
ЗООТЕХНИЯ, БИОЛОГИЯ И ВЕТЕРИНАРНАЯ МЕДИЦИНА

**Состав, выделение и идентификация микробиома
слепых отростков кишечника фазанов**

**Альбина Владимировна Лунева¹, Юрий Андреевич Лысенко^{1✉},
Марина Ивановна Селионова¹, Маргарита Геннадиевна Яковец²,
Евгений Юрьевич Марченко¹**

¹Российский государственный аграрный университет –
МСХА имени К.А. Тимирязева, Москва, Россия

²Кубанский государственный аграрный университет имени И.Т. Трубилина,
Краснодар, Россия

✉ **Автор, ответственный за переписку:** yuraduban45@mail.ru

Аннотация

В статье описаны данные по изучению таксономического разнообразия микроорганизмов, обитающих в желудочно-кишечном тракте, а именно в слепых отростках кишечника одомашненных фазанов двух видов (кавказские, румынские). Кроме того, проведены выделение и идентификация доминирующих представителей рода *Lactobacillus* как перспективных представителей штаммов-пробионтов. Состав таксономических групп микроорганизмов в содержимом слепых отростков кишечника фазанов изучался современным бактериальным метагеномным исследованием. Выделение чистых культур преобладающих видов рода *Lactobacillus* из химуса слепых отростков кишечника фазанов осуществлялось классическими микробиологическими методами. Идентификация доминирующих лактобактерий проводилась масс-спектрометрически на MALDI-TOF MS. Полногеномное секвенирование доминирующих представителей рода *Lactobacillus* осуществляли согласно протоколам исследований на приборе MiSeq (Illumina). В результате бактериального метагеномного анализа выявлено, что в содержимом слепого отростка кишечника фазанов обоих видов на уровне «филов» преобладали представители *Proteobacteria* и *Firmicutes*, на уровне «класса» – *Gamma proteobacteria*, *Bacilli* и *Clostridia*, на уровне «отряда» – *Pseudomonadales*, а на уровне «рода» – *Psychrobacter*. При выделении и идентификации представителей рода *Lactobacillus* масс-спектрометрическими исследованиями на приборе MALDI-TOF MS установлено, что доминирующее превосходство заняли такие, как *Loigolactobacillus coryniformis*, *Lactobacillus johnsonii* и *Lactobacillus reuteri*. В результате полногеномного секвенирования ДНК чистых культур лактобактерий была подтверждена их видовая принадлежность, а также в геномах *Loigolactobacillus coryniformis* и *Lactobacillus johnsonii* были выявлены структуры, ответственные за выработку ряда бактериоцинов.

Ключевые слова

Фазаны, слепой отросток кишечника, микрофлора, бактериальный метагеномный анализ, выделение, MALDI-TOF MS, идентификация, лактобактерии, секвенирование, бактериоцины

Благодарности

Исследования выполнены за счет гранта Российского научного фонда № 25–26–00061; <https://rscf.ru/project/25–26–00061/>.

Для цитирования

Лунева А.В., Лысенко Ю.А., Селионова М.И., Яковец М.Г. и др. Состав, выделение и идентификация микробиома слепых отростков кишечника фазанов // *Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии*. 2025. № 1. С. 164–181.

LIVESTOCK BREEDING, BIOLOGY AND VETERINARY MEDICINE

Composition, isolation and identification of the microbiome of the ceca of pheasants

Albina V. Luneva¹, Yury A. Lysenko¹✉, Marina I. Selionova¹,
Margarita G. Yakovets², Evgeniy Yu. Marchenko¹

¹Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy, Moscow, Russia;

²Kuban State Agrarian University, Krasnodar, Russia

✉Corresponding author: yuraduban45@mail.ru

Abstract

In the research, the authors describe data on the study of the taxonomic diversity of microorganisms inhabiting the gastrointestinal tract, namely the ceca of domesticated pheasants of two species (Caucasian, Romanian). In addition, the isolation and identification of dominant representatives of the genus *Lactobacillus* as promising representatives of probiont strains was carried out. The composition of taxonomic groups of microorganisms in the contents of the ceca of pheasants was studied by a modern bacterial metagenomic research. Isolation of pure cultures of dominant species of the genus *Lactobacillus* from the chyme of the ceca of pheasants was carried out by classical microbiological methods. Identification of the dominant lactobacilli performed by mass spectrometry using MALDI-TOF MS. Whole-genome sequencing of the dominant members of the genus *Lactobacillus* was performed according to the research protocols on the MiSeq device (Illumina). The conducted bacterial metagenomic analysis revealed that in the caecal contents of the pheasants of both breeds, representatives of *Proteobacteria* and *Firmicutes* predominated at the phylum level, *Gammaproteobacteria*, *Bacilli* and *Clostridia* at the class level, *Pseudomonadales* at the order level, and *Psychrobacter* at the genus level. When isolating and identifying representatives of the genus *Lactobacillus* by mass spectrometric studies on a MALDI-TOF MS device, it was found that the dominant superiority was occupied by such species as *Loigolactobacillus coryniformis*, *Lactobacillus johnsonii* and *Lactobacillus reuteri*. As a result of whole-genome DNA sequencing of pure cultures of lactobacilli, their species membership was confirmed, and structures responsible for the production of a number of bacteriocins were identified in the genome of *Lactobacillus coryniformis* and *Lactobacillus johnsonii*.

Keywords

Pheasants, cecum, microflora, bacterial metagenomic analysis, isolation, MALDI-TOF MS, identification, lactobacilli, sequencing, bacteriocins

Acknowledgments

The study was supported by the Russian Science Foundation grant No. 25–26–00061, <https://rscf.ru/project/25–26–00061/>.

For citation

Luneva A.V., Lysenko Yu.A., Selionova M.I., Yakovets M.G. et al. Composition, isolation and identification of the microbiome of the ceca of pheasants. *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy*. 2025. No. 1. P. 164–181.

Введение Introduction

В современном животноводстве одной из ключевых задач является повышение продуктивности и здоровья сельскохозяйственных животных, в том числе птицы. В этом контексте изучение и применение пробиотиков, основанных на микробиоме различных видов животных и птиц, становятся все более актуальными. Особое внимание уделяется микробиому слепых отростков кишечника, который играет важную роль в пищеварении и общем состоянии здоровья [1–3].

Фазаны как объект исследований представляют значительный интерес благодаря своим физиологическим особенностям и специфике микробиома кишечника. Слепые отростки фазанов могут содержать уникальные комбинации микроорганизмов, обладающих пробиотическими свойствами, которые способны улучшать пищеварение, укреплять иммунную систему и повышать устойчивость к заболеваниям. Их изучение позволяет выявлять новые штаммы бактерий для создания пробиотиков с высокой эффективностью и биобезопасностью [4].

Понимание и использование пробиотиков, полученных из микробиома фазанов, могут открыть новые горизонты в промышленном птицеводстве, способствуя созданию более эффективных и устойчивых агропромышленных систем.

Цель исследований: мониторинг различных таксономических групп микроорганизмов в слепых отростках кишечника фазанов разных видов, а также выделение и видовая идентификация доминирующих представителей рода *Lactobacillus* в качестве перспективных штаммов-пробионтов.

Методика исследований Research method

Микробиологические и молекулярно-генетические исследования проводились на базе ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева», ФГБОУ ВО «Кубанский государственный аграрный университет имени И.Т. Трубилина» и ООО «Синтол». Объектом исследований являлись образцы содержимого слепых отростков кишечника одомашненных румынского и кавказского фазанов.

Были поставлены следующие задачи исследований:

- изучить микробиоценоз слепых отростков кишечника фазанов различных видов;
- выделить и идентифицировать преобладающие виды рода *Lactobacillus*;
- провести полногеномный анализ ДНК, выделенных лактобактерий для выявления генов, ответственных за выработку антибиотических веществ (бактериоцинов).

Бактериальный метагеномный анализ химуса слепых отростков кишечника фазанов осуществляли согласно [5–8], и он включал в себя следующие этапы:

1. Подготовка библиотек.
2. Индексирование ДНК.
3. Оценка качества библиотек.
4. Секвенирование полученных библиотек ампликонов на секвенаторе MiSeq.
5. Биоинформатика.

Использование стандартных микробиологических методов позволило эффективно выделить преобладающие штаммы представителей рода *Lactobacillus*

из содержимого кишечника, полученного из слепых отростков кишечного тракта фазанов [5, 9–11].

Реализация процессов видовой идентификации лактобактерий осуществлялась на спектрометрическом устройстве VastoSCREEN посредством анализа с использованием времяпролетной масс-спектрометрии (MALDI-TOF MS) [5, 10, 12, 13].

Полное секвенирование генома ДНК, выделенных превалирующих чистых культур лактобактерий осуществляли согласно научным работам [5, 14–19], и оно включало в себя ряд этапов:

1. Выделение ДНК из чистой культуры.
2. Измерение концентрации ДНК на флуориметре после ее выделения.
3. Тагментация ДНК.
4. Очистка образцов после тагментации.
5. Амплификация тагментированной ДНК.
6. Очистка библиотек.
7. Пулирование библиотек.
8. Денатурация библиотек перед секвенированием.
9. Секвенирование пулированных ДНК библиотек на приборе MiSeq (Illumina).
10. Сборка геномов в программе UGENE после получения результатов прочтений при помощи встроенных алгоритмов SPAdes v.3.15.3 (для сборки *de novo*) и BWA (для выравнивания на референсный геном). Следующий этап исследований – установление таксономической классификации исследуемых штаммов посредством применения веб-службы Type (Strain) Genome Server (TYGS).

Результаты и их обсуждение

Results and discussion

Бактериальный метагеномный анализ содержимого слепых отростков кишечника фазанов. В результате проведения бактериального метагеномного анализа химуса слепых отростков кишечника фазанов были получены данные представленности таксономических категорий микроорганизмов и их соотношения в объектах исследований, продемонстрированные на рисунках 1–4.

В исследуемых образцах химуса слепых отростков кишечника обоих видов фазанов на уровне «филы» (рис. 1) преобладали *Proteobacteria* и *Firmicutes*, соотношение которых составило: у румынского – 54,3 и 33,4%, а у кавказского – 83,7 и 10,7% соответственно. При этом в содержимом слепых отростков кишечника у румынского фазана было выявлено незначительное количество представителей «филы» *Cyanobacteria* и *Actinobacteria* в соотношении 4,5 и 1,4% соответственно. Преобладающими «классами» (рис. 2) в обоих исследуемых образцах оказались *Gammaproteobacteria*, *Bacilli* и *Clostridia*: у кавказского фазана – 95,4; 4,8; 0,9%, а у румынского – 54,7; 37,8; 3,1% соответственно.

В соответствии с систематикой из «отряда» (рис. 3) превалировали у фазана кавказского: *Pseudomonadales* – 93,1%, *Bacillales* – 4,4%, *Turicibacterales* – 1,9%, *Lactobacillales* – 0,4%; у фазана румынского – *Pseudomonadales* (54,8%), *Lactobacillales* (36,8%) и *Bacillales* (9,1%). Из данных рисунка 4 следует, что на уровне «рода» в содержимом слепого кишечника кавказского фазана доминирующую позицию заняли представители *Psychrobacter* (95,2%), *Variovorax* (3,4%) и *Staphylococcus* (1,5%); у румынского фазана – *Psychrobacter* (51,1%), *Lactobacillus* (23,3%) и *Staphylococcus* (7,6%).

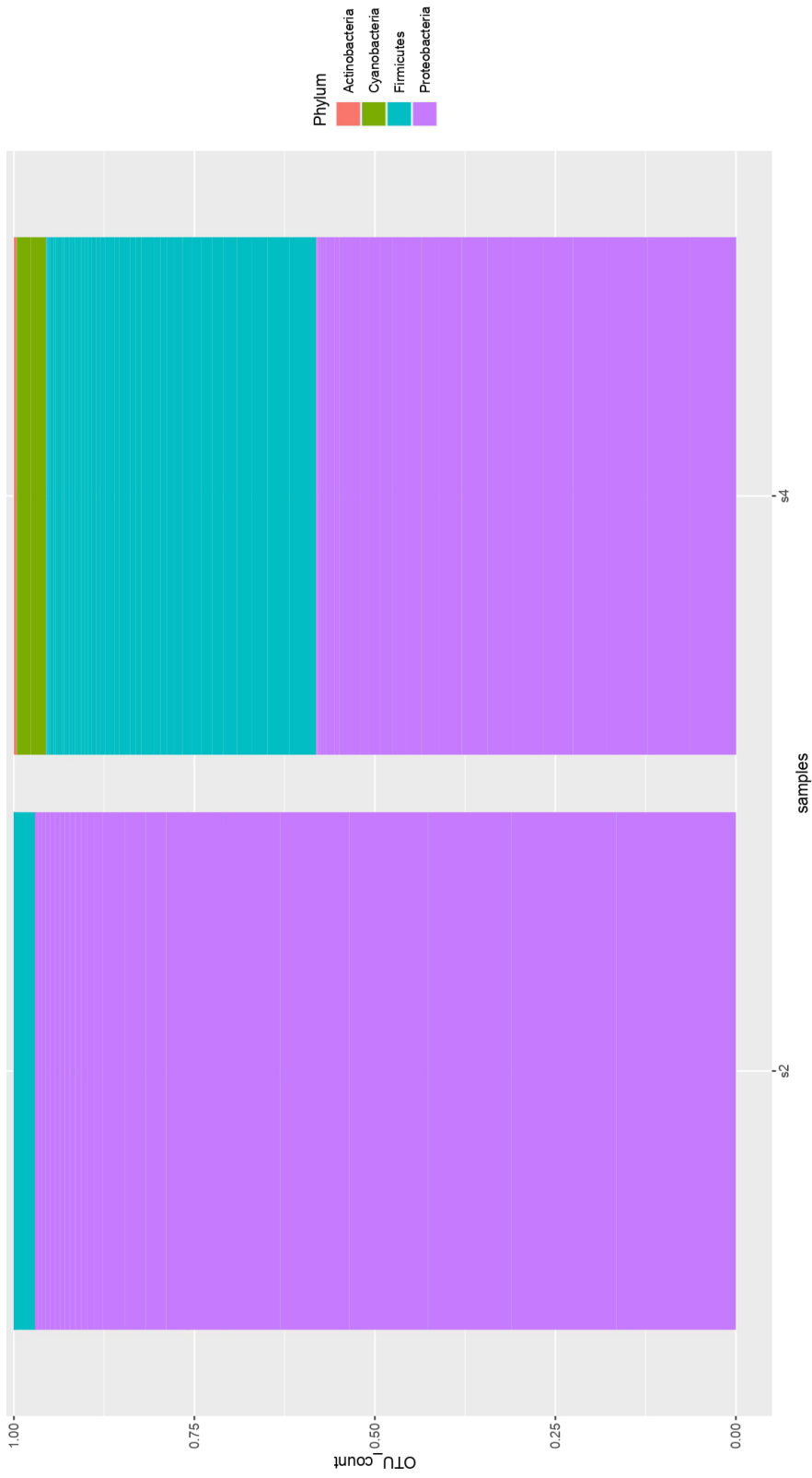


Рис. 1. Бактериальный состав слепого отростка кишечника фазана (s2 – кавказский; s4 – румынский) на уровне филы
Figure 1. Bacterial composition of the cecum of the pheasant (s2 – Caucasian; s4 – Romanian) at the phylum level

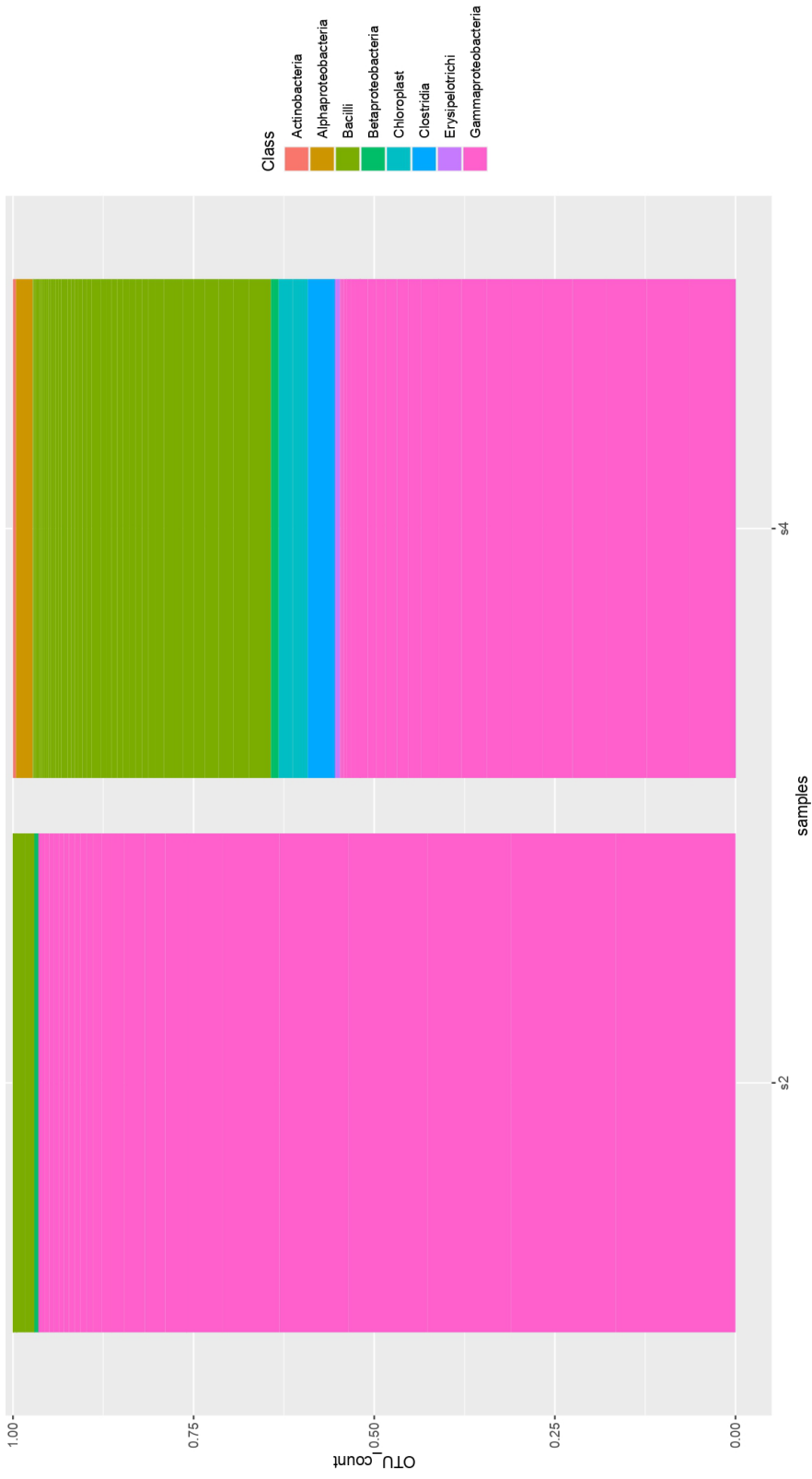


Рис. 2. Бактериальный состав химуса слепого отростка кишечника фазана (s2 – кавказский; s4 – румынский) на уровне класса
Figure 2. Bacterial composition of the chyme of the cecum of the pheasant (s2 – Caucasian; s4 – Romanian) at the class level

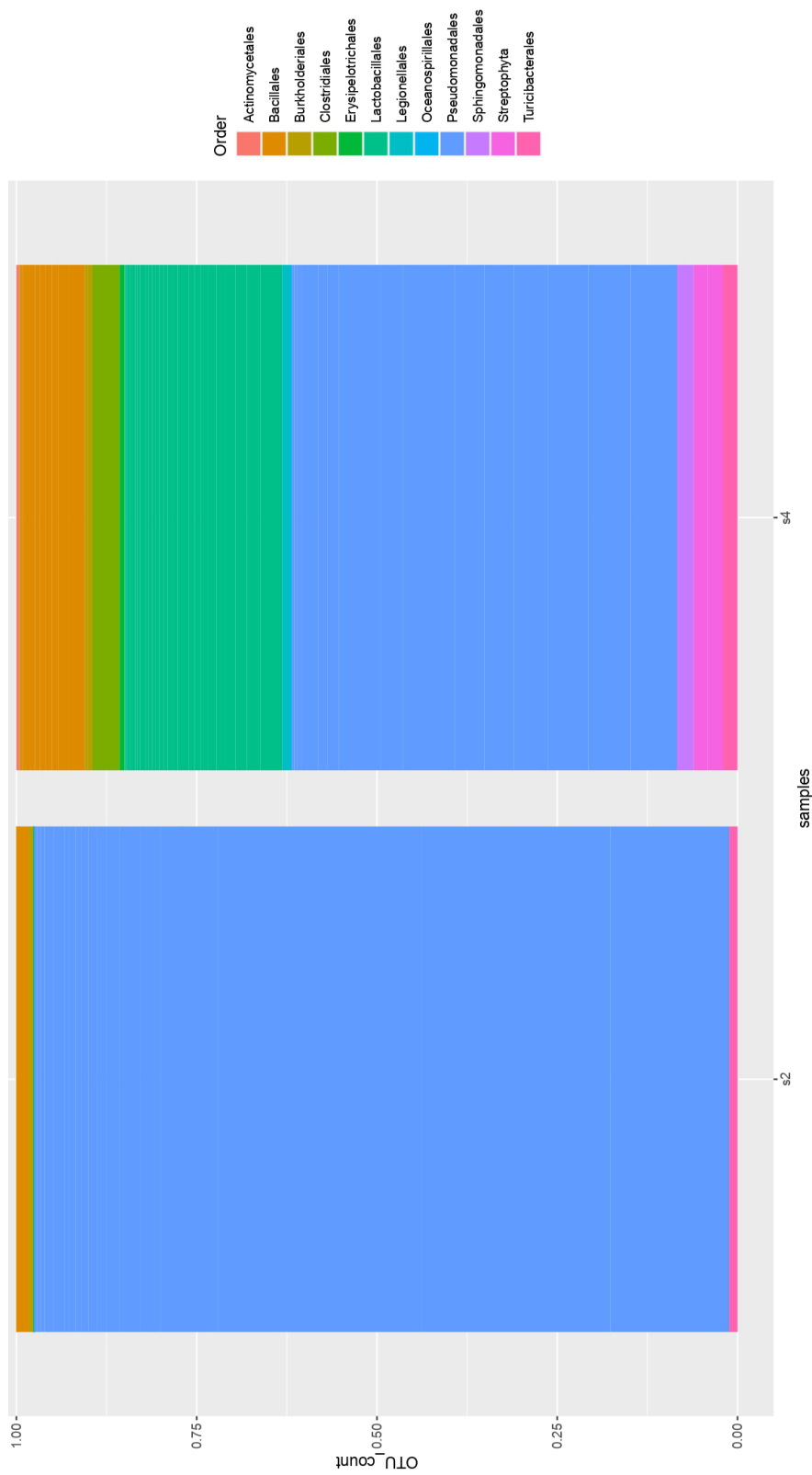


Рис. 3. Бактериальный состав химуса слепого отростка кишечника фазана (s2 – кавказский; s4 – румынский) на уровне отряда
Figure 3. Bacterial composition of the chyme of the cecum of the pheasant (s2 – Caucasian; s4 – Romanian) at the order level

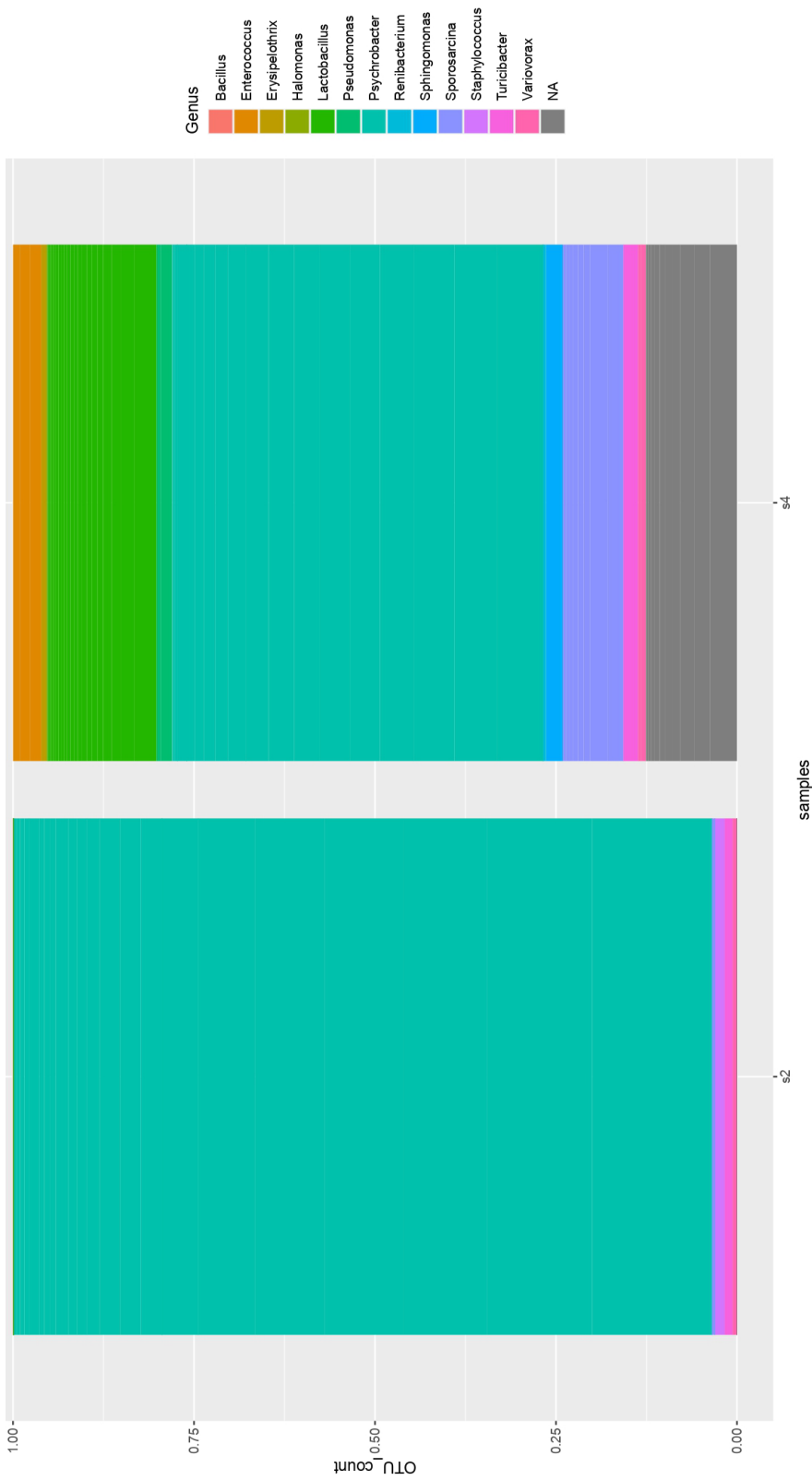


Рис. 4. Бактериальный состав хлмуса слепого отростка кишечника фазана (s2 – кавказский; s4 – румынский) на уровне рода
Figure 4. Bacterial composition of the chyme of the cecum of the pheasant (s2 – Caucasian; s4 – Romanian) at the genus level

Выделение и идентификация доминирующих представителей рода Lactobacillus. В рамках исследований у выбранных фазанов двух групп (румынские и кавказские) определяли состав преобладающих штаммов лактобактерий в содержимом микробиома слепой кишки. Для анализа и выделения использовали 1,0 г кишечного содержимого, которое подвергалось гомогенизированию в 0,9%-м растворе NaCl в пропорции 1:9. Затем проводили десятикратное разведение полученной суспензии. Количественное определение исследуемых бактерий осуществляли культивированием на специализированных селективных питательных средах. Для подсчета молочнокислых бактерий применяли плотную питательную среду (MRS, Merck). Инкубация посевов проводилась при температуре +37...+38°C в течение 48 ч в атмосфере с концентрацией 8% CO₂, что обеспечило условия, максимально приближенные к физиологической микрофлоре кишечника птиц.

В ходе выполнения проведенного масс-спектрометрического анализа с использованием MALDI-TOF MS спектрометра VastoSCREEN и специализированного программного обеспечения были зарегистрированы белковые спектры следующих лактобактериальных видов: *Loigolactobacillus coryniformis*, *Lactobacillus johnsonii*, *Lactobacillus reuteri*. Превалирующее количество выделенных грамположительных палочковидных бактерий принадлежало первым двум видам.

Полное секвенирование генома лактобактерий. Согласно полученным данным штаммы лактобактерий были отнесены к следующим видам: *Loigolactobacillus coryniformis*, *Lactobacillus johnsonii* и *Lactobacillus reuteri*. На рисунках 5–7 представлены структуры геномов исследуемых представителей лактобактерий с открытыми рамками считывания.

Секвенированные последовательности молочнокислых бактерий были аннотированы с использованием NCBI Prokaryotic Genome Annotation Pipeline (PGAP) v.6.1 [17]. Геномы были исследованы на предмет наличия генов, кодирующих продуцирование бактериоцинов.

В результате исследований в штамме *Loigolactobacillus coryniformis* было найдено 5 последовательностей бактериоцинов (табл. 1) без названия: bacteriocin immunity protein (номера в GenBank – MCL5458578.1, MCL5459414.1, MCL5459586.1, MCL5459587.1, MCL5459860.1). В дальнейшем полученные последовательности были изучены через BLAST UniProt на совпадение с имеющимися генами в базе данных. Процент совпадения последовательностей не достигает высоких показателей (максимум 60%), что не может свидетельствовать о точной идентификации того или иного бактериоцина.

По итогам аналогичного поиска в штамме *Lactobacillus johnsonii* были найдены 3 бактериоцина без названия, которые и по результатам BLAST UniProt были идентифицированы как bacteriocin immunity protein. Также по результатам аннотации с использованием NCBI PGAP был найден ген, названный Blp family class II bacteriocin (номер в GenBank – MCL5444223.1). Пятый ген, найденный в геноме, был идентифицирован как class III bacteriocin системой NCBI PGAP, а веб-сервис BLAST UniProt отнес данный ген к helveticin-J, процент совпадения с которым составил 97,9% (табл. 2).

По результатам поиска генов, отвечающих за синтез бактериоцинов, в штамме *Lactobacillus reuteri* не обнаружено соответствующих генетических маркеров.

По итогам работы были секвенированы и аннотированы 3 геномные последовательности трех доминирующих штаммов рода *Lactobacillus*, отобранных из содержимого слепых кишок двух видов фазанов, выращиваемые в условиях интенсивного разведения. Данные штаммы были внесены в международную базу данных NCBI под идентификаторами: SAMN28099307, SAMN28100724, SAMN28100809.

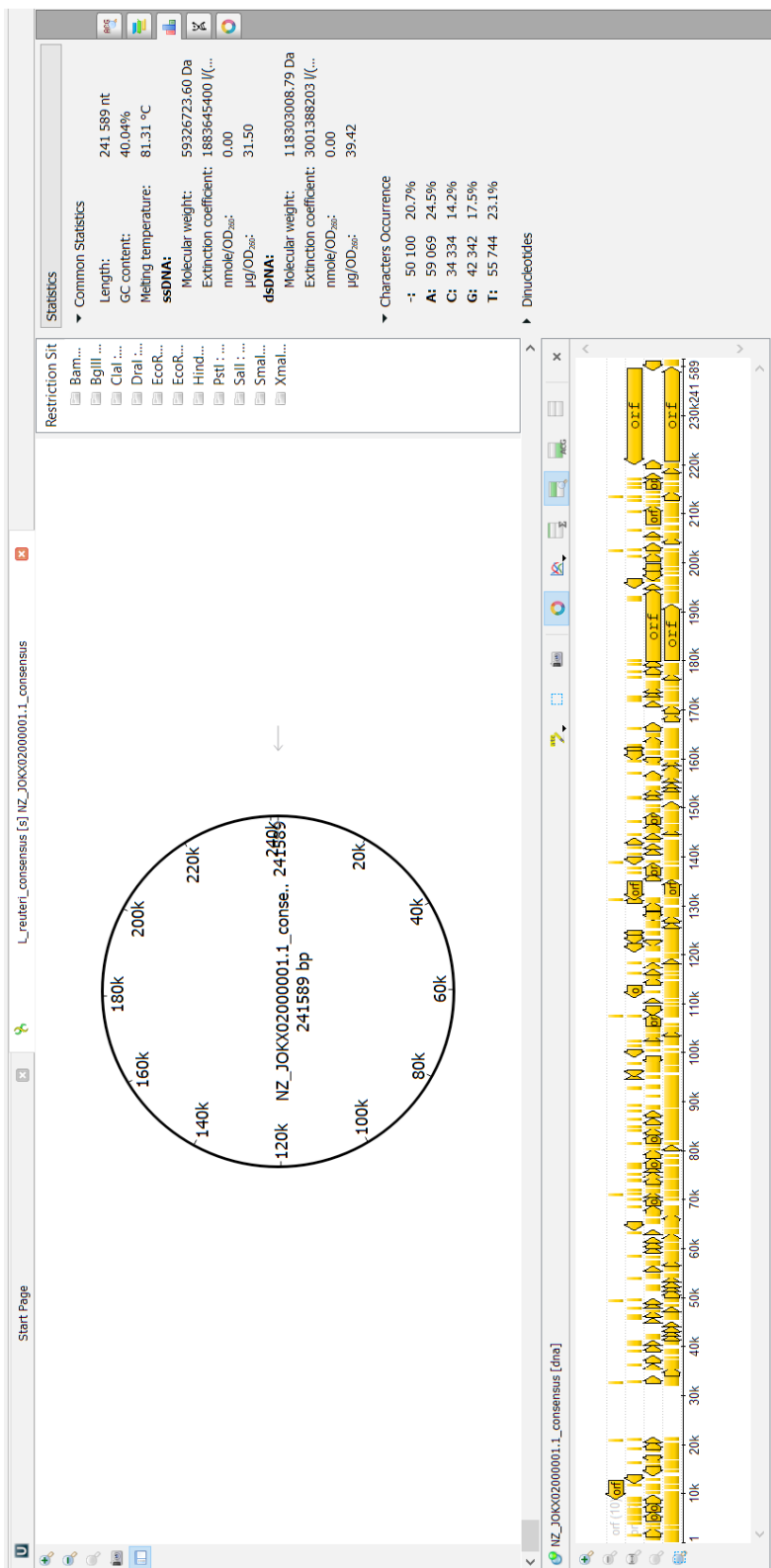


Рис. 5. Общее строение генома *Lactobacillus reuteri*
Figure 5. General structure of the *Lactobacillus reuteri* genome



Рис. 6. Общее строение генома *Lactobacillus johnsonii*
Figure 6. General structure of the *Lactobacillus johnsonii* genome

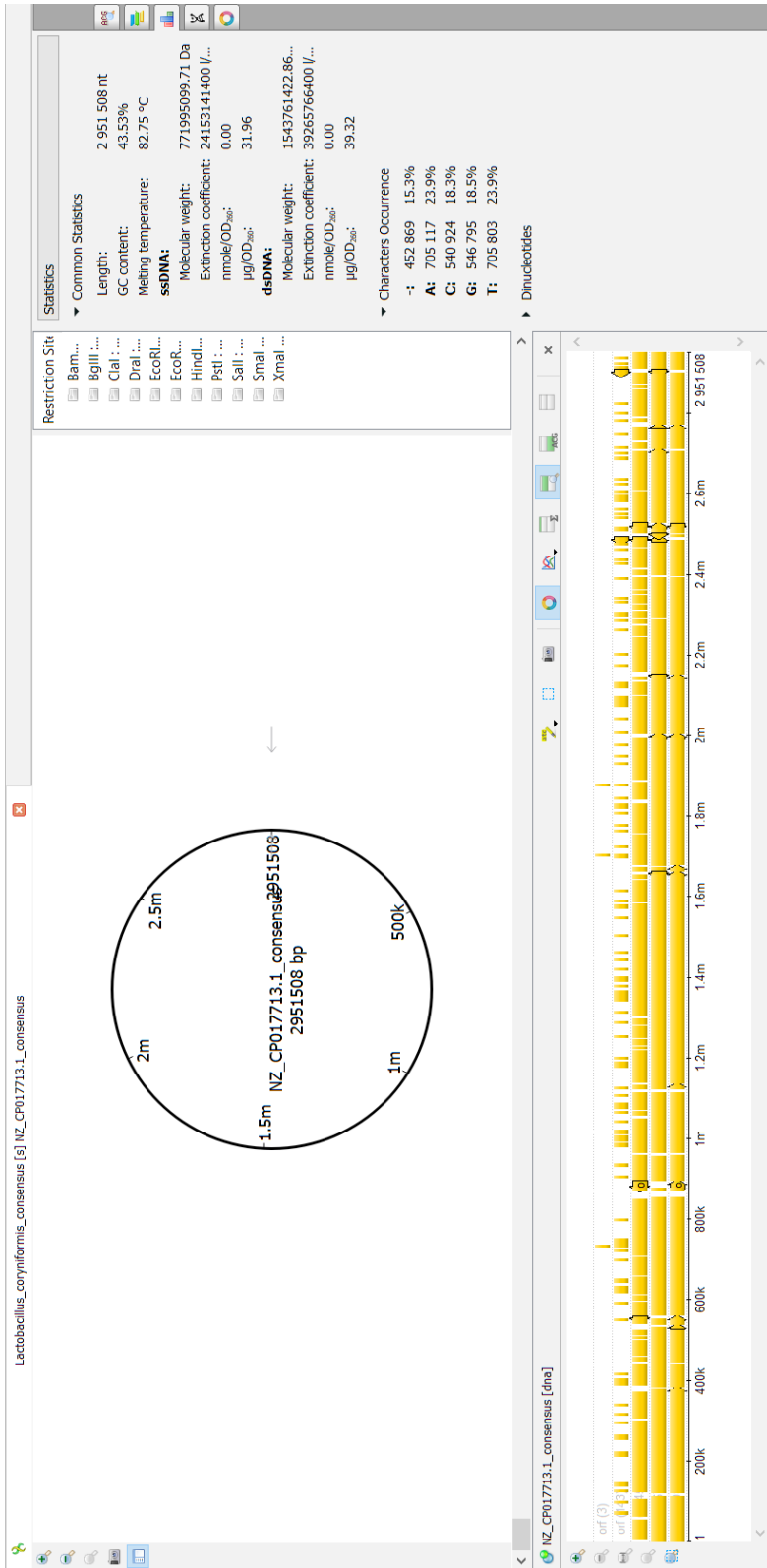


Рис. 7. Общее строение генома *Loigolactobacillus coryniformis*
Figure 7. General structure of the *Loigolactobacillus coryniformis* genome

Таблица 1

**Гены, кодирующие продуцирование бактерицинов,
найденные в штамме *Loigolactobacillus coryniformis***

Table 1

**Genes encoding the production of bacteriocins found
in the *Loigolactobacillus coryniformis* strain**

| NCBI | | | | UniProt |
|------|------------------------------|--------------------|--------------|--------------------------------------|
| Ген | Длина | Номер в GenBank | Ген | |
| 1 | bacteriocin immunity protein | 101 | MCL5458578.1 | Tetratricopeptide repeat protein |
| | | | | Prebacteriocin |
| | | | | Enterocin A Immunity protein |
| 2 | bacteriocin immunity protein | 94 | MCL5459414.1 | Transcription regulator |
| | | | | SakacinP immunity protein |
| | | | | Putative SakacinP immunity protein |
| 3 | bacteriocin immunity protein | 108 | MCL5459586.1 | Acriflavin resistance protein |
| | | | | Aspartate-semialdehyde dehydrogenase |
| | | | | Phage major capsid protein |
| 4 | bacteriocin immunity protein | 103 | MCL5459587.1 | bacteriocin immunity protein |
| 5 | bacteriocin immunity protein | 88 | MCL5459860.1 | bacteriocin immunity protein |

Таблица 2

**Гены, кодирующие продуцирование бактерицинов,
найденные в штамме *Lactobacillus johnsonii***

Table 2

Genes encoding the production of bacteriocins found in the *Lactobacillus johnsonii* strain

| NCBI | | | | UniProt |
|------|---------------------------------|-----------------|--------------|------------------------------|
| Ген | Длина | Номер в GenBank | Ген | |
| 1 | bacteriocin immunity protein | 98 | MCL5443130.1 | bacteriocin immunity protein |
| 2 | bacteriocin immunity protein | 108 | MCL5444037.1 | bacteriocin immunity protein |
| 3 | bacteriocin immunity protein | 143 | MCL5444220.1 | bacteriocin immunity protein |
| 4 | Blp family class II bacteriocin | 69 | MCL5444223.1 | bacteriocin immunity protein |
| 5 | class III bacteriocin | 331 | MCL5444264.1 | bacteriocin helveticin-J |

Выводы Conclusions

Применение бактериального метагеномного анализа показало, что в содержимом слепых отростков кишечника кавказского и румынского фазанов на различных таксономических уровнях в большинстве случаев наблюдается одинаковое доминирование тех или иных групп микроорганизмов, однако у румынского фазана многообразии микробного фона более выражено.

Исследования по выделению и идентификации преобладающих представителей рода *Lactobacillus* из содержимого слепых кишок фазанов позволили получить чистые культуры доминирующих лактобактерий и определить их принадлежность до вида: *Loigolactobacillus coryniformis*, *Lactobacillus johnsonii* и *Lactobacillus reuteri*. В результате современных молекулярно-генетических методов были собраны и аннотированы 3 генома данных штаммов-пробионтов, а в структуре ДНК *Loigolactobacillus coryniformis* и *Lactobacillus johnsonii* были обнаружены последовательности, ответственные за продукцию бактериоцинов.

Таким образом, последние штаммы-пробионты были депонированы в ИБФМ РАН под номерами *Loigolactobacillus coryniformis* ВКМ В-3724D и *Lactobacillus johnsonii* ВКМ В-3725D.

Список источников

1. Корниенко Е.М., Швецов Н.Н. О пробиотиках в бройлерном птицеводстве // *Достижения и перспективы в сфере производства и переработки сельскохозяйственной продукции: Материалы II Национальной научно-практической конференции, посвященной 100-летию со дня рождения В.Я. Горина*, пос. Майский, 28 января 2022 г. Майский: Белгородский ГАУ, 2022. С. 71-74. EDN: NGAYNY.

2. Лыско С.Б. Применение кормов с пробиотиком – экологичный способ профилактики кишечных инфекций цыплят-бройлеров // *Развитие современных систем земледелия и животноводства, обеспечивающих экологическую безопасность окружающей среды: Материалы Всероссийской научной конференции с международным участием, посвященной 110-летию Пермского НИИ-ИСХ*, Пермь, 5-7 июля 2023 г. Пермь: Издательство «От и До», 2023. С. 434-440. EDN: BPNXWF.

3. Псахиева З.В., Каиров В.Р., Булацева С.В. Применение комплекса сорбента и пробиотика в птицеводстве // *Известия Горского государственного аграрного университета*. 2023. Т. 60-2. С. 70-76. https://doi.org/10.54258/20701047_2023_60_2_70

4. Яковец М.Г., Лысенко Ю.А., Шантыз А.Х. и др. Разработка и оценка эффективности использования кормовой добавки в рационе фазанов // *Ветеринария и кормление*. 2022. № 6. С. 75-78. <https://doi.org/10.30917/АТТ-VK-1814-9588-2022-6-20>

5. Лысенко Ю.А., Коцаев А.Г., Беляк В.А. и др. Анализ, выделение и идентификация микробиома из слепых отростков кишечника промышленных свиней // *Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии*. 2024. № 4. С. 168-183. <https://doi.org/10.26897/0021-342X-2024-4-168-183>

6. Ледашова А.С. Молекулярно-генетические исследования систематических групп микроорганизмов в кишечнике свиней // *Актуальные вопросы совершенствования технологии производства и переработки продукции сельского хозяйства: Материалы Международной научно-практической конференции*, Йошкар-Ола, 21-22 марта 2024 г. Йошкар-Ола: Марийский государственный университет, 2024. С. 576-579. EDN: BVOZLL.

7. Лысенко Ю.А., Лунева А.В., Беляк В.А., Акчурина И.В. Генетический анализ микробиоты кишечника свиней // *Молодая аграрная наука: Материалы Международной научно-практической конференции*, Майкоп, 16 мая 2024 г. Майкоп: Издательство «Магарин Олег Григорьевич», 2024. С. 231-234. EDN: FFBTXS.

8. Устинова В.В., Смирнова Т.Г., Варламов Д.А. и др. Полногеномное секвенирование генома *Mycobacterium heckeshornense* // *Бактериология*. 2017. Т. 2, № 3. С. 108-109. EDN: ХОХМЕР.

9. Буряко И.А., Астапович Н.И., Стефанович Л.И., Сафонова М.Е. Выделение и отбор бактерий рода *Lactobacillus* – основы пробиотических препаратов // *Пробиотики, пребиотики, синбиотики и функциональные продукты питания. Современное состояние и перспективы: Материалы Международной конференции*, Москва, 2-4 июля 2004 г. Москва, 2004. С. 18-19.

10. Ковтун А.А., Беляк В.А. Исследование микробиома различных отделов ЖКТ индейки и их видовая идентификация // *Материалы Международной научной конференции молодых ученых и специалистов, посвященной 150-летию со дня рождения А.Я. Миловича: Сборник статей*, Москва, 3-5 июня 2024 г. Москва: РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, 2024. С. 308-311. EDN: PVKUFG.

11. Лабинская А.С., Анкирская А.С., Бадлеева М.В. и др. *Частная медицинская микробиология с техникой микробиологических исследований: Учебное пособие*. Санкт-Петербург: Лань, 2022. 608 с. EDN: FJENSW.

12. Попов Д.А., Овсеенко С.Т., Вострикова Т.Ю. Применение метода MALDI-TOF MS в современной микробиологической лаборатории // *Поликлиника*. 2016. № 1-3. С. 53-56. EDN: VXENSB.

13. Васильев Д.А., Феоктистова Н.А., Мастиленко А.В., Сульдина Е.В. Установление видовой принадлежности штаммов энтеробактерий методом MALDI-TOF MS // *Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии*. 2018. № 2 (42). С. 110-113. <https://doi.org/10.18286/1816-4501-2018-2-110-113>

14. Bankevich A., Nurk S., Antipov D. et al. A New Genome Assembly Algorithm and Its Applications to Single-cell Sequencing. *SPAdes: J. Comp. Biol.* 2012;19(5):455-477. <https://doi.org/10.1089/cmb.2012.0021>

15. Auch A.F., Mathias J., Klenk H., Göker M. Digital DNA-DNA Hybridization for Microbial Species Delineation by Means of Genome-to-genome Sequence Comparison. *Standards in Genomic Sciences*. 2010;2:117-134. <https://doi.org/10.4056/sigs.531120>

16. Meier-Kolthoff J.P., Goker M. TYGS is an Automated High-throughput Platform for State-of-the-art Genome-based Taxonomy. *Nature Communications*. 2019;10(1):2182. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-10210-3>

17. Tatusova T., DiCuccio M., Badretdin A. et al. NCBI Prokaryotic Genome Annotation Pipeline. *Nucleic Acids Research*. 2016;44(14):6614-6624. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw569>

18. Gurevich A., Saveliev V., Vyahhi N., Tesler G. QUAST: Quality Assessment Tool for Genome Assemblies. *Bioinformatics*. 2013;29(8):1072-1075. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt086>

19. Okonechnikov K., Golosova O., Fursov M. Unipro UGENE: a Unified Bioinformatics Toolkit. *Bioinformatics*. 2012;28(8):1166-1167. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts091>

References

1. Kornienko E.M., Shvetsov N.N. On probiotics in broiler poultry farming. *Vtoraya natsionalnaya nauchno-prakticheskaya konferentsiya, posvyashchennaya 100-letiyu so dnya rozhdeniya V.Ya. Gorina 'Dostizheniya i perspektivy v sfere proizvodstva i pererabotki sel'skokhozyaystvennoy produktsii'*. January 28, 2022. Maiskiy, Russia: Belgorod State Agricultural University named after V. Gorin, 2022:71-74. (In Russ.)
2. Lysko S.B. Use of feed with a probiotic is an environmentally friendly way to prevent intestinal infections in broiler chickens. *Vserossiyskaya nauchnaya konferentsiya s mezhdunarodnym uchastiem, posvyashchennaya 110-letiyu Permskogo NIISKh 'Razvitie sovremennykh sistem zemledeliya i zhivotnovodstva, obespechivayushchikh ekologicheskuyu bezopasnost okruzhayushchey sredy'*. July 5-7, 2023. Perm, Russia: Izdatelstvo "Ot i Do", 2023:434-440. (In Russ.)
3. Pskhatsieva Z.V., Kairov V.R., Bulatseva S.V. The use of a complex of sorbent and probiotics in poultry farming. *Proceedings of Gorsky State Agrarian University*. 2023;60-2:70-76. (In Russ.) https://doi.org/10.54258/20701047_2023_60_2_70
4. Yakovets M.G., Lysenko Yu.A., Shantyz A.Kh., Luneva A.V. et al. Development and evaluation of the effectiveness of the use of feed additives in the diet of pheasants. *Veterinaria i Kormlenie*. 2022;6:75-78. (In Russ.) <https://doi.org/10.30917/ATT-VK-1814-9588-2022-6-20>
5. Lysenko Yu.A., Koshaev A.G., Belyak V.A., Luneva A.V., Marchenko E.Yu. Analysis, isolation and identification of the microbiome from the ceca of the intestines of industrial pigs. *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy*. 2024;(4):168-183. (In Russ.) <https://doi.org/10.26897/0021-342X-2024-4-168-183>
6. Ledyashova A.S. Molecular genetic studies of systematic groups of microorganisms in the intestine of pigs. *Mezhdunarodnaya nauchno-prakticheskaya konferentsiya 'Aktualnye voprosy sovershenstvovaniya tekhnologii proizvodstva i pererabotki produktsii sel'skogo khozyaystva'*. March 21-22, 2024. Yoshkar-Ola, Russia: Mari State University, 2024:576-579. (In Russ.)
7. Lysenko Yu.A., Luneva A.V., Belyak V.A., Akchurina I.V. Genetic analysis of the intestinal microbiota of pigs. *Mezhdunarodnaya nauchno-prakticheskaya konferentsiya 'Molodaya agrarnaya nauka'*. May 16, 2024. Maykop, Russia: Izdatelstvo "Magarin Oleg Grigorievich", 2024:231-234. (In Russ.)
8. Ustinova V.V., Smirnova T.G., Varlamov D.A., Larionova E.E. et al. Whole-genome sequencing of the *Mycobacterium heckeshornense* genome. *Bacteriology*. 2017;2(3):108-109. (In Russ.)
9. Buryako I.A., Astapovich N.I., Stefanovich L.I., Safonova M.E. Isolation and selection of bacteria of the genus *Lactobacillus* – the basis of probiotic preparations.: *Mezhdunarodnaya konferentsiya 'Probiotiki, prebiotiki, sinbiotiki i funktsionalnye produkty pitaniya. Sovremennoe sostoyanie i perspektivy'*. July 2-4, 2004. Moscow, Russia, 2004:18-19. (In Russ.)
10. Kovtun A.A., Belyak V.A. Study of the microbiome of various sections of the turkey gastrointestinal tract and their species identification. *Mezhdunarodnaya nauchnaya konferentsiya molodykh uchonykh i spetsialistov, posvyashchonnaya 150-letiyu so dnya rozhdeniya A.Ya. Milovicha*. June 3-5, 2024. Moscow, Russia: Russian State Agrarian University-Moscow Agricultural Academy named after K.A. Timiryazev, 2024:308-311. (In Russ.)
11. Labinskaya A.S., Ankirskaya A.S., Badleeva M.V., Blinkova L.P. et al. *Private medical microbiology with microbiological research techniques: a tutorial*. Saint Petersburg, Russia: Lan, 2022:608. (In Russ.)

12. Popov D.A., Ovseenko S.T., Vostrikova T.Yu. Application of the MALDI-TOF MS method in a modern microbiological laboratory. *Poliklinika*. 2016;1-3:53-56. (In Russ.)
13. Vasiliev D.A., Feoktistova N.A., Mastilenko A.V., Suldina E.V. Species identification of enterobacteria strains by means of MALDI-TOF MS. *Vestnik of the Ulyanovsk State Agricultural Academy*. 2018;2(42):110-113. (In Russ.) <https://doi.org/10.18286/1816-4501-2018-2-110-113>
14. Bankevich A., Nurk S., Antipov D., Gurevich A. et al. A new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing. *SPAdes: J. Comp. Biol.* 2012;19(5):455-477. <https://doi.org/10.1089/cmb.2012.0021>
15. Auch A.F., Mathias J., Klenk H., Göker M. Digital DNA-DNA hybridization for microbial species delineation by means of genome-to-genome sequence comparison. *Standards in Genomic Sciences*. 2010;2:117-134. <https://doi.org/10.4056/sigs.531120>
16. Meier-Kolthoff J.P., Goker M. TYGS is an automated high-throughput platform for state-of-the-art genome-based taxonomy. *Nature Communications*. 2019;10(1):2182. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-10210-3>
17. Tatusova T., DiCuccio M., Badretdin A., Chetvernin V. et al. NCBI prokaryotic genome annotation pipeline. *Nucleic Acids Research*. 2016;44(14):6614-6624. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw569>
18. Gurevich A., Saveliev V., Vyahhi N., Tesler G. QUAST: quality assessment tool for genome assemblies. *Bioinformatics*. 2013;29(8):1072-1075. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt086>
19. Okonechnikov K., Golosova O., Fursov M. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. *Bioinformatics*. 2012;28(8):1166-1167. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts091>

Сведения об авторах

Альбина Владимировна Лунева, доктор биологических наук, доцент, профессор кафедры ветеринарной медицины, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Российский государственный аграрный университет – Московская сельскохозяйственная академия имени К.А. Тимирязева»; 127550, Российская Федерация, г. Москва, ул. Тимирязевская, 49; e-mail: albina.luneva@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-4863-3590>

Юрий Андреевич Лысенко, доктор биологических наук, доцент, профессор кафедры ветеринарной медицины, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Российский государственный аграрный университет – Московская сельскохозяйственная академия имени К.А. Тимирязева»; 127550, Российская Федерация, г. Москва, ул. Тимирязевская, 49; e-mail: yuraduban45@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-2629-2334>

Марина Ивановна Селионова, доктор биологических наук, профессор, заведующий кафедрой разведения, генетики и биотехнологии животных, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Российский государственный аграрный университет – Московская сельскохозяйственная академия имени К.А. Тимирязева»; 127550, Российская Федерация, г. Москва, ул. Тимирязевская, 49; e-mail: selionova@rgau-msha.ru; <https://orcid.org/0000-0002-9501-8080>

Маргарита Геннадиевна Яковец, аспирант кафедры биотехнологии, биохимии и биофизики, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Кубанский государственный аграрный

университет имени И.Т. Трубилина»; 350044, Российская Федерация, г. Краснодар, ул. имени Калинина, 13; e-mail: margoyakovets@mail.ru

Евгений Юрьевич Марченко, кандидат ветеринарных наук, старший преподаватель кафедры ветеринарной медицины, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Российский государственный аграрный университет – Московская сельскохозяйственная академия имени К.А. Тимирязева»; 127550, Российская Федерация, г. Москва, ул. Тимирязевская, 49; e-mail: marchenko.vet@mail.ru

Information about the authors

Albina V. Luneva, DSc (Bio), Professor, Associate Professor at the Department of Veterinary Medicine, Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy; 49 Timiryazevskaya st., Moscow, 127550, Russian Federation; e-mail: albina.luneva@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-4863-3590>

Yury A. Lysenko, DSc (Bio), Professor, Associate Professor at the Department of Veterinary Medicine, Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy; 49 Timiryazevskaya st., Moscow, 127550, Russian Federation; e-mail: yuraduban45@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-2629-2334>

Marina I. Selionova, DSc (Bio), Professor, Head of Department of Animal Breeding, Genetics and Biotechnology, Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy; 49 Timiryazevskaya st., Moscow, 127550, Russian Federation; e-mail: selionova@rgau-msha.ru; <https://orcid.org/0000-0002-9501-8080>

Margarita G. Yakovets, postgraduate student of the Department of Biotechnology, Biochemistry and Biophysics, Kuban State Agrarian University; 13 Kalinina st., Krasnodar, 350044, Russia; e-mail: margoyakovets@mail.ru

Evgeniy Yu. Marchenko, CSc (Vet), Senior Lecturer at the Department of Veterinary Medicine, Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy; 49 Timiryazevskaya st., Moscow, 127550, Russian Federation; e-mail: marchenko.vet@mail.ru