

молодняка сельскохозяйственных животных / Г. С. Фролов, А. И. Трубкин, М. Х. Лутфуллин, Д. Н. Мингалеев,. – Казань : Казанская государственная академия ветеринарной медицины им. Н.Э. Баумана, 2022. – 177 с. 3. Фролов, Г.С. Возможности цифровой трансформации высшего образования в рамках дисциплины акушерство и гинекологии животных / Г. С. Фролов, Д. Д. Морозова, Д. Ф. Валиуллина // СЛУЖЕНИЕ ПЕДАГОГИЧЕСКОМУ ДЕЛУ 2022 : сборник статей Международного профессионально-исследовательского конкурса, Петрозаводск, 30 ноября 2022 года. – Петрозаводск: Международный центр научного партнерства «Новая Наука» (ИП Ивановская И.И.), 2022. – С. 190-193. 4. Фролов, Г.С. Эпизоотология и клинко-морфологическая характеристика ротавирусной инфекции у телят / Г. С. Фролов, З. В. Гамова, Т. С. Кулакова // Теоретические и практические аспекты развития современной науки: теория, методология, практика : Сборник научных статей по материалам X Международной научно-практической конференции, Уфа, 24 марта 2023 года. – Уфа: Общество с ограниченной ответственностью "Научно-издательский центр "Вестник науки", 2023. – С. 12-15.

УДК 636.4 : 579.62 : 631.523.5

МЕТАГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ И ИХ СООТНОШЕНИЯ В ЖЕЛУДОЧНО-КИШЕЧНОМ ТРАКТЕ СВИНЕЙ РАЗЛИЧНЫХ ТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ ГРУПП

^{*,}Лысенко Ю.А., ^{*}Лунева А.В., ^{**}Беляк В.А., ^{*}Обухова М.Е.**

^{*}ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К. А. Тимирязева», г. Москва, Российская Федерация

^{**}ФГБОУ ВО «Кубанский государственный аграрный университет И.Т. Трубилина», г. Краснодар, Российская Федерация

*В научной публикации представлены данные по результатам бактериального метагеномного анализа желудочно-кишечного тракта свиней различных технологических групп, выращиваемых по интенсивной технологии содержания. **Ключевые слова:** метагеномный анализ, желудочно-кишечный тракт, поросята-сосуны, свиньи на доращивании, свиньи на откорме, микробные сообщества.*

METAGENOMIC ANALYSIS OF MICROBIAL COMMUNITIES AND THEIR RATIO IN THE GASTROINTESTINAL TRACT OF PIGS OF DIFFERENT TECHNOLOGICAL GROUPS

^{*,}Lysenko Yu. A., ^{*}Luneva A. V., ^{**}Belyak V. A., ^{*}Obukhova M. E.**

^{*}State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy, Moscow, Russian

**Kuban State Agrarian University named after I. T. Trubilin, Krasnodar, Russian

The scientific publication presents data on the results of bacterial metagenomic analysis of the gastrointestinal tract of pigs of various technological groups raised using intensive housing technology. Key words: metagenomic analysis, gastrointestinal tract, suckling piglets, growing pigs, fattening pigs, microbial communities.

Введение. Для понимания микробных взаимосвязей и основ консолидации микробиоценоза кишечника свиней важно знать соотношения их в общей микробной консорции. Метагеномная экспертиза является быстрым и высокоточным способом определения как культивируемых, так и некультивируемых микроорганизмов. Именно на основе данных метагеномного анализа формируются представления о балансе микробного сообщества и возможных путях его корректировки [2, 3].

Материалы и методы исследований. Получение биоматериала для осуществления анализов проводилось в Кубанском ГАУ на базе НИЦ Ветфармбиоцентр, а также центра молекулярно-генетических исследований в АПК и центра биотехнологии.

Проведение метагеномного анализа микробных сообществ и их соотношения в ЖКТ свиней осуществлялись согласно научным трудам [1] в научно-производственной компании ООО «Синтол» (г. Москва).

Исследованию подверглись образцы химуса свиней трех хозяйственно-технологических групп: сосунов, доращивания и откорма.

Метагеномные данные анализировали с помощью QIIME pipeline с использованием базы данных Greengenes v.13.8 и RDP Classifier.

Исследование выполнено при финансовой поддержке Кубанского научного фонда в рамках научно-инновационного проекта № НИП-20.1/22.13.

Результаты исследований. В результате проведения метагеномного анализа внутреннего содержимого слепых отростков кишечника (химуса) промышленных свиней, содержащихся при интенсивной системе откорма, нами были получены данные, отражающие корреляцию процентного содержания тех или иных систематических групп микроорганизмов.

У поросят на грудном вскармливании (сосунов) выявлено преобладание типов *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* – 79,3 %; 10,7 %; 6,4 %, соответственно. Преобладающими классами оказались *Clostridia*, *Bacilli*, *Bacteroidia* – 10,0 %; 35,7 %; 47,8 %, также в соответствии систематике, превалировали отряды *Clostridiales*, *Latobacillales*, *Bacteroidales* в соотношении 42,1 %; 35,0 %; 10,0 % и роды *Lactobacillus*, *Ruminococcus*, *Prevotella* – 51,4 %; 5,7 %; 3,4 %.

В исследуемых образцах следующей хозяйственно-технологической группы (доращивания) вариация типов *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* составила, соответственно 74,2 %; 17,8 %; 4,2 %, аналогичные первой

исследуемой группе животных классы составили 23,5 %; 45,0 %; 17,8 %, в данной группе свиней преобладали аналогичные первой отряды имеющие соответственно следующие показатели 26,7 %; 0,7 %; 18,0 % и роды с показателями 62,8 %; 5,7 %; 10,2 %.

В группе свиней на откорме в процентном соотношении аналогичные показатели первых двух групп составили: типы – *Firmicutes* (60,7%), *Bacteroidetes* (27,1%), *Actinobacteria* (1,4%); классы – *Clostridia* (56,4 %), *Bacilli* (2,1 %), *Bacteroidia* (25,7 %); отряды – *Clostridiales* (56,4 %), *Latobacillales* (0,7 %), *Bacteroidales* (25,2 %); роды – *Lactobacillus* (4,2 %), *Ruminococcus* (18,5 %), *Prevotella* (16,4 %).

Заключение. Таким образом, результаты метагеномного анализа продемонстрировали, что в слепых отростках кишечника свиней различных технологических групп наблюдается разнообразие микробного состава, а также с возрастом их количественное соотношение не остается на постоянном уровне и изменяется.

Литература. Полногеномное секвенирование генома *Mycobacterium heckeshornense* / В. В. Устинова [и др.] // Бактериология. – 2017. – Т. 2. № 3. – С. 108–109. Exploring the fecal microbial composition and metagenomic functional capacities associated with feed efficiency in commercial DLY pigs / Quan J. [et al.] // Frontiers in microbiology. – 2019. – V. 10. – P. 52. Metagenomic analysis fecal microbiota of dysentery-like diarrhoea in a pig farm using next-generation sequencing / Chen X. [et al.] // Frontiers in Veterinary Science. – 2023. – P. 10.

УДК 632.772:577.112.3:661.155.3

ПРИМЕНЕНИЕ ЛИЧИНОК МУХИ ЧЕРНАЯ ЛЬВИНКА В КАЧЕСТВЕ ИСТОЧНИКА ПОЛУЧЕНИЯ АМИНОКИСЛОТ ДЛЯ АПК

Ляшенко Е.М., Гаевский М.С., Волков Р.А.

ФГБОУ ВО «Казанская государственная академия ветеринарной медицины имени Н.Э. Баумана» г. Казань, Республика Татарстан,
Российская Федерация

В данной статье представлены описание возможности использования личинок мухи черная львинка как источник для получения аминокислот.

Ключевые слова: личинка, муха, аминокислота, белок, производство.

THE USE OF LARVAE OF THE BLACK LION FLY AS A SOURCE OF AMINO ACIDS FOR THE AGROINDUSTRIAL COMPLEX

Liashenko E.M., Gaevskii M.S., Volkov R.A.

Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Kazan State Academy of Veterinary Medicine named after N.E. Bauman" Kazan, Russia