sciences, Moscow, 119071 Russia

\*e-mail: lena\_l@mail.ru

Received October 16, 2023; revised November 10, 2023; accepted November 10, 2023

**Abstract**—Microbial diversity in the fecal samples of Bactrian camels in Transbaikalia under various grazing management (free grazing (group I), mixed (group II) and stall housing (group III)) was revealed using high-throughput sequencing of the 16S rRNA gene variable regions. The microbial community of the fecal microbiota was found to be diverse and to depend on the camel grazing management. The most common phyla of the camel fecal microbiota were *Bacillota* and *Bacteroidota*. The phylum *Verrucomicrobiota* was a codominant in the fecal microbiota of groups I and II of animals, and *Actinomycetota*, in the feces of camels of group III. Changes in the fecal microbiota structure and taxonomic diversity occurred as camel grazing management and feeding conditions changed. Free grazing resulted in high diversity of the prokaryotic community in the fecal microbiota. In addition, differences in taxonomic composition depending on sex were found, which were in the abundance of taxa rather than in their presence or absence. The results contribute to the current understanding of the fecal microbiota of camels under different management conditions and provide evidence of the influence of nutrition on the fecal microbiota under different management conditions. Our results may be useful for addressing the issues of reproduction and conservation of the Transbaikal camel (*Camelus bactrianus*).

**Keywords:** fecal microbiota, high-throughput sequencing of 16S rRNA gene variable region, Transbaikal camels, *Camelus bactrianus*, cuticular-coprological method, grazing management