

DOI: 10.12731/2658-6649-2025-17-2-1107

EDN: ODFQOK

УДК 636.5.033/61.619



Научная статья

## РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЯ ВОЗДЕЙСТВИЯ ГЛИФОСАТА И АНТИБИОТИКОВ НА СОСТАВ И ФУНКЦИИ МИКРОБИОМА КИШЕЧНИКА БРОЙЛЕРОВ

*Д.Г. Тюрина, Е.А. Ёылдырым, Г.Ю. Лаптев, Н.И. Новикова,  
Л.А. Ильина, В.А. Филиппова, А.В. Дубровин, К.А. Калиткина,  
Е.С. Пономарева, И.А. Ключникова, В.А. Заикин, Е.П. Горфункель*

### *Аннотация*

**Обоснование.** Сочетанное действие остаточных количеств пестицидов и антибиотиков в кормах для птиц может приводить к негативному воздействию на состав кишечного микробиома поголовья.

**Цель.** Проанализировать изменение состава микробиома слепых отростков кишечника бройлеров под воздействием глифосата в количестве 1 ПДК для продуктов питания изолированно и при комбинации глифосата с антибиотиками и противокочидийным препаратом.

**Материалы и методы.** Подопытных птиц делили на 4 группы: I группа - контрольная, которая получала основной рацион (ОР), II опытная - ОР с добавлением глифосата; III опытная - ОР с добавлением глифосата и ветеринарных антибиотиков; IV опытная - ОР с добавлением глифосата и кокцидиостатика. Состав бактерий определяли методом NGS- секвенирования на автоматическом секвенаторе MiSeq («Illumina, Inc.», США). Программное обеспечение PICRUSt2 (v.2.3.0) (<https://github.com/picrust/picrust2>) было использовано для проведения прогнозирования функциональной активности метагенома, семейств генов и белков.

**Результаты.** Результаты показали, что под влиянием глифосата (опытная группа II) на 7-е и 40-е сутки жизни бройлеров из сообщества микроорганизмов химуса слепых отростков кишечника полностью элиминировались микроорганизмы филума Proteobacteria, на 14-е сутки их содержание снижалось в 3,7 раза по сравнению с контрольной группой I ( $P \leq 0,05$ ). В группах III и IV их количество возрастало по сравнению с группой II до 3,1 и 7,9 раза соответственно ( $P \leq 0,05$ ). В 7-ми суточном возрасте в опытной группе II, а также в 7-40 суточном возрасте в опытной группе III снижалось количество бактерий

Ruminococcaceae и Oscillospiraceae до 10,3 и 11,8% соответственно по сравнению с контрольной группой I ( $P \leq 0,05$ ). Изменения в составе микробных таксонов под влиянием вводимых в корм пестицидов и лекарственных веществ привели к изменению 185 потенциальных функциональных путей ( $P \leq 0,05$ ). Так, снижалась активность путей энергетического, углеводного, протеинового метаболизма, обмена жиров, биосинтеза коферментов и кофакторов, витаминов в опытных группах II-IV по сравнению с контрольной группой I ( $P \leq 0,05$ ).

**Заключение.** Полученные нами данные указывают на то, что при экспериментальной контаминации корма гербицидом глифосатом, введении в корм ветеринарных антибиотиков и кокцидиостатика в слепых отростках кишечника цыплят-бройлеров происходили изменения структуры микробиома уже на высоких таксономических уровнях, а также наблюдалось угнетение критически важных потенциально заложенных функциональных путей. Это может негативно повлиять на организм хозяина.

**Ключевые слова:** глифосат; антибиотики; кокцидиостатик; бройлеры; токсическое действие; микробиом; NGS-секвенирование

**Для цитирования.** Тюрина, Д. Г., Йылдырым, Е. А., Лаптев, Г. Ю., Новикова, Н. И., Ильина, Л. А., Филиппова, В. А., Дубровин, А. В., Калиткина, К. А., Пономарева, Е. С., Ключникова, И. А., Заикин, В. А., & Горфункель, Е. П. (2025). Результаты исследования воздействия глифосата и антибиотиков на состав и функции микробиома кишечника бройлеров. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 17(2), 261-294. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2025-17-2-1107>

Original article

## THE RESULTS OF THE STUDY OF THE EFFECTS OF GLYPHOSATE AND ANTIBIOTICS ON THE COMPOSITION AND FUNCTIONS OF THE INTESTINAL MICROBIOME OF BROILERS

*D.G. Tyurina, E.A. Yildirim, G.Y. Laptev, N.I. Novikova, L.A. Ilyina,  
V.A. Filippova, A.V. Dubrovin, K.A. Kalitkina, E.S. Ponomareva,  
I.A. Klyuchnikova, V.A. Zaikin, E.P. Gorfunkel*

### *Abstract*

**Background.** The combined effect of residual amounts of pesticides and antibiotics in poultry feed can lead to a negative effect on the composition of the intestinal microbiome of livestock.

**Purpose.** To analyze changes in the composition of broilers intestinal cecum microbiome under the influence of glyphosate in an amount of 1 MPC for food products in isolation and with a combination of glyphosate with antibiotics and an anticoccidial drug.

**Materials and methods.** The experimental birds were divided into 4 groups: Group I - control, which received the basic diet (BD), experimental group II - BD with the addition of glyphosate; III experimental - BD with the addition of glyphosate and veterinary antibiotics; IV experimental - BD with the addition of glyphosate and anticoccidial drug. The composition of bacteria was determined by NGS sequencing on a MiSeq automatic sequencer (Illumina, Inc., USA). PICRUSt2 (v.2.3.0) software (<https://github.com/picrust/picrust2>) was used to perform functional activity prediction of the metagenome, gene families, and proteins.

**Results.** The results showed that under the influence of glyphosate (experimental group II), on the 7th and 40th days of life of broilers, microorganisms of the phylum Proteobacteria were completely eliminated from the community of microorganisms in the chyme of the intestinal cecum; on the 14th day, their content decreased by 3.7 times compared to control group I ( $P \leq 0.05$ ). In groups III and IV, their number increased compared to group II to 3.1 and 7.9 times, respectively ( $P \leq 0.05$ ). At 7 days of age in experimental group II, as well as at 7-40 days of age in experimental group III, the number of Ruminococcaceae and Oscillospiraceae bacteria decreased to 10.3 and 11.8%, respectively, compared to control group I ( $P \leq 0.05$ ). Changes in the composition of microbial taxa under the influence of pesticides and medicinal substances introduced into feed led to changes in 185 potential functional pathways ( $P \leq 0.05$ ). Thus, the activity of the pathways of energy, carbohydrate, protein metabolism, fat metabolism, biosynthesis of coenzymes and cofactors, vitamins decreased in experimental groups II-IV compared to control group I ( $P \leq 0.05$ ).

**Conclusion.** Our data indicate that during the experimental contamination of feed with the herbicide glyphosate, the introduction of veterinary antibiotics and anticoccidial drug into the feed in the caeca of the intestines of broiler chickens, changes in the structure of the microbiome occurred already at high taxonomic levels, and critical inhibition was also observed important potentially underlying functional pathways. This can negatively affect the host's body.

**Keywords:** glyphosate; antibiotics; coccidiostatic; broilers; toxic effect; microbiome; NGS sequencing

**For citation.** Tyurina, D. G., Yildirim, E. A., Laptev, G. Y., Novikova, N. I., Ilyina, L. A., Filippova, V. A., Dubrovin, A. V., Kalitkina, K. A., Ponomareva, E. S., Klyuchnikova, I. A., Zaikin, V. A., & Gorfunkel, E. P. (2025). The results of the

study of the effects of glyphosate and antibiotics on the composition and functions of the intestinal microbiome of broilers. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 17(2), 261-294. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2025-17-2-1107>

### **Введение**

Микробиом кишечника животных и птиц представляет собой динамичную совокупность бактерий, архей, грибов и фагов, которые продуцируют микробные метаболиты, образуя метаболическую ось хозяин-микроб, играющую многогранную роль в метаболизме животных и птиц, иммунном гомеостазе и устойчивости к колонизации патогенами [11; 28; 54]. Кишечные микроорганизмы напрямую или косвенно (с помощью метаболитов) оказывают влияние на всасывание и использование организмом питательных веществ и показатели продуктивности [19; 38]. В слепой кишке происходят основные процессы микробной ферментации, приводящие к синтезу летучих жирных кислот, которые обеспечивают хозяина энергией [4].

В последние десятилетия все большее внимания уделяется факторам, которые влияют на состав и стабильность микробиомов, связанных с хозяином [30]. Оказалось, что на состав кишечного микробиома оказывают влияние различные факторы, включая ксенобитики, присутствующие в кормах [41].

Так, гербициды на основе глифосата, которые традиционно используются в сельском хозяйстве [12] достаточно часто обнаруживаются в кормах для птиц [3]. Глифосат воздействует на шикиматный путь, в результате которого синтезируются ароматические аминокислоты у растений. Данный путь отсутствует у животных и человека, но имеется у некоторых микроорганизмов, что предполагает возможное его влияние на состав микроорганизмов пищеварительной системы птиц [40]. Использование глифосата на сегодняшний день является очень спорным, поскольку научные организации пришли к противоположным выводам об уровне его опасности [17]. Недавние результаты показали, что глифосат вызывает эмбриональную смертность у домашней птицы [44], снижает скорость вылупления [14], нарушает синтез ферментов цитохрома P450 в печени и тонком кишечнике птиц [15], негативно влияет на зоотехнические характеристики, включая развитие органов пищеварительного тракта и прирост массы тела бройлеров [50], что может иметь связь с измененным составом микробиома пищеварительной системы.

Кроме того, антибиотики, которые также можно отнести к группе ксенобиотиков, широко используются в бройлерном животноводстве для про-

филактики и лечения заболеваний. Накопленные данные свидетельствуют о том, что лечение антибиотиками вызывает значительные изменения в микробиоте желудочно-кишечного тракта бройлеров, может вызывать дисбиоз и нарушения развития кишечника, что отрицательно влияет на физиологию бройлеров и метаболические показатели [34]. С другой стороны, иммунная система птиц подвергается неблагоприятному воздействию со стороны антибиотиков, что приводит к снижению концентрации макрофагов в ткани слизистой оболочки кишечника, и, в свою очередь, также влияет на состав микробиоты [39].

Кокцидиоз, который является серьезным протозойным инфекционным заболеванием, которое наносит глобальный экономический ущерб птицеводству [52] также вынуждает использовать антикокцидиальные антибиотики в ветеринарной медицине во всем мире [55]. Кокцидии прямо или косвенно влияют на здоровье хозяина и значительно уменьшают разнообразие микробиоты в кишечнике [27], следовательно, борьба с кокцидиями с помощью антибиотиков может внести существенный вклад в изменение состава микробиома.

На сегодняшний день исследования воздействия различных ксенобиотиков на физиологию и продуктивность животных и птиц, в основном, сосредоточены на последствиях их обособленного влияния. Однако, сочетанное воздействие остаточных количеств глифосата, антибиотиков и антикокцидиальных препаратов может приводить к более негативным последствиям, включая изменение состава микробиома кишечника [35].

*Цель исследования* – проанализировать изменение состава микробиома слепых отростков кишечника бройлеров под воздействием глифосата в количестве 1 ПДК для продуктов питания изолированно и при комбинации глифосата с антибиотиками и противоккокцидийным препаратом.

### **Материалы и методы**

В КФХ, находящимся в селе Федоровское Тосненского района Ленинградской области, был проведен эксперимент по выращиванию цыплят-бройлеров кросса Росс 308 с суточного возраста до 40-дневного. 260 птиц поделили на 4 равные группы: I – контрольная I, которая получала основной рацион (ОР), II опытная – получала ОР с добавлением глифосата в дозе 20 мг/кг корма; III опытная – получала ОР с добавлением глифосата и ветеринарных антибиотиков энрофлоксацина и метансульфоната колистина; IV опытная – получала глифосат и аммоний мадурамицин (антикокцидиальный антибиотик). Полнорационный комбикорм ПК5\_1Г\_431

(ЗАО «Гатчинский комбикормовый завод», Ленинградская область, Россия) использовали для кормления бройлеров в возрасте от 1 до 4 недель. С 28-го по 40-й день цыплятам скармливали полнорационный комбикорм ПК-6\_Г\_888 (ЗАО «Гатчинский комбикормовый завод»). Режимы поения, освещения и влажности соответствовали рекомендациям по содержанию бройлеров Росс 308 [1]. Цыплята опытных и контрольной групп содержались в трехъярусных клетках, состоящих из блоков ББ-1 (НПО «Сти-мул-Инк», Московская область, Россия).

Корма искусственно загрязняли глифосатом в виде препарата «Агро-киллер» (ЗАО «Август», Москва, Россия), который содержит 500 г/л глифосата кислоты. Рабочий раствор вводили в корм с помощью опрыскивания. Концентрацию глифосата в корме измеряли методом иммуноферментного анализа (ИФА), используя фотометр Stat Fax 303+ (Awareness Technology, Inc., США) и тест-систему GLY ELISA Microtiter Plate (Eurofins Abraxis, Warminster, PA, США). Фоновых следов глифосата не выявили. Антибиотик энрофлоксацин добавляли в питьевую воду в виде препарата «Энрофлон 10% раствор для перорального применения» (ООО «НПК-ВИК», Россия) в количестве 0,5 мл на 1 л воды в возрасте 0-10 суток жизни цыплят, антибиотик колистина метансульфонат добавляли в воду в виде препарата «Колистин 2 млн» (Организация-разработчик: ООО «Ареал Медикал»/производитель «АВЗ-СП», Россия) в количестве 0,25 мл на 1 л воды на 33-37 сутки жизни. Антикоксидиальный препарат добавляли в количестве 500 г на 1 т корма на протяжении 35 суток жизни цыплят.

Исследования проводились в соответствии с требованиями Европейской конвенции по защите позвоночных животных, используемых в экспериментальных и других научных целях (ETS № 123, Страсбург, 1986 г.) и в соответствии с этическим законодательством Российской Федерации в соответствии с Федеральным законом Российской Федерации № 498-ФЗ «Об ответственном обращении с животными». Исследование одобрено биоэтической комиссией Федерального исследовательского центра животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста (ФГБНУ ФИЦ ВИЖ имени Л. К. Эрнста).

Отбор проб химуса слепых отростков кишечника бройлеров (n=3) для анализа состава микробиома проводили в суточном возрасте, а также на 7-е, 14-е и 40-е сутки эксперимента. Суммарную ДНК выделяли при помощи набора Genomic DNA Purification Kit («Thermo Fisher Scientific, Inc.», США). Состав бактерий определяли методом NGS-секвенирования на автоматическом секвенаторе MiSeq («Illumina, Inc.», США) с примене-

нием праймеров для V3-V4 региона 16S рПНК: 5'-TCGTCGGCAGCGT-CAGATGTGTATAAGAGACAGCCTACGGGNGGCWGCAG-3', 5'-GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAAGAGACAGGACTACHVGGGTATCTAATCC-3'. Этапы ПЦР-реакции включали: 3 мин при 95 °С; 30 с при 95 °С, 30 с при 55 °С, 30 с при 72 °С (25 циклов); 5 мин при 72 °С. Секвенирование проводили при помощи реагентов для подготовки библиотек Nextera® XT IndexKit («Illumina, Inc.», США), для очистки ПЦР-продуктов Agencourt AMPure XP («Beckman Coulter, Inc.», США) и для проведения секвенирования MiSeq® ReagentKit v2 (500 cycle) («Illumina, Inc.», США).

Биоинформатическая обработка полученных результатов проводилась при использовании конвейера сквозного анализа микробиома QIIME2 ver. 2020.8 (<https://docs.qiime2.org/2020.8/>). Фильтрацию шумовых последовательностей проводили с использованием пакета DADA2. Для построения филогении de novo выполнили множественное выравнивание последовательностей с помощью пакета MAFFT. Для назначения таксономии использовали программное обеспечение QIIME2.

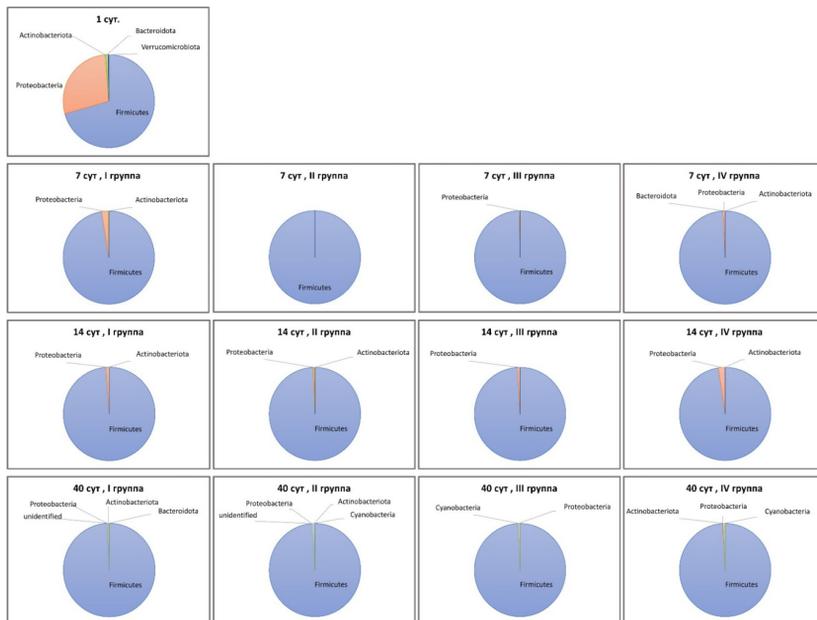
Программное обеспечение PICRUSt2 (v.2.3.0) (<https://github.com/picrust/picrust2>) было использовано для проведения прогно-зирования функциональной активности метагенома, семейств генов и белков. Для поиска метаболических путей и белков использовали базу MetaCyc (<https://metacyc.org/>).

Математическую и статистическую обработку результатов осуществляли методом многофакторного дисперсионного анализа (multifactor ANalysis Of VAriance, ANOVA) в программах Microsoft Excel XP/2003, R-Studio (Version 1.1.453) (<https://rstudio.com>).

### Результаты исследования

При проведении NGS-секвенирования состава бактерий химуса слепых отростков кишечника бройлеров всего из образцов было получено 129,090 высококачественных парных последовательностей 16S рПНК (при этом медиана считывания составляла 9,558, минимум - 1,236 и максимум -13,630).

Результаты показали, что в составе кишечного микробиома бройлеров было обнаружено 5 филумов микроорганизмов в суточном возрасте, 4 филума – в 7 суток жизни, 3 филума – в 14 суток, 6 филумов – в 40 суток (рисунок 1). Доминирующими филумами в суточном возрасте были *Firmicutes* и *Proteobacteria*, на следующих этапах онтогенеза (с 7-х по 40-е сутки) – преимущественно *Firmicutes*.



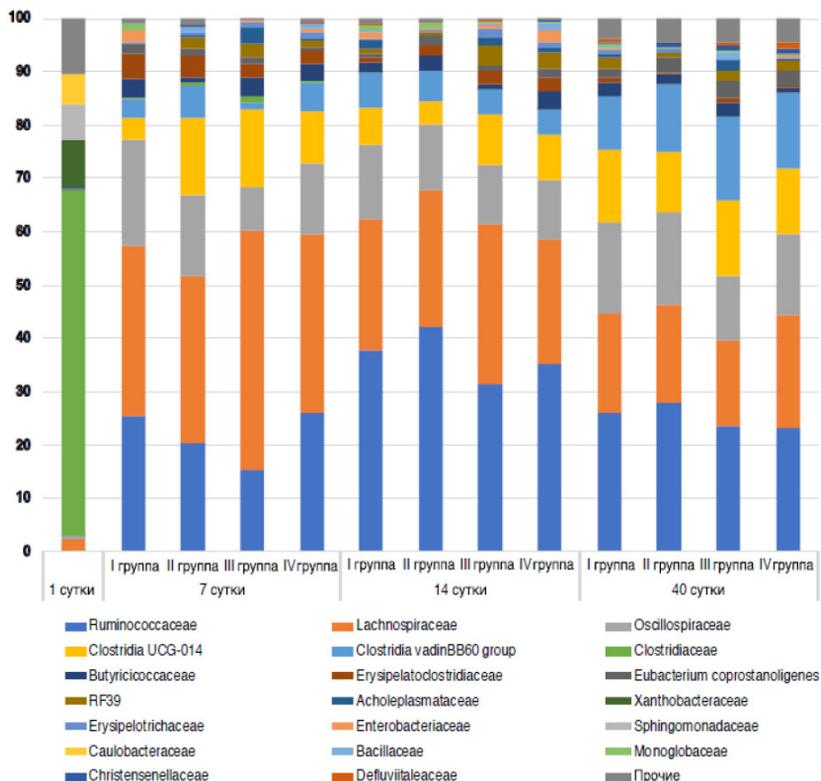
**Рис. 1.** Таксономический состав микробиоты слепых отростков кишечника бройлеров кросса Росс 308 на уровне филумов под влиянием глифосата и антибиотиков: I-IV опытные группы, n=3 (анализ методом NGS-секвенирования)

Мы показали, что состав микробиома слепых отростков кишечника резко отличался у цыплят суточного возраста от птиц более старших возрастов. Так, содержание *Proteobacteria* у птиц суточного возраста составляло  $28,0 \pm 2,24\%$ , тогда как у птиц более старших возрастов не превышало  $2,4 \pm 0,15\%$ . Численность *Firmicutes*, напротив, с возрастом увеличивалась ( $P \leq 0,05$ ).

Стоит отметить, что под влиянием глифосата в монорегиме (опытная группа II) на 7-е и 40-е сутки жизни бройлеров из химуса слепых отростков кишечника полностью элиминировались микроорганизмы филума *Proteobacteria* из сообщества, на 14-е сутки их содержание снижалось в 3,7 раза по сравнению с контрольной группой I ( $P \leq 0,05$ ). В опытных группах III и IV их количество возрастало по сравнению с группой II до 3,1 и 7,9 раза соответственно ( $P \leq 0,05$ ).

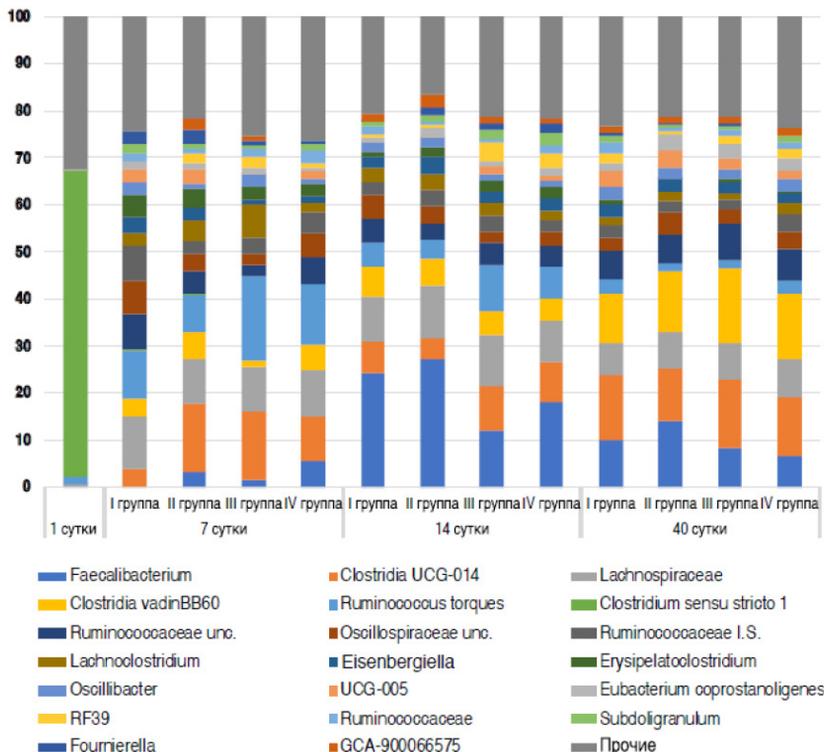
Обращает на себя внимание, что относительная численность представителей семейства *Clostridiaceae* у птиц суточного возраста составля-

ла  $64,9 \pm 5,22\%$ , тогда как у птиц более старших возрастов не превышала  $1,0 \pm 0,09\%$ . (рисунок 2). В возрасте 40 суток данные микроорганизмы не были представлены в кишечнике исследованных птиц.



**Рис. 2.** Таксономический состав микробиоты слепых отростков кишечника бройлеров кросса Росс 308 на уровне семейств под влиянием глифосата и антибиотиков: I-IV опытные группы,  $n=3$  (анализ методом NGS-секвенирования)

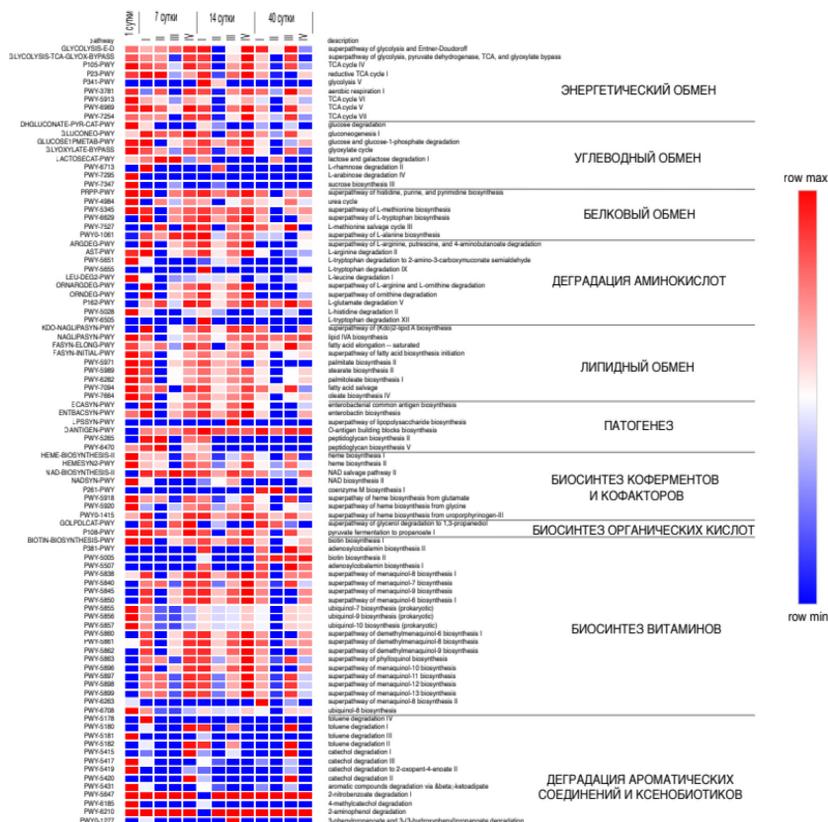
Как видно из рисунка 3, представители класса *Clostridia* у цыплят суточного возраста были, в основном, представлены родом *Clostridium\_sensu\_stricto\_1* (доля *Clostridium\_sensu\_stricto\_1*  $64,9 \pm 5,45\%$  из  $68,4 \pm 5,47\%$  – общей доли представителей класса *Clostridia*). В то же время представители класса *Clostridia* в кишечнике птиц более старших возрастов были представлены бактериями иных родов - *Clostridia\_vadinBB60\_group* и *Clostridia\_UCG-014*.



**Рис. 3.** Таксономический состав микробиоты слепых отростков кишечника бройлеров кросса Росс 308 на уровне родов под влиянием глифосата и антибиотиков: I-IV опытные группы, n=3 (анализ методом NGS-секвенирования)

Кроме того, относительная численность таких семейств, как *Ruminococcaceae* и *Oscillospiraceae* у птиц 7-40 суточного возраста значительно возрастала по сравнению с суточными цыплятами ( $P \leq 0,05$ ) (рис. 2). Интересно, что в 7-ми суточном возрасте в опытной группе II под влиянием глифосата в изолированном виде, а также в 7-40 суточном возрасте на фоне глифосата в комбинации с антибиотиками (опытная группа III) снижалось количество руминококков и осцилоспир до 10,3 и 11,8% соответственно по сравнению с контрольной группой I ( $P \leq 0,05$ ). При введении в рацион птиц опытной группы IV аммония мадурамицина содержание данных бактерий практически не изменялась (или изменялось незначительно) по сравнению с контрольной группой I ( $P \leq 0,05$ ).

На следующем этапе с помощью биоинформатического анализа у микробного сообщества слепых отростков кишечника бройлеров было детектировано 357 прогнозируемых метаболических пути. Изменения в составе микробных таксонов под влиянием ксенобиотиков имело связь с изменением их 185 потенциально заложенных функциональных пути ( $P \leq 0,05$ ) (рисунок 4).



**Рис. 4.** Прогнозируемые бактериальные метаболические пути в просвете слепых отростков кишечника бройлеров кросса Росс 308, имеющих достоверные различия ( $P \leq 0,05$ ) между группами I-IV. Максимальные значения отмечены красным, а минимальные – синим

Как видно из рисунка 4, на фоне глифосата в монорегиме (опытная группа II) наблюдались наиболее выраженные изменения предсказанных путей метаболизма микробиоты кишечника по сравнению с контролем I ( $P \leq 0,05$ ).

Снижалась активность значительного количества прогнозируемых путей обмена энергии, углеводов, протеина, жиров, синтеза коферментов и кофакторов, витаминов, деградации ксенобиотиков ( $P \leq 0,05$ ). Так, например, в 7-ми суточном возрасте в кишечном бактериальном сообществе цыплят не выявлялись гены, связанные с путями PRPP-PWY (синтеза гистидина, пурина и пиримидина), PWY-5345 (L-метионина (путем сульфгидрирования)), PWY-6629 (L-триптофана) в отличие от контрольной группы I. В группе III с дополнительным введением антибиотиков не удалось детектировать гены, связанные с реализацией пути PWY-7527 (цикла утилизации L-метионина III). В 14-суточном возрасте у птиц в опытной группе II снижалась относительная активность цикла мочевины в 2,7 раза и суперпути биосинтеза L-триптофана в 1,4 раза по сравнению с контрольной группой I ( $P \leq 0,05$ ). Кроме того, снижения активности в опытных группах II-IV по сравнению с контрольной группой I ( $P \leq 0,05$ ) были отмечены для путей биосинтеза витаминов, таких, как биотин, витамин B12, различные гомологи витамина K (рис. 4).

### Обсуждение результатов

Результаты NGS-секвенирования микробиома химуса слепых отростков кишечника бройлеров показали, что доминирующими филумами в суточном возрасте были *Firmicutes* и *Proteobacteria*, на следующих этапах онтогенеза – преимущественно *Firmicutes*. В предыдущих исследованиях показано, что *Firmicutes*, *Bacteroidetes* и *Proteobacteria*, как правило, традиционно доминируют на всех этапах жизни птиц, составляя более 70% общего сообщества бактерий [45].

Данные о значительном количестве *Proteobacteria* в кишечнике цыплят суточного возраста, по сравнению с более старшими возрастами, совпадает с предыдущими исследованиями. Ранее было показано, что доля *Proteobacteria* достигала 41,54% в суточном возрасте [25]. Предполагается, что *Proteobacteria* способствуют гомеостазу анаэробной среды желудочно-кишечного тракта и, следовательно, стабильности строго анаэробной микробиоты [32]. Bortoluzzi С. с соавторами, подобно нашим исследованиям показали, что численность *Firmicutes* увеличивается с возрастом в кишечнике цыплят [5]. В состав *Firmicutes* входит значительная доля комменсальных бактерий, связанных производством бутирата [10]. Willson N. с соавторами выдвинули предположение о том, что микробиота слепой кишки молодых цыплят нестабильна и значительно варьирует [46]. Исследователи пришли к выводу о том, что в возрасте нормальная микробиота стабилизируется, в основном, к 28-ми суткам [47].

Обнаруженная высокая численность представителей семейства *Clostridiaceae* у птиц суточного возраста, вероятно, объясняется несовершенным развитием иммунной системы у цыплят раннего возраста. Ведь среди бактерий *Clostridiaceae* встречается много патогенных форм, продуцирующих экзотоксины [33], например, *Clostridium botulinum*, *C. tetani*, *C. chauvoei*, *C. novyi*, *C. sordellii*, *C. Haemolyticum*, *C. perfringens* [43]. По всей вероятности, после вылупления, подвергнувшись внешнему воздействию, цыплята оказались восприимчивы к инвазии нежелательных микроорганизмов из окружающей среды (при фекальном загрязнении яичной скорлупы и т.д.).

Интересно, что представители класса *Clostridia* у цыплят суточного возраста были, в основном, представлены родом *Clostridium\_sensu\_stricto\_1*. В то же время представители класса *Clostridia* в кишечнике птиц более старших возрастов были представлены бактериями иных родов – *Clostridia\_vadinBB60\_group* и *Clostridia\_UCG-014*. Это еще раз демонстрирует нестабильность микробиома суточных цыплят и указывает на наличие процессов стабилизации кишечной микробиоты с возрастом. Дело в том, что представители рода *Clostridium\_sensu\_stricto\_1*, как правило, ассоциируются с процессами патогенеза [36], а также интерпретируются как индикаторы дисбиоза [24]. *Clostridiales\_vadinBB60\_group*, напротив, считается представителем нормобиоты, продуцирующей летучие жирные кислоты [51], ее численность положительно коррелирует с эффективностью откорма [29]. Бактерий рода *Clostridia\_UCG-014* также традиционно относят к представителям нормобиоты [2].

Возрастание относительной численности таких семейств, как *Ruminococcaceae* и *Oscillospiraceae* у птиц 7-40 суточного возраста по сравнению с суточными цыплятами может свидетельствовать о становлении микробного баланса с возрастом. Данные микроорганизмы связаны с более высокой продуктивностью и иммунным статусом и часто используются в качестве маркеров здоровья кишечника птицы [53]. Они могут ферментировать структурные углеводы и продуцировать жирные короткоцепочечные кислоты [7]. Так, представители семейства *Ruminococcaceae* бактерии рода *Faecalibacterium* sp. являются одними из важных производителей масляной кислоты в кишечном тракте животных, а *Faecalibacterium prausnitzii*, как было доказано, оказывает противовоспалительное действие, поддерживает активность бактериальных ферментов и защищает пищеварительную систему от кишечных патогенов [31]. Короткоцепочечные жирные кислоты, производимые представителями данных семейств

[49] могут улучшить здоровье кишечника, поддерживая анаэробную кишечную среду и предотвращая распространение факультативных анаэробных патогенов, а также оказывают важное влияние на физиологию и энергетический баланс хозяина [48]. Поэтому снижение численности *Ruminococcaceae* и *Oscillospiraceae* в 7-ми суточном возрасте на фоне глифосата в монорезиме, а также в 7-40 суточном возрасте на фоне глифосата в сочетании с антибиотиком может приводить к негативным последствиям для организма птиц. Ранее Robinson K. с соавторами показали, что такие антибиотики, как тилозин и энрамицин, увеличивали численность *Ruminococcaceae*, тогда как салиномицин и монензин уменьшали численность этого семейства [37].

Стоит отметить, что заражение кокцидиями приводит к снижению численности большинства бактериальных таксонов (включая роды *Faecalibacterium*, *Alistipes* и др.) в кишечнике кур, за исключением представителей семейства *Enterobacteriaceae* [23]. Эти данные указывают на то, что кокцидиальная инфекция может вызывать выраженный дисбиоз или нарушение резидентной микробиоты и способствовать последующему заражению другими патогенами. Возможно, это является объяснением того факта, что при добавлении в рацион кокцидиостатика на фоне глифосата содержание представителей *Ruminococcaceae* и *Oscillospiraceae* практически не изменялась (или изменялось незначительно) по сравнению с контрольной группой. Ранее показано, что некоторые представители *Firmicutes* [8] в группе птиц с кокцидиозом имели тенденцию соответствовать значениям в группе здоровых птиц после лечения кокцидиостатиками этанамизурилом и салиномицином. Кроме того, численность *Enterobacter* и *Acinetobacter*, которые считаются условно-патогенными микроорганизмами у растений, животных и человека [42], были значительно снижены в группе птиц с введением в рацион салиномицина.

Большая часть преимуществ для хозяина, получаемых от симбиотического микробиома, проистекает именно от метаболитов, которые производят микроорганизмы и которые усваиваются хозяином [6]. Действительно, более 30% метаболитов, обнаруживаемых в кровотоке, хозяин получает от своего микробиома [9]. Симбиотическая микробиота кишечника модулирует здоровье хозяина посредством ряда трансгеномных метаболических и иммунорегуляторных осей [21]. Как показали наши результаты, полученные с помощью KEGG и PICRUSt2 под влиянием ксенобиотиков менялся не только микробный состав, но и активность потенциально заложенных функциональных путей, связанных с энергетическим, углеводным, белко-

вым, липидным метаболизмом, биосинтезом коферментов и кофакторов, витаминов и др. Таким образом, ксенобиотики, изменяющие критически важные пути метаболизма различных веществ, могут негативно сказаться на физиологии и продуктивности хозяина. Давно известно [20], что микробиота кишечника может синтезировать определенные витамины, в частности витамин К и витамины группы В, включая биотин, кобаламин, фолаты, никотиновую кислоту, пантотеновую кислоту, пиридоксин, рибофлавин и тиамин. Существуют данные о метаболической и физиологической значимости некоторых из этих витаминов для млекопитающих [18]. Показано, что у людей, находящихся на диете с низким содержанием витамина К в течение 3-4 недель, не развился дефицит данного витамина, но у тех, кто лечился антибиотиком широкого спектра действия, наблюдалось значительное снижение уровней протромбина в плазме из-за подавления кишечной микробиоты, продуцирующей витамин К [16]. Кроме того, снижение эффективности синтеза различных аминокислот микроорганизмами на фоне ксенобиотиков может снизить фактическую эффективность производства ценного для продуктивных животных и птиц микробного белка [13]. По мнению исследователей [26], количество микробного протеина в кишечнике тесно связано с микробными таксонами и их метаболизмом. Предыдущие результаты показали, что прогнозируемые пути микробиома у бройлеров с диагнозом «дисхондроплазия большеберцовой кости» отличался от клинически здоровых бройлеров, особенно по метаболизму аминокислот, углеводов, синтезу производных органических кислот, производных индола, витаминов [22].

### **Заключение**

При экспериментальном введении в корм глифосата отдельно, а также в комбинации с ветеринарными антибиотиками и кокцидиостатиком в слепых отростках кишечника цыплят-бройлеров изменялся состав микробиома уже на уровне высоких таксономических рангов. Особенно выраженные изменения наблюдались при введении в корм глифосата в монорежиме. Некоторая коррекция дисбиоза под влиянием антибиотика и кокцидиостатика может быть связана с подавлением патогенной микробиоты и кокцидий. Под влиянием исследованных ксенобиотиков изменялся не только микробный состав, но и активность критически важных потенциально заложенных функциональных путей, связанных с энергетическим, углеводным, белковым, липидным метаболизмом, биосинтезом коферментов и кофакторов, витаминов и др. Следует иметь в виду,

что метаболиты, полученные из просвета кишечника, могут всасываться и влиять на общий метаболический фенотип хозяина.

**Информация о конфликте интересов.** Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**Информация о спонсорстве.** Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта РНФ №22-16-00128.

### Список литературы

1. Егоров, И. А., Манукян, В. А., Ленкова, Т. Н. (2013). *Методика проведения научных и производственных исследований по кормлению сельскохозяйственной птицы. Молекулярно-генетические методы определения микрофлоры кишечника*. Сергиев Посад: Весь Сергиев Посад. 51 с. ISBN: 978-5-91582-047-9 EDN: <https://elibrary.ru/SDOKYP>
2. Ёлдырым, Е. А., Грозина, А. А., Вертипрахов, В. Г., Ильина, Л. А., Филиппова, В. А., Лаптев, Г. Ю., Пономарева, Е. С., Дубровин, А. В., Калиткина, К. А., Молотков, В. В., Ахматчин, Д. А., Бражник, Е. А., Новикова, Н. И., Тюрина, Д. Г. (2022). Состав и метаболический потенциал микробиома кишечника бройлеров *Gallus Gallus L.* под влиянием кормовых добавок при экспериментальном Т-2 токсикозе. *Сельскохозяйственная биология*, 57(4), 743-761. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2022.4.743rus> EDN: <https://elibrary.ru/DRKMVH>
3. Лаптев, Г. Ю., Ёлдырым, Е. А., Тюрина, Д. Г., Ильина, Л. А., Филиппова, В. А., Калиткина, К. А., Дубровин, А. В., Новикова, Н. И., Меликиди, В. Х., Горфункель, Е. П., Пономарева, Е. С., Околелова, Т. М. (2022). Так ли безобиден глифосат? *Комбикорма*, 7-8, 69-70. EDN: <https://elibrary.ru/XJFXLL>
4. Binek, M., Cisek, A. A., Rzewuska, M., Chrobak-Chmiel, D., Stefanska, I., Kiz-erwetter-Swida, M. (2017). Chicken intestinal microbiome: Development and function. *Med. Weter.*, 73, 618-625. <https://doi.org/10.21521/mw.5790>
5. Bortoluzzi, C., Scapini, L. B., Ribeiro, M. V., Pivetta, M. R., Buzim, R., Fernandes, J. I. M. (2019). Effects of  $\beta$ -mannanase supplementation on the intestinal microbiota composition of broiler chickens challenged with a coccidiosis vaccine. *Livestock Science*, 228, 187-194.
6. Bortoluzzi, C., Tamburini, I., Geremia, J. (2023). Microbiome modulation, microbiome protein metabolism index, and growth performance of broilers supplemented with a precision biotic. *Poult Sci*, 102(5), 102595. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2023.102595> EDN: <https://elibrary.ru/TFMWKJ>

7. Chen, H. L., Zhao, X. Y., Zhao, G. X., Huang, H. B., Li, H. R., Shi, C. W., Yang, W. T., Jiang, Y. L., Wang, J. Z., Ye, L. P., Zhao, Q., Wang, C. F., Yang, G. L. (2020). Dissection of the cecal microbial community in chickens after *Eimeria tenella* infection. *Parasites and Vectors*, *13*, 1-15. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-3897-6> EDN: <https://elibrary.ru/KLVQIE>
8. Cheng, X., Zheng, H., Wang, C., Wang, X., Fei, C., Zhou, W., & Zhang, K. (2022). Effects of salinomycin and ethanamizuril on the three microbial communities in vivo and in vitro. *Front Microbiol*, *13*, 941259. <https://doi.org/10.3389/fmi-cb.2022.941259> EDN: <https://elibrary.ru/LYZGAW>
9. Chernevskaya, E., Beloborodova, N., Klimenko, N., Pautova, A., Shilkin, D., Gusarov, V., & Tyakht, A. (2020). Serum and fecal profiles of aromatic microbial metabolites reflect gut microbiota disruption in critically ill patients: a prospective observational pilot study. *Crit. Care*, *24*, 312. <https://doi.org/10.1186/s-13054-020-03031-0> EDN: <https://elibrary.ru/OVJQNC>
10. Chuang, W. Y., Lin, L. J., Shih, H. Der, Shy, Y. M., Chang, S. C., & Lee, T. T. (2021). Intestinal Microbiota, Anti-Inflammatory, and Anti-Oxidative Status of Broiler Chickens Fed Diets Containing Mushroom Waste Compost By-Products. *Animals*, *11*, 2550. <https://doi.org/10.3390/ani11092550> EDN: <https://elibrary.ru/JLMNFW>
11. Collins, S. L., & Patterson, A. D. (2020). The gut microbiome: an orchestrator of xenobiotic metabolism. *Acta Pharm Sin B*, *10*(1), 19-32. <https://doi.org/10.1016/j.apsb.2019.12.001> EDN: <https://elibrary.ru/NRUGNV>
12. Defarge, N., Spiroux de Vendômois, J., & Séralini, G. E. (2017). Toxicity of formulants and heavy metals in glyphosate-based herbicides and other pesticides. *Toxicol Rep*, *5*, 156-163. <https://doi.org/10.1016/j.toxrep.2017.12.025> EDN: <https://elibrary.ru/VFCTZO>
13. El, A. G., Mohsen, H., & Mohamed, S. S. (2012). Effect of Feeding a Combination of Zinc, Manganese and Copper Methionine Chelates of Early Lactation High Producing Dairy Cow. *Food and Nutrition Sciences*, 1084-1091. <https://doi.org/10.4236/FNS.2012.38144>
14. Fathi, M. A., Abdelghani, E., Shen, D., Ren, X., Dai, P., Li, Z., Tang, Q., Li, Y., & Li, C. (2019). Effect of in ovo glyphosate injection on embryonic development, serum biochemistry, antioxidant status and histopathological changes in newly hatched chicks. *J. Anim. Physiol. Anim. Nutr*, *103*, 1776-1784. <https://doi.org/10.1111/jpn.13181>
15. Fathi, M. A., Han, G., Kang, R., Shen, D., Shen, J., & Li, C. (2020). Disruption of cytochrome P450 enzymes in the liver and small intestine in chicken embryos in ovo exposed to glyphosate. *Environ. Sci*, *27*, 16865-16875. <https://doi.org/10.1007/s11356-020-08269-3> EDN: <https://elibrary.ru/CBTYZL>

16. Frick, P. G., Riedler, G., & Brögli, H. (1967). Dose response and minimal daily requirement for vitamin K in man. *J Appl Physiol*, 23, 387-389. <https://doi.org/10.1152/jappl.1967.23.3.387>
17. Grau, D., Grau, N., Gascuel, Q., Paroissin, C., Stratonovitch, C., Lairon, D., Devault, D. A., & Di Cristofaro, J. (2022). Quantifiable urine glyphosate levels detected in 99% of the French population, with higher values in men, in younger people, and in farmers. *Environ. Sci. Pollut. Res. Int*, 29, 32882-32893. <https://doi.org/10.1007/s11356-021-18110-0> EDN: <https://elibrary.ru/DJWFUD>
18. Gustafsson, B. E., Daft, F. S., McDaniel, E. G., Smith, J. C., & Fitzgerald, R. J. (1962). Effects of vitamin K-active compounds and intestinal microorganisms in vitamin K-deficient germfree rats. *The Journal of Nutrition*, 78, 461-468. <https://doi.org/10.1093/jn/78.4.461>
19. Hill, J. H., & Round, J. L. (2021). SnapShot: Microbiota effects on host physiology. *Cell*, 184, 2796-2796. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.04.026> EDN: <https://elibrary.ru/DMSPLA>
20. Hill, M. J. (1997). Intestinal flora and endogenous vitamin synthesis. *European Journal of Cancer Prevention*, 6, S43-S45. <https://doi.org/10.1097/00008469-199703001-00009>
21. Holmes, E., Li, J. V., Marchesi, J. R., & Nicholson, J. K. (2012). Gut microbiota composition and activity in relation to host metabolic phenotype and disease risk. *Cell Metab*, 16(5), 559-564. <https://doi.org/10.1016/j.cmet.2012.10.007>
22. Huang, S., Zhang, C., Xu, T., Shaukat, A., He, Y., Chen, P., Lin, L., Yue, K., Cao, Q., & Tong, X. (2022). Integrated Fecal Microbiome and Metabolomics Reveals a Novel Potential Biomarker for Predicting Tibial Dyschondroplasia in Chickens. *Front Physiol*, 13, 887207. <https://doi.org/10.3389/fphys.2022.887207> EDN: <https://elibrary.ru/HYQFGK>
23. Kimura, N., Mimura, F., Nishida, S., & Kobayashi, A. (1976). Studies on the relationship between intestinal flora and cecal coccidiosis in chicken. *Poult. Sci*, 55, 1375-1383. <https://doi.org/10.3382/ps.0551375>
24. Lakshminarayanan, B., Harris, H. M. B., Coakley, M., O'Sullivan, Ó., Stanton, C., Pruteanu, M., Shanahan, F., O'Toole, P. W., Ross, R. P., & On Behalf Of The Eldermet Consortium. (2013). Prevalence and characterization of Clostridium perfringens from the faecal microbiota of elderly Irish subjects. *Journal of medical microbiology*, 62(3), 457-466. <https://doi.org/10.1099/jmm.0.052258-0>
25. Lee, S., La, T. M., Lee, H. J., Choi, I. S., Song, C. S., Park, S. Y., Lee, J. B., & Lee, S. W. (2019). Characterization of microbial communities in the chicken oviduct and the origin of chicken embryo gut microbiota. *Sci. Rep*, 9, 6838. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-43280-w> EDN: <https://elibrary.ru/KVQXQB>

26. Lima, J. (2023). Estimating Microbial Protein Synthesis in the Rumen—Can ‘Omics’ Methods Provide New Insights into a Long-Standing Question? *Vet. Sci*, 10.
27. Lu, C., Yan, Y., Jian, F., & Ning, C. (2021). Coccidia-microbiota interactions and their effects on the host. *Front. Cell Infect. Microbiol*, 11, 751481. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.751481> EDN: <https://elibrary.ru/IPCEDA>
28. Maruvada, P., Leone, V., Kaplan, L. M., & Chang, E. B. (2017). The Human Microbiome and Obesity: Moving beyond Associations. *Cell Host Microbe*, 22, 589-599. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2017.10.005> EDN: <https://elibrary.ru/YKKOZQ>
29. McCormack, U. M., Curiao, T., Buzoianu, S. G., Prieto, M. L., Ryan, T., Varley, P., Crispie, F., Magowan, E., Metzler-Zebeli, B. U., Berry, D., O’Sullivan, O., Cotter, P. D., Gardiner, G. E., & Lawlor, P. G. (2017). Exploring a possible link between the intestinal microbiota and feed efficiency in pigs. *Appl. Environ. Microbiol*, 83, e00380-17. <https://doi.org/10.1128/AEM.00380-17>
30. McDonald, J. E., Marchesi, J. R., & Koskella, B. (2020). Application of ecological and evolutionary theory to microbiome community dynamics across systems. *Proc. Biol. Sci*, 287, 20202886. <https://doi.org/10.1098/rspb.2020.2886> EDN: <https://elibrary.ru/ECDLLF>
31. Miquel, S., Martin, R., Rossi, O., Bermudez-Humaran, L. G., Chatel, J. M., Sokol, H., Thomas, M., Wells, J. M., & Langella, P. (2013). Faecalibacterium prausnitzii and human intestinal health. *Curr. Opin. Microbiol*, 16, 255-261. <https://doi.org/10.1016/j.mib.2013.06.003>
32. Moon, C. D., Young, W., Maclean, P. H., Cookson, A. L., & Bermingham, E. N. (2018). Metagenomic insights into the roles of Proteobacteria in the gastrointestinal microbiomes of healthy dogs and cats. *Microbiologyopen*, 7(5), e00677. <https://doi.org/10.1002/mbo3.677> EDN: <https://elibrary.ru/CTMKJI>
33. Orrell, K. E., & Melnyk, R. A. (2021). Large Clostridial Toxins: Mechanisms and Roles in Disease. *Microbiol Mol Biol Rev*, 85(3), e0006421. <https://doi.org/10.1128/MMBR.00064-21> EDN: <https://elibrary.ru/IMHVYN>
34. Pereira, R., Bortoluzzi, C., Durrer, A., Fagundes, N. S., Pedroso, A. A., Rafael, J. M., de Lima Perim, J. E., Zavarize, K. C., Npty, G. S., & Andreote, F. D. (2019). Performance and intestinal microbiota of chickens receiving probiotic in the feed and submitted to antibiotic therapy. *J. Anim. Physiol. Anim. Nutr*, 103, 72-86. <https://doi.org/10.1111/jpn.13004>
35. Pires, P. G. D. S., Torres, P., Teixeira Soratto, T. A., Filho, V. B., Hauptli, L., Wagner, G., Haese, D., Pozzatti, C. D., & Moraes, P. O. (2022). Comparison of functional-oil blend and anticoccidial antibiotics effects on performance and

- microbiota of broiler chickens challenged by coccidiosis. *PLoS One*, 17(7), e0270350. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0270350> EDN: <https://elibrary.ru/LDTMUN>
36. Rajilic-Stojanovic, M., & De Vos, W. M. (2014). The first 1000 cultured species of the human gastrointestinal microbiota. *FEMS Microbiol Rev*, 38(5), 996-1047. <https://doi.org/10.1111/1574-6976.12075>
  37. Robinson, K., Becker, S., Xiao, Y., Lyu, W., Yang, Q., Zhu, H., Yang, H., Zhao, J., & Zhang, G. (2019). Differential Impact of Subtherapeutic Antibiotics and Ionophores on Intestinal Microbiota of Broilers. *Microorganisms*, 7(9), 282. <https://doi.org/10.3390/microorganisms7090282>
  38. Saxena, S., Saxena, V. K., Tomar, S., Sapkota, D., & Gonmei, G. (2016). Characterisation of caecum and crop microbiota of Indian indigenous chicken targeting multiple hypervariable regions within 16S rRNA gene. *Brit. Poult. Sci*, 57, 381-389. <https://doi.org/10.1080/00071668.2016.1161728>
  39. Schokker, D., de Klerk, B., Borg, R., Bossers, A., & Rebel, J. M. J. (2021). Factors Influencing the Succession of the Fecal Microbiome in Broilers. *Livest. Sci*, 247, 104486. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2021.104486> EDN: <https://elibrary.ru/PDMHXO>
  40. Schönbrunn, E., Eschenburg, S., Shuttleworth, W. A., Schloss, J. V., Amrhein, N., Evans, J. N. S., & Kabsch, W. (2001). Interaction of the herbicide glyphosate with its target enzyme 5-enolpyruvylshikimate 3-phosphate synthase in atomic detail. *Proc. Natl. Acad. Sci*, 98, 1376-1380. <https://doi.org/10.1073/pnas.98.4.1376> EDN: <https://elibrary.ru/LSWCXN>
  41. Schwartz, D. J., Langdon, A. E., & Dantas, G. (2020). Understanding the impact of antibiotic perturbation on the human microbiome. *Genome Med*, 12, 82. <https://doi.org/10.1186/s13073-020-00782-x> EDN: <https://elibrary.ru/AJGCKF>
  42. Shin, B., Park, C., & Park, W. (2020). Stress responses linked to antimicrobial resistance in Acinetobacter species. *Appl. Microbiol. Biotechnol*, 104, 1423-1435. <https://doi.org/10.1007/s00253-019-10317-z> EDN: <https://elibrary.ru/QTZXAD>
  43. Simpson, K. M., Callan, R. J., & Van Metre, D. C. (2018). Clostridial Abomasitis and Enteritis in Ruminants. *Vet Clin North Am Food Anim Pract*, 34(1), 155-184. <https://doi.org/10.1016/j.cvfa.2017.10.010>
  44. Szabó, R., Szemerédy, G., Kormos, É., Lehel, J., & Budai, P. (2018). Studies on joint toxic effects of a glyphosate herbicide (FOZÁT 480) and a heavy metal (cadmium) on chicken embryos. *AGR*, 2, 37-43.
  45. Waite, D. W., & Taylor, M. W. (2014). Characterizing the avian gut microbiota: Membership, driving influences, and potential function. *Front. Microbiol*, 5, 223. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00223>

46. Willson, N. L., Natrass, G. S., Hughes, R. J., Moore, R. J., Stanley, D., Hynd, P. I., & Forder, R. E. A. (2018). Correlations between intestinal innate immune genes and cecal microbiota highlight potential for probiotic development for immune modulation in poultry. *Appl. Microbiol. Biotechnol*, *102*, 9317-9329. <https://doi.org/10.1007/s00253-018-9281-1> EDN: <https://elibrary.ru/VJIVQO>
47. Xi, Y., Shuling, N., Kunyuan, T., Qiuyang, Z., Hewen, D., ChenCheng, G., Tianhe, Y., Liancheng, L., & Xin, F. (2019). Characteristics of the intestinal flora of specific pathogen free chickens with age. *Microb. Pathog*, *132*, 325-334. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2019.05.014> EDN: <https://elibrary.ru/FZDTAH>
48. Xu, S. Y., Aweya, J. J., Li, N., Deng, R. Y., Chen, W. Y., Tang, J., & Cheong, K. L. (2019). Microbial catabolism of porphyra haitanensis polysaccharides by human gut microbiota. *Food Chem*, *289*, 177-186. <https://doi.org/10.1016/j.food-chem.2019.03.050>
49. Yang, J., Li, Y., Wen, Z., Liu, W., Meng, L., & Huang, H. (2021). Oscillospira - a candidate for the next-generation probiotics. *Gut Microbes*, *13*(1), 1987783. <https://doi.org/10.1080/19490976.2021.1987783> EDN: <https://elibrary.ru/IDUYRW>
50. Yildirim, E. A., Laptev, G. Y., Tiurina, D. G., Gorfunkel, E. P., Ilina, L. A., Filipova, V. A., Dubrovin, A. V., Brazhnik, E. A., Novikova, N. I., Melikidi, V. K., Kalitkina, K. A., Ponomareva, E. S., Griffin, D. K., & Romanov, M. N. (2024). Investigating adverse effects of chronic dietary exposure to herbicide glyphosate on zootechnical characteristics and clinical, biochemical and immunological blood parameters in broiler chickens. *Vet Res Commun*, *48*(1), 153-164. <https://doi.org/10.1007/s11259-023-10195-x> EDN: <https://elibrary.ru/PUTFZG>
51. Zhang, J., Jin, W., Jiang, Y., Xie, F., & Mao, S. (2022). Response of milk performance, rumen and hindgut microbiome to dietary supplementation with *Aspergillus oryzae* fermentation extracts in dairy cows. *Curr. Microbiol*, *79*, 113.
52. Zhang, K., Wang, C., Li, Y., He, J., Wang, M., & Wang, X. (2020). Rat two-generation reproductive toxicity and teratogenicity studies of a novel coccidiostat - Ethanamizuril. *Regul. Toxicol. Pharmacol*, *113*, 104623. <https://doi.org/10.1016/j.yrtph.2020.104623> EDN: <https://elibrary.ru/BUZXEZ>
53. Zhang, Z., Tang, H., Chen, P., Xie, H., & Tao, Y. (2019). Demystifying the manipulation of host immunity, metabolism, and extraintestinal tumors by the gut microbiome. *Signal Transduct. Target. Ther*, *4*, 41. <https://doi.org/10.1038/s41392-019-0074-5> EDN: <https://elibrary.ru/FJSSIIY>
54. Zheng, D., Liwinski, T., & Elinav, E. (2020). Interaction between microbiota and immunity in health and disease. *Cell Res*, *30*, 492-506. <https://doi.org/10.1038/s41422-020-0332-7> EDN: <https://elibrary.ru/POIHUF>

55. Zhou, S., Wang, F., Wong, E. T., Fonkem, E., Hsieh, T. C., Wu, J. M., & Wu, E. (2013). Salinomycin: a novel anti-cancer agent with known anti-coccidial activities. *Current medicinal chemistry*, 20(33), 4095-4101. <https://doi.org/10.2174/15672050113109990199>

### References

1. Egorov, I. A., Manukyan, V. A., & Lankova, T. N. (2013). *Methodology for conducting scientific and production research on feeding poultry. Molecular genetic methods for determining intestinal microflora*. Sergiev Posad: Vsyo Sergiev Posad. 51 p. ISBN: 978-5-91582-047-9 EDN: <https://elibrary.ru/SDOKYP>
2. Yildyrym, E. A., Grozina, A. A., Vertiprakhov, V. G., Ilyina, L. A., Filippova, V. A., Laptev, G. Yu., Ponomareva, E. S., Dubrovin, A. V., Kalitkina, K. A., Molotkov, V. V., Akhmatchin, D. A., Brazhnik, E. A., Novikova, N. I., & Tyurina, D. G. (2022). Composition and metabolic potential of the gut microbiome of broilers *Gallus Gallus* L. under the influence of feed additives in experimental T-2 toxinoses. *Agricultural Biology*, 57(4), 743-761. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2022.4.743rus> EDN: <https://elibrary.ru/DRKMVH>
3. Laptev, G. Yu., Yildyrym, E. A., Tyurina, D. G., Ilyina, L. A., Filippova, V. A., Kalitkina, K. A., Dubrovin, A. V., Novikova, N. I., Melikidi, V. Kh., Gorfunkel, E. P., Ponomareva, E. S., & Okolelova, T. M. (2022). Is glyphosate really harmless? *Compound Feed*, 7-8, 69-70. EDN: <https://elibrary.ru/XJFXLL>
4. Binek, M., Cisek, A. A., Rzewuska, M., Chrobak-Chmiel, D., Stefanska, I., Kiz-erwetter-Swida, M. (2017). Chicken intestinal microbiome: Development and function. *Med. Weter*, 73, 618-625. <https://doi.org/10.21521/mw.5790>
5. Bortoluzzi, C., Scapini, L. B., Ribeiro, M. V., Pivetta, M. R., Buzim, R., Fernandes, J. I. M. (2019). Effects of  $\beta$ -mannanase supplementation on the intestinal microbiota composition of broiler chickens challenged with a coccidiosis vaccine. *Livestock Science*, 228, 187-194.
6. Bortoluzzi, C., Tamburini, I., Geremia, J. (2023). Microbiome modulation, microbiome protein metabolism index, and growth performance of broilers supplemented with a precision biotic. *Poult Sci*, 102(5), 102595. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2023.102595> EDN: <https://elibrary.ru/TFMWKJ>
7. Chen, H. L., Zhao, X. Y., Zhao, G. X., Huang, H. B., Li, H. R., Shi, C. W., Yang, W. T., Jiang, Y. L., Wang, J. Z., Ye, L. P., Zhao, Q., Wang, C. F., Yang, G. L. (2020). Dissection of the cecal microbial community in chickens after *Eimeria tenella* infection. *Parasites and Vectors*, 13, 1-15. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-3897-6> EDN: <https://elibrary.ru/KLVQIE>

8. Cheng, X., Zheng, H., Wang, C., Wang, X., Fei, C., Zhou, W., & Zhang, K. (2022). Effects of salinomycin and ethanamizuril on the three microbial communities in vivo and in vitro. *Front Microbiol*, *13*, 941259. <https://doi.org/10.3389/fmi-cb.2022.941259> EDN: <https://elibrary.ru/LYZGAW>
9. Chernevskaya, E., Beloborodova, N., Klimenko, N., Pautova, A., Shilkin, D., Gusarov, V., & Tyakht, A. (2020). Serum and fecal profiles of aromatic microbial metabolites reflect gut microbiota disruption in critically ill patients: a prospective observational pilot study. *Crit. Care*, *24*, 312. <https://doi.org/10.1186/s-13054-020-03031-0> EDN: <https://elibrary.ru/OVJQNC>
10. Chuang, W. Y., Lin, L. J., Shih, H. Der, Shy, Y. M., Chang, S. C., & Lee, T. T. (2021). Intestinal Microbiota, Anti-Inflammatory, and Anti-Oxidative Status of Broiler Chickens Fed Diets Containing Mushroom Waste Compost By-Products. *Animals*, *11*, 2550. <https://doi.org/10.3390/ani11092550> EDN: <https://elibrary.ru/JLMNFW>
11. Collins, S. L., & Patterson, A. D. (2020). The gut microbiome: an orchestrator of xenobiotic metabolism. *Acta Pharm Sin B*, *10*(1), 19-32. <https://doi.org/10.1016/j.apsb.2019.12.001> EDN: <https://elibrary.ru/NRUGNV>
12. Defarge, N., Spiroux de Vendômois, J., & Séralini, G. E. (2017). Toxicity of formulants and heavy metals in glyphosate-based herbicides and other pesticides. *Toxicol Rep*, *5*, 156-163. <https://doi.org/10.1016/j.toxrep.2017.12.025> EDN: <https://elibrary.ru/VFCTZO>
13. El, A. G., Mohsen, H., & Mohamed, S. S. (2012). Effect of Feeding a Combination of Zinc, Manganese and Copper Methionine Chelates of Early Lactation High Producing Dairy Cow. *Food and Nutrition Sciences*, 1084-1091. <https://doi.org/10.4236/FNS.2012.38144>
14. Fathi, M. A., Abdelghani, E., Shen, D., Ren, X., Dai, P., Li, Z., Tang, Q., Li, Y., & Li, C. (2019). Effect of in ovo glyphosate injection on embryonic development, serum biochemistry, antioxidant status and histopathological changes in newly hatched chicks. *J. Anim. Physiol. Anim. Nutr*, *103*, 1776-1784. <https://doi.org/10.1111/jpn.13181>
15. Fathi, M. A., Han, G., Kang, R., Shen, D., Shen, J., & Li, C. (2020). Disruption of cytochrome P450 enzymes in the liver and small intestine in chicken embryos in ovo exposed to glyphosate. *Environ. Sci*, *27*, 16865-16875. <https://doi.org/10.1007/s11356-020-08269-3> EDN: <https://elibrary.ru/CBTYZL>
16. Frick, P. G., Riedler, G., & Brögli, H. (1967). Dose response and minimal daily requirement for vitamin K in man. *J Appl Physiol*, *23*, 387-389. <https://doi.org/10.1152/jappl.1967.23.3.387>
17. Grau, D., Grau, N., Gascuel, Q., Paroissin, C., Stratonovitch, C., Lairon, D., Devault, D. A., & Di Cristofaro, J. (2022). Quantifiable urine glyphosate levels

- detected in 99% of the French population, with higher values in men, in younger people, and in farmers. *Environ. Sci. Pollut. Res. Int*, 29, 32882-32893. <https://doi.org/10.1007/s11356-021-18110-0> EDN: <https://elibrary.ru/DJWFUDU>
18. Gustafsson, B. E., Daft, F. S., McDaniel, E. G., Smith, J. C., & Fitzgerald, R. J. (1962). Effects of vitamin K-active compounds and intestinal microorganisms in vitamin K-deficient germfree rats. *The Journal of Nutrition*, 78, 461-468. <https://doi.org/10.1093/jn/78.4.461>
  19. Hill, J. H., & Round, J. L. (2021). SnapShot: Microbiota effects on host physiology. *Cell*, 184, 2796-2796. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.04.026> EDN: <https://elibrary.ru/DMSPLA>
  20. Hill, M. J. (1997). Intestinal flora and endogenous vitamin synthesis. *European Journal of Cancer Prevention*, 6, S43-S45. <https://doi.org/10.1097/00008469-199703001-00009>
  21. Holmes, E., Li, J. V., Marchesi, J. R., & Nicholson, J. K. (2012). Gut microbiota composition and activity in relation to host metabolic phenotype and disease risk. *Cell Metab*, 16(5), 559-564. <https://doi.org/10.1016/j.cmet.2012.10.007>
  22. Huang, S., Zhang, C., Xu, T., Shaukat, A., He, Y., Chen, P., Lin, L., Yue, K., Cao, Q., & Tong, X. (2022). Integrated Fecal Microbiome and Metabolomics Reveals a Novel Potential Biomarker for Predicting Tibial Dyschondroplasia in Chickens. *Front Physiol*, 13, 887207. <https://doi.org/10.3389/fphys.2022.887207> EDN: <https://elibrary.ru/HYQFGK>
  23. Kimura, N., Mimura, F., Nishida, S., & Kobayashi, A. (1976). Studies on the relationship between intestinal flora and cecal coccidiosis in chicken. *Poult. Sci*, 55, 1375-1383. <https://doi.org/10.3382/ps.0551375>
  24. Lakshminarayanan, B., Harris, H. M. B., Coakley, M., O'Sullivan, Ó., Stanton, C., Pruteanu, M., Shanahan, F., O'Toole, P. W., Ross, R. P., & On Behalf Of The Eldermet Consortium. (2013). Prevalence and characterization of *Clostridium perfringens* from the faecal microbiota of elderly Irish subjects. *Journal of medical microbiology*, 62(3), 457-466. <https://doi.org/10.1099/jmm.0.052258-0>
  25. Lee, S., La, T. M., Lee, H. J., Choi, I. S., Song, C. S., Park, S. Y., Lee, J. B., & Lee, S. W. (2019). Characterization of microbial communities in the chicken oviduct and the origin of chicken embryo gut microbiota. *Sci. Rep*, 9, 6838. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-43280-w> EDN: <https://elibrary.ru/KVQXQB>
  26. Lima, J. (2023). Estimating Microbial Protein Synthesis in the Rumen—Can ‘Omics’ Methods Provide New Insights into a Long-Standing Question? *Vet. Sci*, 10.
  27. Lu, C., Yan, Y., Jian, F., & Ning, C. (2021). Coccidia-microbiota interactions and their effects on the host. *Front. Cell Infect. Microbiol*, 11, 751481. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.751481> EDN: <https://elibrary.ru/IPCEDA>

28. Maruvada, P., Leone, V., Kaplan, L. M., & Chang, E. B. (2017). The Human Microbiome and Obesity: Moving beyond Associations. *Cell Host Microbe*, 22, 589-599. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2017.10.005> EDN: <https://elibrary.ru/YKKOZQ>
29. McCormack, U. M., Curiao, T., Buzoianu, S. G., Prieto, M. L., Ryan, T., Varley, P., Crispie, F., Magowan, E., Metzler-Zebeli, B. U., Berry, D., O'Sullivan, O., Cotter, P. D., Gardiner, G. E., & Lawlor, P. G. (2017). Exploring a possible link between the intestinal microbiota and feed efficiency in pigs. *Appl. Environ. Microbiol.*, 83, e00380-17. <https://doi.org/10.1128/AEM.00380-17>
30. McDonald, J. E., Marchesi, J. R., & Koskella, B. (2020). Application of ecological and evolutionary theory to microbiome community dynamics across systems. *Proc. Biol. Sci.*, 287, 20202886. <https://doi.org/10.1098/rspb.2020.2886> EDN: <https://elibrary.ru/ECDLLF>
31. Miquel, S., Martin, R., Rossi, O., Bermudez-Humaran, L. G., Chatel, J. M., Sokol, H., Thomas, M., Wells, J. M., & Langella, P. (2013). Faecalibacterium prausnitzii and human intestinal health. *Curr. Opin. Microbiol.*, 16, 255-261. <https://doi.org/10.1016/j.mib.2013.06.003>
32. Moon, C. D., Young, W., Maclean, P. H., Cookson, A. L., & Bermingham, E. N. (2018). Metagenomic insights into the roles of Proteobacteria in the gastrointestinal microbiomes of healthy dogs and cats. *Microbiologyopen*, 7(5), e00677. <https://doi.org/10.1002/mbo3.677> EDN: <https://elibrary.ru/CTMKJI>
33. Orrell, K. E., & Melnyk, R. A. (2021). Large Clostridial Toxins: Mechanisms and Roles in Disease. *Microbiol Mol Biol Rev*, 85(3), e0006421. <https://doi.org/10.1128/MMBR.00064-21> EDN: <https://elibrary.ru/IMHVYN>
34. Pereira, R., Bortoluzzi, C., Durrer, A., Fagundes, N. S., Pedroso, A. A., Rafael, J. M., de Lima Perim, J. E., Zavarize, K. C., Napy, G. S., & Andreote, F. D. (2019). Performance and intestinal microbiota of chickens receiving probiotic in the feed and submitted to antibiotic therapy. *J. Anim. Physiol. Anim. Nutr.*, 103, 72-86. <https://doi.org/10.1111/jpn.13004>
35. Pires, P. G. D. S., Torres, P., Teixeira Soratto, T. A., Filho, V. B., Hauptli, L., Wagner, G., Haese, D., Pozzatti, C. D., & Moraes, P. O. (2022). Comparison of functional-oil blend and anticoccidial antibiotics effects on performance and microbiota of broiler chickens challenged by coccidiosis. *PLoS One*, 17(7), e0270350. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0270350> EDN: <https://elibrary.ru/LDTMUN>
36. Rajilic-Stojanovic, M., & De Vos, W. M. (2014). The first 1000 cultured species of the human gastrointestinal microbiota. *FEMS Microbiol Rev*, 38(5), 996-1047. <https://doi.org/10.1111/1574-6976.12075>

37. Robinson, K., Becker, S., Xiao, Y., Lyu, W., Yang, Q., Zhu, H., Yang, H., Zhao, J., & Zhang, G. (2019). Differential Impact of Subtherapeutic Antibiotics and Ionophores on Intestinal Microbiota of Broilers. *Microorganisms*, 7(9), 282. <https://doi.org/10.3390/microorganisms7090282>
38. Saxena, S., Saxena, V. K., Tomar, S., Sapkota, D., & Gonmei, G. (2016). Characterisation of caecum and crop microbiota of Indian indigenous chicken targeting multiple hypervariable regions within 16S rRNA gene. *Brit. Poult. Sci*, 57, 381-389. <https://doi.org/10.1080/00071668.2016.1161728>
39. Schokker, D., de Klerk, B., Borg, R., Bossers, A., & Rebel, J. M. J. (2021). Factors Influencing the Succession of the Fecal Microbiome in Broilers. *Livest. Sci*, 247, 104486. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2021.104486> EDN: <https://elibrary.ru/PDMHXO>
40. Schönbrunn, E., Eschenburg, S., Shuttleworth, W. A., Schloss, J. V., Amrhein, N., Evans, J. N. S., & Kabsch, W. (2001). Interaction of the herbicide glyphosate with its target enzyme 5-enolpyruvylshikimate 3-phosphate synthase in atomic detail. *Proc. Natl. Acad. Sci*, 98, 1376-1380. <https://doi.org/10.1073/pnas.98.4.1376> EDN: <https://elibrary.ru/LSWCXN>
41. Schwartz, D. J., Langdon, A. E., & Dantas, G. (2020). Understanding the impact of antibiotic perturbation on the human microbiome. *Genome Med*, 12, 82. <https://doi.org/10.1186/s13073-020-00782-x> EDN: <https://elibrary.ru/AJGCKF>
42. Shin, B., Park, C., & Park, W. (2020). Stress responses linked to antimicrobial resistance in *Acinetobacter* species. *Appl. Microbiol. Biotechnol*, 104, 1423-1435. <https://doi.org/10.1007/s00253-019-10317-z> EDN: <https://elibrary.ru/QTZXAD>
43. Simpson, K. M., Callan, R. J., & Van Metre, D. C. (2018). Clostridial Abomasitis and Enteritis in Ruminants. *Vet Clin North Am Food Anim Pract*, 34(1), 155-184. <https://doi.org/10.1016/j.cvfa.2017.10.010>
44. Szabó, R., Szemerédy, G., Kormos, É., Lehel, J., & Budai, P. (2018). Studies on joint toxic effects of a glyphosate herbicide (FOZÁT 480) and a heavy metal (cadmium) on chicken embryos. *AGR*, 2, 37-43.
45. Waite, D. W., & Taylor, M. W. (2014). Characterizing the avian gut microbiota: Membership, driving influences, and potential function. *Front. Microbiol*, 5, 223. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00223>
46. Willson, N. L., Natrass, G. S., Hughes, R. J., Moore, R. J., Stanley, D., Hynd, P. I., & Forder, R. E. A. (2018). Correlations between intestinal innate immune genes and cecal microbiota highlight potential for probiotic development for immune modulation in poultry. *Appl. Microbiol. Biotechnol*, 102, 9317-9329. <https://doi.org/10.1007/s00253-018-9281-1> EDN: <https://elibrary.ru/VJIVQO>

47. Xi, Y., Shuling, N., Kunyuan, T., Qiuyang, Z., Hewen, D., ChenCheng, G., Tianhe, Y., Liancheng, L., & Xin, F. (2019). Characteristics of the intestinal flora of specific pathogen free chickens with age. *Microb. Pathog*, *132*, 325-334. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2019.05.014> EDN: <https://elibrary.ru/FZDTAH>
48. Xu, S. Y., Aweya, J. J., Li, N., Deng, R. Y., Chen, W. Y., Tang, J., & Cheong, K. L. (2019). Microbial catabolism of porphyra haitanensis polysaccharides by human gut microbiota. *Food Chem*, *289*, 177-186. <https://doi.org/10.1016/j.food-chem.2019.03.050>
49. Yang, J., Li, Y., Wen, Z., Liu, W., Meng, L., & Huang, H. (2021). Oscillospira - a candidate for the next-generation probiotics. *Gut Microbes*, *13*(1), 1987783. <https://doi.org/10.1080/19490976.2021.1987783> EDN: <https://elibrary.ru/IDUYRW>
50. Yildirim, E. A., Laptev, G. Y., Tiurina, D. G., Gorfunkel, E. P., Ilina, L. A., Filippova, V. A., Dubrovin, A. V., Brazhnik, E. A., Novikova, N. I., Melikidi, V. K., Kalitkina, K. A., Ponomareva, E. S., Griffin, D. K., & Romanov, M. N. (2024). Investigating adverse effects of chronic dietary exposure to herbicide glyphosate on zootechnical characteristics and clinical, biochemical and immunological blood parameters in broiler chickens. *Vet Res Commun*, *48*(1), 153-164. <https://doi.org/10.1007/s11259-023-10195-x> EDN: <https://elibrary.ru/PUTFZG>
51. Zhang, J., Jin, W., Jiang, Y., Xie, F., & Mao, S. (2022). Response of milk performance, rumen and hindgut microbiome to dietary supplementation with *Aspergillus oryzae* fermentation extracts in dairy cows. *Curr. Microbiol*, *79*, 113.
52. Zhang, K., Wang, C., Li, Y., He, J., Wang, M., & Wang, X. (2020). Rat two-generation reproductive toxicity and teratogenicity studies of a novel coccidiostat - Ethanamizuril. *Regul. Toxicol. Pharmacol*, *113*, 104623. <https://doi.org/10.1016/j.yrtph.2020.104623> EDN: <https://elibrary.ru/BUZXEZ>
53. Zhang, Z., Tang, H., Chen, P., Xie, H., & Tao, Y. (2019). Demystifying the manipulation of host immunity, metabolism, and extraintestinal tumors by the gut microbiome. *Signal Transduct. Target. Ther*, *4*, 41. <https://doi.org/10.1038/s41392-019-0074-5> EDN: <https://elibrary.ru/FJSSIIY>
54. Zheng, D., Liwinski, T., & Elinav, E. (2020). Interaction between microbiota and immunity in health and disease. *Cell Res*, *30*, 492-506. <https://doi.org/10.1038/s41422-020-0332-7> EDN: <https://elibrary.ru/POIHUF>
55. Zhou, S., Wang, F., Wong, E. T., Fonkem, E., Hsieh, T. C., Wu, J. M., & Wu, E. (2013). Salinomycin: a novel anti-cancer agent with known anti-coccidial activities. *Current medicinal chemistry*, *20*(33), 4095-4101. <https://doi.org/10.2174/15672050113109990199>

## **ВКЛАД АВТОРОВ**

Все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку статьи для публикации.

## **AUTHOR CONTRIBUTIONS**

The authors contributed equally to this article.

## **ДАнные ОБ АВТОРАХ**

**Тюрина Дарья Георгиевна**, кандидат экономических наук, главный биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории  
*Общество с ограниченной ответственностью «БИОТРОФ»*  
ул. Малиновская, 8 лит. А, пом. 7-Н, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург,  
196602, Российская Федерация  
[tiurina@biotrof.ru](mailto:tiurina@biotrof.ru)

**Йылдырым Елена Александровна**, доктор биологических наук, профессор кафедры крупного животноводства, главный биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории  
*Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Санкт-Петербургский государственный аграрный университет»*; *Общество с ограниченной ответственностью «БИОТРОФ»*  
Петербургское шоссе 2, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196601, Российская Федерация; ул. Малиновская, 8 лит. А, пом. 7-Н, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196602, Российская Федерация  
[deniz@biotrof.ru](mailto:deniz@biotrof.ru)

**Лаптев Георгий Юрьевич**, доктор биологических наук, директор  
*Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Санкт-Петербургский государственный аграрный университет»*; *Общество с ограниченной ответственностью «БИОТРОФ»*  
Петербургское шоссе 2, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196601, Российская Федерация; ул. Малиновская, 8 лит. А, пом. 7-Н, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196602, Российская Федерация  
ул. Малиновская, 8 лит. А, пом. 7-Н, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196602, Российская Федерация  
[georg-laptev@rambler.ru](mailto:georg-laptev@rambler.ru)

**Новикова Наталья Ивановна**, кандидат биологических наук, первый заместитель директора

*Общество с ограниченной ответственностью «БИОТРОФ»*

*ул. Малиновская, 8 лит. А, пом. 7-Н, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196602, Российская Федерация*

*novikova@biotrof.ru*

**Ильина Лариса Александровна**, доктор биологических наук, профессор кафедры крупного животноводства; начальник молекулярно-генетической лаборатории

*Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Санкт-Петербургский государственный аграрный университет»; Общество с ограниченной ответственностью «БИОТРОФ»*

*Петербургское шоссе 2, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196601, Российская Федерация; ул. Малиновская, 8 лит. А, пом. 7-Н, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196602, Российская Федерация*

*ilina@biotrof.ru*

**Филиппова Валентина Анатольевна**, старший преподаватель кафедры крупного животноводства, старший биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории

*Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Санкт-Петербургский государственный аграрный университет»; Общество с ограниченной ответственностью «БИОТРОФ»*

*Петербургское шоссе 2, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196601, Российская Федерация; ул. Малиновская, 8 лит. А, пом. 7-Н, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196602, Российская Федерация*

*filippova@biotrof.ru*

**Дубровин Андрей Валерьевич**, кандидат ветеринарных наук, биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории

*Общество с ограниченной ответственностью «БИОТРОФ»*

*ул. Малиновская, 8 лит. А, пом. 7-Н, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196602, Российская Федерация*

*dubrovin@biotrof.ru*

**Калиткина Ксения Андреевна**, ассистент кафедры крупного животноводства, биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории  
*Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Санкт-Петербургский государственный аграрный университет»; Общество с ограниченной ответственностью «БИОТРОФ»*

*Петербургское шоссе 2, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196601, Российская Федерация; ул. Малиновская, 8 лит. А, пом. 7-Н, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196602, Российская Федерация*  
*kalitkina.xeniya@gmail.com*

**Пономарева Екатерина Сергеевна**, биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории

*Общество с ограниченной ответственностью «БИОТРОФ»*  
*ул. Малиновская, 8 лит. А, пом. 7-Н, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196602, Российская Федерация*  
*kate@biotrof.ru*

**Ключникова Ирина Александровна**, магистр, биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории

*Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Санкт-Петербургский государственный аграрный университет»; Общество с ограниченной ответственностью «БИОТРОФ»*

*Петербургское шоссе 2, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196601, Российская Федерация; ул. Малиновская, 8 лит. А, пом. 7-Н, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196602, Российская Федерация*  
*klyuchnikova.irinaa@yandex.ru*

**Заинкин Василий Александрович**, биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории

*Общество с ограниченной ответственностью «БИОТРОФ»*  
*ул. Малиновская, 8 лит. А, пом. 7-Н, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, 196602, Российская Федерация*  
*dfcx@biotrof.ru*

**Горфункель Елена Павловна**, контролер по качеству

*Общество с ограниченной ответственностью «БИОТРОФ»*

*ул. Малиновская, 8 лит. А, пом. 7-Н, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург,  
196602, Российская Федерация  
elena@biotrof.ru*

#### **DATA ABOUT THE AUTHORS**

**Daria G. Tyurina**, Candidate of Economic Sciences, Deputy Director for Finance, Chief Biotechnologist of the Molecular Genetic Laboratory  
*BIOTROF Limited Liability Company  
8, Malinovskaya Str., St. Petersburg, Pushkin, 196602, Russian Federation  
tiurina@biotrof.ru  
SPIN-code: 9917-5118  
ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9001-2432>  
Scopus author ID: 57219196023*

**Elena A. Yildirim**, Doctor of Biological Sciences, Professor of the Department of Large Livestock, Chief Biotechnologist of the Molecular Genetic Laboratory  
*St. Petersburg State Agrarian University; BIOTROF Limited Liability Company  
building 2, Peterburgskoe highway, St. Petersburg, Pushkin, 196601, Russian Federation; 8, Malinovskaya Str., St. Petersburg, Pushkin, 196602, Russian Federation  
deniz@biotrof.ru  
SPIN-code: 4479-7509  
ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5846-5105>  
Researcher ID: C-3770-2014  
Scopus author ID: 57059948100*

**Georgiy Y. Laptev**, Doctor of Biological Sciences, Professor of the Department of Large Livestock, director  
*St. Petersburg State Agrarian University; BIOTROF Limited Liability Company  
building 2, Peterburgskoe highway, St. Petersburg, Pushkin, 196601, Russian Federation; 8, Malinovskaya Str., St. Petersburg, Pushkin, 196602, Russian Federation  
georg-laptev@rambler.ru  
SPIN-code: 3600-5295*

*ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8795-6659>*

*Researcher ID: A-9395-2019*

*Scopus author ID: 54414368800*

**Natalia I. Novikova**, Candidate of Biological Sciences, First Deputy Director  
*BIOTROF Limited Liability Company*  
8, Malinovskaya Str., St. Petersburg, Pushkin, 196602, Russian Federation  
*novikova@biotrof.ru*

**Larisa A. Ilyina**, Doctor of Biological Sciences, Professor of the Department  
of Large Livestock, Chief of the Molecular Genetics Laboratory  
*St. Petersburg State Agrarian University; BIOTROF Limited Liability*  
*Company*  
*building 2, Peterburgskoe highway, St. Petersburg, Pushkin, 196601,*  
*Russian Federation; 8, Malinovskaya Str., St. Petersburg, Pushkin,*  
*196602, Russian Federation*  
*ilina@biotrof.ru*  
*SPIN-code: 5826-7525*  
*ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2789-4844>*  
*Researcher ID: C-3772-2014*  
*Scopus author ID: 57060452100*

**Valentina A. Filippova**, Senior Lecturer at the Department of Large Livestock,  
Senior Biotechnologist at the Molecular Genetics Laboratory  
*St. Petersburg State Agrarian University; BIOTROF Limited Liability*  
*Company*  
*building 2, Peterburgskoe highway, St. Petersburg, Pushkin, 196601,*  
*Russian Federation; 8, Malinovskaya Str., St. Petersburg, Pushkin,*  
*196602, Russian Federation*  
*filippova@biotrof.ru*  
*SPIN-code: 4398-5340*  
*ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8789-9837>*  
*Researcher ID: AAE-2402-2022*  
*Scopus author ID: 57060101800*

**Andrey V. Dubrovin**, Candidate of Veterinary Sciences, Biotechnologist of the  
Molecular Genetic Laboratory

*BIOTROF Limited Liability Company*  
8, Malinovskaya Str., St. Petersburg, Pushkin, 196602, Russian Federation  
*dubrovin@biotrof.ru*

**Kseniya A. Kalitkina**, Assistant of the Department of Large Livestock, Biotechnologist of the Molecular Genetic Laboratory  
*St. Petersburg State Agrarian University; BIOTROF Limited Liability Company*  
*building 2, Peterburgskoe highway, St. Petersburg, Pushkin, 196601, Russian Federation; 8, Malinovskaya Str., St. Petersburg, Pushkin, 196602, Russian Federation*  
*kalitkina.xeniya@gmail.com*  
*SPIN-code: 7893-2670*  
*ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9541-6839>*  
*Researcher ID: ADD-4706-2022*  
*Scopus author ID: 57280455100*

**Ekaterina S. Ponomareva**, Biotechnologist of the Molecular Genetic Laboratory  
*BIOTROF Limited Liability Company*  
8, Malinovskaya Str., St. Petersburg, Pushkin, 196602, Russian Federation  
*kate@biotrof.ru*  
*SPIN-code: 4260-6755*  
*ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4336-8273>*  
*Researcher ID: AGB-6728-2022*  
*Scopus author ID: 57262828600*

**Irina A. Klyuchnikova**, master's student, Biotechnologist of the Molecular Genetic Laboratory  
*St. Petersburg State Agrarian University; BIOTROF Limited Liability Company*  
*building 2, Peterburgskoe highway, St. Petersburg, Pushkin, 196601, Russian Federation; 8, Malinovskaya Str., St. Petersburg, Pushkin, 196602, Russian Federation*  
*klyuchnikova.irinaa@yandex.ru*  
*SPIN-code: 8822-5738*  
*ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-6484-1235>*

**Vasiliy A. Zaikin**, Biotechnologist of the Molecular Genetic Laboratory  
*BIOTROF Limited Liability Company*  
8, Malinovskaya Str., St. Petersburg, Pushkin, 196602, Russian Federation  
*dfcx@biotrof.ru*  
ORCID: <https://orcid.org/0009-0006-8029-9955>

**Elena P. Gorfunkel**, Quality controller  
*BIOTROF Limited Liability Company*  
8, Malinovskaya Str., St. Petersburg, Pushkin, 196602, Russian Federation  
*elena@biotrof.ru*  
SPIN-code: 2958-6204  
ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6843-8733>

Поступила 05.08.2024

После рецензирования 03.09.2024

Принята 24.09.2024

Received 05.08.2024

Revised 03.09.2024

Accepted 24.09.2024