

DOI 10.52368/2078-0109-2023-59-4-96-101  
УДК 579.62:577.29**РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ ГЕНОВ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ БАКТЕРИЙ У СВИНЕЙ  
В ПЕРИОД ОТКОРМА (*SUS SCROFA DOMESTICUS*)**

<sup>\*,\*\*</sup>Сыромятников М.Ю. ORCID ID 0000-0001-9028-0613, <sup>\*</sup>Шабунин С.В. ORCID ID 0000-0002-2689-6998,  
<sup>\*\*</sup>Нестерова Е.Ю. ORCID ID 0000-0003-0918-3547, <sup>\*\*\*</sup>Гладких М.И. ORCID ID 0000-0003-1173-1565,  
<sup>\*\*\*\*</sup>Смирнова Ю.Д. ORCID ID 0000-0002-5820-1804, <sup>\*\*\*\*\*</sup>Грязнова М.В. ORCID ID 0000-0003-2076-3868,  
<sup>\*\*\*\*\*</sup>Буракова И.Ю. ORCID ID 0000-0002-5881-0845, <sup>\*\*\*\*\*</sup>Морозова П.Д. ORCID ID 0009-0000-0075-9170,  
<sup>\*\*\*\*\*</sup>Михайлов Е.В. ORCID ID 0000-0001-5457-1325

<sup>\*</sup>ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский ветеринарный институт патологии, фармакологии  
и терапии», г. Воронеж, Российская Федерация

<sup>\*\*</sup>ФГБОУ ВО «Воронежский государственный университет»,  
г. Воронеж, Российская Федерация

<sup>\*\*\*</sup>ФГБОУ ВО «Воронежский государственный университет инженерных технологий»,  
г. Воронеж, Российская Федерация

Целью исследования стал анализ кишечного микробиома свиней в период откорма, направленный на выявление генов антибиотикорезистентности. Высокопроизводительное секвенирование позволило суммарно получить 119 636 прочтений, биоинформатическое исследование которых выявило 17 генов антибиотикорезистентности, принадлежащих к 4 классам антибиотиков: тетрациклины (81%), бета-лактамы (11%), эритромицины (7%) и аминогликозиды (1%). Среди 5 обнаруженных генов устойчивости к тетрациклину доминировал ген Tet(W), чье процентное соотношение составляло 73% от числа всех генов антибиотикорезистентности тетрациклиновой группы. Гены устойчивости к эритромицину включали ErmB, ErmG и ErmF с преобладающим большинством последнего (88%). Среди генов резистентности к бета-лактамам антибиотикам были выявлены cfxA4 (18%), cfxA5 (10%), cfxA6 (42%) и AC11 (30%). Было установлено наличие генов резистентности к аминогликозидам – Aph3-III, Ant6-la, Ant6-lb, Sat4A и AadA1-pm. Наибольшую распространенность получили гены Aph3-III (58%), а наименьшую – AadA1-pm (3%). Результаты проведенного исследования свидетельствуют о широком присутствии генов антибиотикорезистентности в кишечном микробиоме свиней. Распространение этих генов может нести угрозу в будущем не только для сельского хозяйства, но и для здравоохранения. **Ключевые слова:** тетрациклин, эритромицин, бета-лактамы антибиотиков, аминогликозиды, гены антибиотикорезистентности, свиньи, высокопроизводительное секвенирование.

**ABUNDANCE OF BACTERIAL ANTIBIOTIC RESISTANCE GENES IN SWINE  
DURING THE FATTENING PERIOD (*SUS SCROFA DOMESTICUS*)**

<sup>\*,\*\*</sup>Syromyatnikov M.Yu., <sup>\*</sup>Shabunin S.V., <sup>\*\*\*\*</sup>Nesterova E.Yu., <sup>\*\*\*</sup>Gladkikh M.I., <sup>\*\*\*</sup>Smirnova Yu.D.,  
<sup>\*\*\*\*</sup>Gryaznova M.V., <sup>\*\*\*\*\*</sup>Burakova I.Yu., <sup>\*\*\*\*\*</sup>Morozova P.D., <sup>\*\*\*\*\*</sup>Mikhaylov E.V.

<sup>\*</sup>FSBSI "All-Russian Veterinary Research Institute of Pathology, Pharmacology and Therapy",  
Voronezh, Russian Federation

<sup>\*\*</sup>FSBEI HE "Voronezh State University",  
Voronezh, Russian Federation

<sup>\*\*\*</sup>FSBEI HE "Voronezh State University of Engineering Technologies",  
Voronezh, Russian Federation

The aim of the study was to analyze the gut microbiome of swine during the fattening period, aimed at identifying antibiotic resistance genes. High-throughput sequencing allowed a total of 119 636 readings, bioinformatic research of which revealed 17 antibiotic resistance genes belonging to 4 classes of antibiotics: tetracyclines (81%), beta-lactam antibiotics (11%), erythromycins (7%) and aminoglycosides (1%). Among the 5 detected tetracycline resistance genes, the gene Tet(W) dominated, the percentage of which was 73% of the number of all tetracycline antibiotic resistance genes. Erythromycin resistance genes included ermB, ErmG and ErmF with the overwhelming majority of the latter (88%). Among the beta-lactam antibiotic resistance genes, cfxA4 (18%), cfxA5 (10%), cfxA6 (42%) and AC11 (30%) were identified. The presence of resistance genes to aminoglycosides (Aph3-III, Ant6-la, Ant6-lb, Sat4A and aadA1-pm) was found. The most common genes were Aph3-III (58%), and the least – aadA1-pm (3%). The results of the study indicate the wide presence of antibiotic resistance genes in the gut microbiome of swine. The spread of these genes may pose a threat in the future not only for agriculture, but also for the public healthcare. **Keywords:** tetracycline, erythromycin, beta-lactam antibiotics, aminoglycosides, antibiotic resistance genes, pigs, high-throughput sequencing.

**Введение.** Производство свинины – одна из важнейших и распространенных отраслей сельского хозяйства во всем мире сейчас и в ближайшем будущем [1]. Основной задачей животноводческого комплекса является отслеживание и регулирование состояния пищеварительной системы свиней и, в частности, кишечного микробиома особей. Это позволяет снизить финансовые расходы на лечение и повысить темпы роста поголовья. Такой подход объясняется тем, что и сами микроор-

ганизмы, населяющие кишечник, и продукты их жизнедеятельности выполняют важнейшую роль в поддержании гомеостаза организма [2].

Интенсивный подход к выращиванию свиней способствует увеличению рисков распространения различных инфекций, борьба с которыми осуществляется благодаря вакцинации и применению антимикробных препаратов [1]. Однако, зачастую, использование антибиотиков не ограничивается терапевтическими и профилактическими целями, а, например, направлено на повышение продуктивности и стимуляцию роста сельскохозяйственных животных [3]. В результате это привело к широкому распространению бактериальных штаммов, в том числе и патогенных, обладающих устойчивостью к антибиотикам различных групп. Такие микроорганизмы обнаруживаются не только на свинофермах в микробиоме животных, но и за пределами хозяйств, тем самым подвергая опасности здоровье человека. Попадая в организм пероральным путем, они способны вызывать серьезные последствия. В связи с этим проблема антибиотикорезистентности бактерий является актуальной не только для сельского хозяйства и пищевой промышленности, но и для здравоохранения [3].

По этой причине **цель нашей работы** заключалась в проведении анализа кишечного микробиома свиней, направленного на выявление генов антибиотикорезистентности.

**Материалы и методы исследований.** В качестве объектов исследования выступало содержимое толстого отдела кишечника 34 взрослых особей свиней в период откорма. Для экстракции ДНК из образцов использовали коммерческий набор HiPure DNA Micro Kit (Magen, Гуанчжоу, Китай). Выделение проводили согласно протоколу производителя. Библиотеки секвенирования готовили по следующему протоколу: ДНК фрагментировали с использованием набора MGIEasy Fast FS Library Prep Module (MGI, Шэньчжэнь, Китай) с последующей очисткой магнитными частицами MGIEasy DNA Clean Beads (MGI, Шэньчжэнь, Китай). Лигирование адаптеров проводили с комплектом адаптеров A для праймеров MGIEasy UDB (MGI, Шэньчжэнь, Китай) и ПЦР-амплификацией. Качество библиотеки ДНК оценивали с использованием Qubit и набора Qubit dsDNA HS Assay Kit (Invitrogen, Уолтем, Массачусетс, США).

Дальнейшую циркуляризацию одной нити осуществляли с использованием модуля MGIEasy Dual Barcode Circularization Module (MGI, Шэньчжэнь, Китай). Окончательные библиотеки были объединены и секвенированы с использованием платформы секвенирования MGI DNBSEQ-G50 с моделью проточной ячейки для секвенирования DNBSEQ-G50RS: FCL (MGI, Шэньчжэнь, Китай). Для создания DNB использовался набор для высокопроизводительного секвенирования DNBSEQ-G50RS. Модель: FCL PE100 (MGI, Шэньчжэнь, Китай). Качество необработанных метагеномных данных оценивали с помощью инструмента FastQC. Технические последовательности и базы низкого качества ( $Q < 30$ ) были обрезаны с помощью fastp.

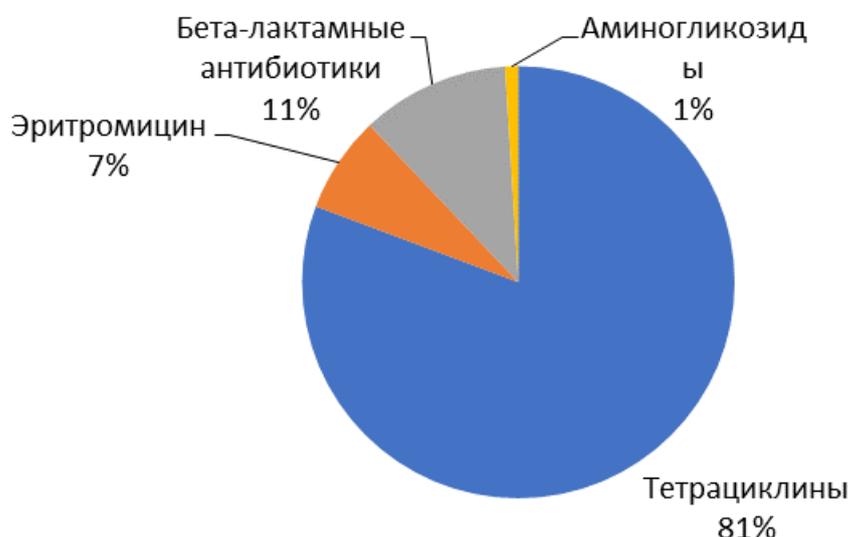
Профилирование резистома проводилось с использованием программного обеспечения GROOT с предварительно рассчитанным индексом ARG-ANNOT. ARG-ANNOT демонстрирует высокую специфичность для идентификации известных ARG не только для полных последовательностей генов, но также для частичных последовательностей и/или последовательностей с низким уровнем сходства с существующими последовательностями. Метод сочетает в себе графическое представление наборов генов с локально-чувствительной схемой индексации, чтобы обеспечить быструю классификацию считываний метагеномных последовательностей по сходству. Последующее иерархическое локальное выравнивание классифицированных чтений позволяет точно реконструировать полноразмерные последовательности генов с использованием схемы оценки. Для идентификации генов устойчивости к антибиотикам полученные последовательности после выравнивания сопоставлялись с эталонными последовательностями ARG, извлеченными из единой кластеризованной базы данных. Относительная обильность генов антибиотикорезистентности рассчитывалась исходя из соотношения ридов секвенирования генов антибиотикорезистентности.

**Результаты исследований.** По результатам биоинформатического анализа данных, полученных в ходе проведения высокопроизводительного секвенирования, в кишечном микробиоме исследуемой выборки свиней было обнаружено 4 группы генов устойчивости к антибиотикам. Детектированные гены и их принадлежность к той или иной группе антибиотиков представлены в таблице 1.

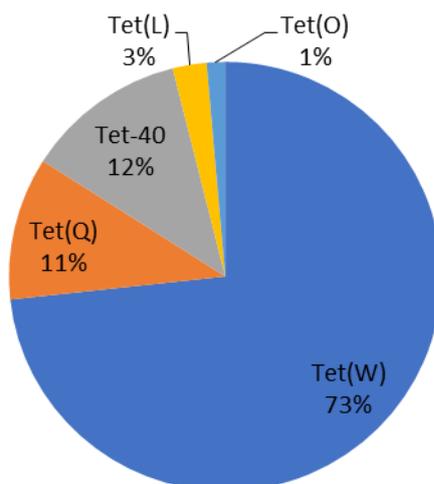
**Таблица 1 – Наименование генов антибиотикорезистентности, выявленных в микробиоме кишечника свиней**

Антибиотик	Ген
Тетрациклины	<i>Tet(W)</i>
	<i>Tet(Q)</i>
	<i>Tet-40</i>
	<i>Tet(L)</i>
	<i>Tet(O)</i>
Эритромицин	<i>ErmF</i>
	<i>ErmB</i>
	<i>ErmG</i>
Бета-лактамы антибиотики	<i>cfxA6</i>
	<i>cfxA4</i>
	<i>cfxA5</i>
	<i>ACI1</i>
Аминогликозиды	<i>Aph3-III</i>
	<i>Ant6-la</i>
	<i>Ant6-lb</i>
	<i>Sat4A</i>
	<i>AadA1-pm</i>

Высокопроизводительное секвенирование позволило получить суммарно 119 636 ридов для всех исследованных образцов. Было установлено, что подавляющее большинство ридов соответствовало генам антибиотикорезистентности тетрациклиновой группы (96 558), а наименьшее количество было характерно для генов устойчивости к аминогликозидам (1 178) (рисунок 1).

**Рисунок 1 - Относительная обильность генов антибиотикорезистентности к различным группам антибиотиков в кишечнике свиней**

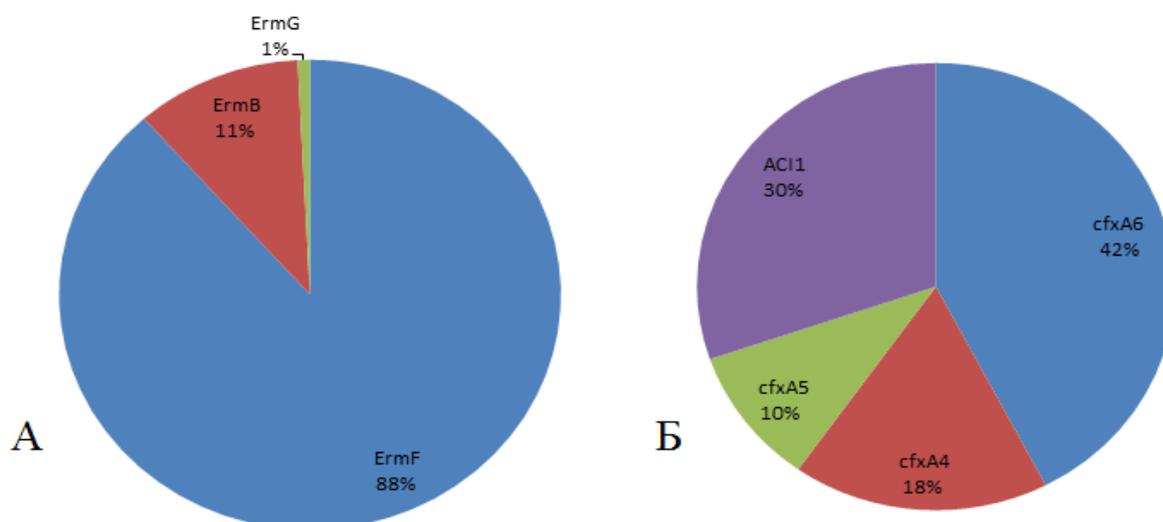
Антибиотики тетрациклиновой группы используются в животноводческих хозяйствах в профилактических и терапевтических целях как самостоятельно, так и в комплексе с другими препаратами для подавления распространения патогенных бактерий, например, *Bacillus anthracis*, *Francisella tularensis* и *Yersinia pestis*. Это одна из наиболее распространенных бактериальных устойчивостей [4]. Среди генов резистентности к тетрациклину были идентифицированы 5 генов, при этом более 70% приходилось на ген *Tet(W)* (рисунок 2). Гены *Tet-40* и *Tet(L)* обеспечивают кодирование белков эффлюксной помпы, а гены устойчивости *Tet(O)*, *Tet(Q)* и *Tet(W)* участвуют в экспрессии защитных белков рибосом. Гены *Tet* можно встретить у представителей филумов *Actinobacteria*, *Firmicutes* и *Bacteroidetes* [5].



**Рисунок 2 - Относительная обильность генов антибиотикорезистентности к тетрациклинам**

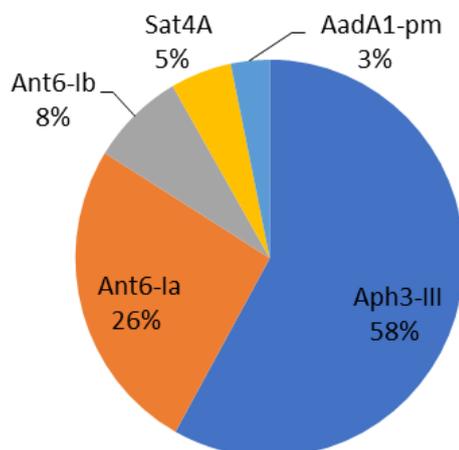
Эритромицин используют при воспалительных и инфекционных заболеваниях дыхательных путей, кожных инфекциях и болезнях, передающихся половым путем [6]. Основными генами устойчивости к эритромицину у свиней оказались *ErmB*, *ErmF* и *ErmG*, при этом наиболее распространенным геном был *ErmF*. На его долю приходилось порядка 88% от числа всех ридов секвенирования генов резистентности к антибиотикам эритромициновой группы (рисунок 3А). Гены этой группы обычно находят у бактерий таких родов, как *Campylobacter*, *Corynebacterium*, *Enterococcus*, *Lactobacillus*, *Mobiluncus*, *Peptostreptococcus*, *Ruminococcus*, *Shigella*, *Staphylococcus* [6]. Содержащиеся в желудочно-кишечном тракте свиней бактерии рода *Campylobacter spp.* могут выступать в качестве причины гастроэнтерита и диарейных расстройств у животных. В рамках исследования, проведенного на свиноводческой ферме в Южной Африке, было показано, что наибольшая устойчивость к эритромицину была характерна для видов *C. coli* и *C. jejuni* (99%) [7].

К бета-лактамам относятся пенициллины, цефалоспорины, карбапенемы и монобактамы, обеспечивающие эффективную борьбу с инфекциями, вызываемыми грамотрицательными бактериями, главным образом, *Pseudomonas aeruginosa*. За резистентность к бета-лактамам, формирующуюся у бактерий в результате выработки  $\beta$ -лактамаз, часто ответственны гены группы *cfxA* [8]. Наибольший показатель среди выявленных генов антибиотикорезистентности к препаратам данной группы, принадлежал гену *cfxA6* и составлял 42% (рисунок 3Б).



**Рисунок 3 - Относительная обильность генов антибиотикорезистентности в кишечнике свиней к эритромицину (А) и бета-лактамам (Б)**

Антибиотики аминогликозидной группы эффективны в терапии бактериальных инфекций, вызванных грамотрицательными и грамположительными микроорганизмами, в том числе *Staphylococcus*, *Enterobacteriaceae*, *Pseudomonas aeruginosa* и *Mycobacterium tuberculosis*. Важной особенностью приобретения резистентности к аминогликозидам у бактерий является способность комплексного запуска каскада реакций в клетке за счет мутации гена 16S рРНК и параллельного метилирования 16S рРНК [9]. В рамках проведенных исследований микробиома кишечника свиней было зафиксировано 5 различных генов резистентности: *AadA1-pm*, *Sat4A*, *Ant6-la*, *Ant6-lb* и *Aph3-III*. Подавляющее большинство ридов было характерно для гена *Aph3-III* (58%) (рисунок 4).



**Рисунок 4 - Относительная обильность генов антибиотикорезистентности к аминогликозидам**

Ферменты аминогликозидфосфотрансфераза и аминогликозиднуклеотидилтрансфераза, кодируемые геном *aph* (3')-IIIa и *Ant*(4'')-Ia соответственно, у *Enterococcus faecium* позволяют проявлять резистентность к канамицину, амикацину и тобрамицину [10].

**Заключение.** Метагеномный анализ генов устойчивости к антибиотикам в кишечном микробиоме здоровых взрослых свиней позволил идентифицировать 17 генов антибиотикорезистентности, среди которых 5 генов обуславливали устойчивость к тетрациклину, 5 генов – к аминогликозидам, 3 гена – к эритромицину и 4 гена – к бета-лактамам. Результаты проведенного исследования свидетельствуют о широком присутствии генов антибиотикорезистентности в кишечном микробиоме свиней. Распространение таких генов в окружающей среде может нести угрозу в будущем не только для сельского хозяйства, но и для здравоохранения. Кроме того, это создает риски появления суперинфекции в свиноводческих предприятиях.

**Conclusion.** Metagenomic analysis of antibiotic resistance genes in the gut microbiome of healthy adult swine made it possible to identify 17 antibiotic resistance genes, among which 5 genes caused resistance to tetracycline, 5 genes - to aminoglycosides, 3 genes - to erythromycin and 4 genes - to beta-lactam antibiotics. The findings indicate the wide presence of antibiotic resistance genes in the intestinal microbiome of swine. The spread of such genes in the environment may pose a threat in the future not only for agriculture, but also for the public healthcare. In addition, this creates risks of superinfection at pig breeding enterprises.

**Список литературы.** 1. Antibiotic Resistance: From Pig to Meat / X.C. Monger [et al.] // *Antibiotics* (Basel). – 2021. – Vol. 10, № 10. – P. 1209. – doi: 10.3390/antibiotics10101209. 2. Microbiome definition re-visited: old concepts and new challenges / G. Berg [et al.] // *Microbiome*. – 2020. – Vol. 8, № 1. – P.103. – doi: 10.1186/s40168-020-00875-0. 3. Kim, J. Emergence and spread of antibiotic-resistant foodborne pathogens from farm to table / J. Kim, J. Ahn // *Food Science and Biotechnology*. – 2022. – Vol. 31, № 12. – P. 1481–1499. – doi: 10.1007/s10068-022-01157-1. 4. Chopra, I. Tetracycline antibiotics: mode of action, applications, molecular biology, and epidemiology of bacterial resistance / I. Chopra, M. Roberts // *Microbiology and Molecular Biology Reviews*. – 2001. – Vol. 65, № 2. – P. 232–60. – doi: 10.1128/MMBR.65.2.232-260.2001. 5. The distribution of antibiotic resistance genes in chicken gut microbiota commensals / H. Juricova [et al.] // *Scientific Reports*. – 2021. – Vol. 11, № 1. – P. 3290. – doi: 10.1038/s41598-021-82640-3. 6. Roberts, M. C. Update on macrolide–lincosamide–streptogramin, ketolide, and oxazolidinone resistance genes / M. C. Roberts // *FEMS Microbiology Letters*. – 2008. – Vol. 282, № 2. – P. 147–159. – doi: 10.1111/j.1574-6968.2008.01145.x. 7. Antimicrobial resistance, and molecular characterization of campylobacter spp. in intensive pig production in South Africa / V. Sithole [et al.] // *Pathogens*. – 2021. – Vol. 10, № 4. – P. 439. – doi: 10.3390/pathogens10040439. 8. Binta, B. Detection of *cfxA2*, *cfxA3*, and *cfxA6* genes in beta-lactamase producing

oral anaerobes / B. Binta, M. Patel // *Journal of Applied Oral Science*. – 2016. – Vol. 24, № 2. – P. 142–7. – doi: 10.1590/1678-775720150469. 9. Worldwide disseminated armA aminoglycoside resistance methylase gene is borne by composite transposon Tn1548 / M. Galimand [et al.] // *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*. – 2005. – Vol. 49, № 7. – P. 2949–2953. – doi: 10.1128/AAC.49.7.2949-2953.2005. 10. Joseph, W. Chow, Aminoglycoside resistance in enterococci / W. Joseph // *Clinical Infectious Diseases*. – 2000. – Vol. 31, № 2. – P. 586–589. – doi: 10.1086/313949.

**References.** 1. Antibiotic Resistance: From Pig to Meat / X.C. Monger [et al.] // *Antibiotics* (Basel). – 2021. – Vol. 10, № 10. – P. 1209. – doi: 10.3390/antibiotics10101209. 2. Microbiome definition re-visited: old concepts and new challenges / G. Berg [et al.] // *Microbiome*. – 2020. – Vol. 8, № 1. – P.103. – doi: 10.1186/s40168-020-00875-0. 3. Kim, J. Emergence and spread of antibiotic-resistant foodborne pathogens from farm to table / J. Kim, J. Ahn // *Food Science and Biotechnology*. – 2022. – Vol. 31, № 12. – P. 1481–1499. – doi: 10.1007/s10068-022-01157-1. 4. Chopra, I. Tetracycline antibiotics: mode of action, applications, molecular biology, and epidemiology of bacterial resistance / I. Chopra, M. Roberts // *Microbiology and Molecular Biology Reviews*. – 2001. – Vol. 65, № 2. – P. 232–60. – doi: 10.1128/MMBR.65.2.232-260.2001. 5. The distribution of antibiotic resistance genes in chicken gut microbiota commensals / H. Juricova [et al.] // *Scientific Reports*. – 2021. – Vol. 11, № 1. – P. 3290. – doi: 10.1038/s41598-021-82640-3. 6. Roberts, M. C. Update on macrolide–lincosamide–streptogramin, ketolide, and oxazolidinone resistance genes / M. C. Roberts // *FEMS Microbiology Letters*. – 2008. – Vol. 282, № 2. – P. 147–159. – doi: 10.1111/j.1574-6968.2008.01145.x. 7. Antimicrobial resistance, and molecular characterization of campylobacter spp. in intensive pig production in South Africa / V. Sithole [et al.] // *Pathogens*. – 2021. – Vol. 10, № 4. – P. 439. – doi: 10.3390/pathogens10040439. 8. Binta, B. Detection of cfxA2, cfxA3, and cfxA6 genes in beta-lactamase producing oral anaerobes / B. Binta, M. Patel // *Journal of Applied Oral Science*. – 2016. – Vol. 24, № 2. – P. 142–7. – doi: 10.1590/1678-775720150469. 9. Worldwide disseminated armA aminoglycoside resistance methylase gene is borne by composite transposon Tn1548 / M. Galimand [et al.] // *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*. – 2005. – Vol. 49, № 7. – P. 2949–2953. – doi: 10.1128/AAC.49.7.2949-2953.2005. 10. Joseph, W. Chow, Aminoglycoside resistance in enterococci / W. Joseph // *Clinical Infectious Diseases*. – 2000. – Vol. 31, № 2. – P. 586–589. – doi: 10.1086/313949.

Поступила в редакцию 10.10.2023.

DOI 10.52368/2078-0109-2023-59-4-101-104

УДК 619:[612.617.1:616-007.1]:636.4.

#### СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ИММУНО-МОРФОЛОГИЧЕСКИХ ПОКАЗАТЕЛЕЙ КРОВИ ПОРОСЯТ-ГИПОТРОФИКОВ

**Шабунин Б.В. ORCID ID 0000-0002-2234-3851, Некрасов А.В. ORCID ID 0000-0002-5957-1583, Степанов Е.М. ORCID 0000-0002-4068-7148, Владимирова Ю.Ю. ORCID ID 0000-0001-8888-7264, Михайлов Е.В. ORCID ID 0000-0001-5457-1325**

ФГБНУ «Всероссийский научно исследовательский ветеринарный институт патологии, фармакологии и терапии», г. Воронеж, Российская Федерация

В статье представлены данные иммунологических и морфологических показателей крови новорожденных поросят. В опыт были подобраны 20 свиноматок 3-4 опороса и полученный от них приплод. В период опороса поросята проходили клинический осмотр и взвешивание. Не достигшие 900 гр. животные были учтены как поросята-гипотрофики, животные свыше 900 гр. - соответственно нормотрофики. Первая группа (n=10) - поросята гипотрофики, а вторая (n=10) - поросята нормотрофики. При морфологическом исследовании крови у поросят гипотрофиков отмечалось снижение концентрации гематокрита и гемоглобина. Содержание гемоглобина в эритроцитах (MCH) принимало значения на верхней границе физиологической нормы, в то время как средняя концентрация гемоглобина в клетках (MCHC) у нормотрофиков была на 17% выше, чем у гипотрофиков ( $p < 0,05$ ). Ширина распределения эритроцитов (RDW) у нормотрофиков была в 2,3 раза выше, чем у гипотрофиков ( $p < 0,05$ ). При исследовании иммунологического статуса поросят было отмечено, что лизоцимная активность сыворотки крови у гипотрофиков была на 16% ниже, чем у нормотрофиков. ФАЛ у нормотрофиков составлял  $79,6 \pm 1,58$ , что было на 4,8% выше, чем у гипотрофиков ( $p < 0,05$ ). ФЧ у гипотрофиков было на 11% меньше, чем у нормотрофиков ( $p < 0,05$ ). Фагоцитарный индекс у нормотрофиков был на 10% выше, чем у гипотрофиков ( $4,68 \pm 0,16$ ) ( $p < 0,05$ ). ПР у нормотрофиков был в 1,5 раза выше, чем у гипотрофиков, и составлял  $3,03 \pm 0,2$  ( $p < 0,05$ ). **Ключевые слова:** поросята-нормотрофики, поросята - гипотрофики, иммунологический статус, морфологические показатели, общая резистентность.

#### COMPARATIVE ANALYSIS OF IMMUNOMORPHOLOGICAL BLOOD INDICATORS OF HYPOTROPHIC PIGLETS

**Shabunin B.V., Nekrasov A.V., Stepanov E.M., Vladimirova Yu.Yu., Mikhaylov E.V.**  
FSBSI "All-Russian Veterinary Research Institute of Pathology, Pharmacology and Therapy",  
Voronezh, Russian Federation

The article presents the data on immunological and morphological blood indicators of the newborn piglets. In the experiment, 20 sows of the 3<sup>rd</sup>-4<sup>th</sup> farrowing and the offspring obtained from them were selected. During the farrowing period, the piglets underwent clinical examination and weighing. The animals that did not reach 900 g were count-