

DOI: 10.37925/0039-713X-2025-2-34-38

УДК 636.4.087.7

# Метагеномный анализ фекальной микробиоты молодняка свиней

при использовании пробиотических штаммов *Bacillus*



А.В. ФИЛАТОВ<sup>1,2</sup>, доктор вет. наук, профессор, А.В. ЯКИМОВ<sup>1</sup>, аспирант,

<sup>1</sup>ФГБОУ ВО «Вятский государственный агротехнологический университет»,

<sup>2</sup>Институт агrobiотехнологий имени А.В. Журавского Коми научного центра УрО РАН

Введение в организм молодняка свиней пробиотического средства «ЛикваФид» изменяет фекальную микробиоту, проявляя свое действие в повышении численности нормофлоры в просвете кишечника при динамическом равновесии условно-патогенных и патогенных микроорганизмов. Количественное увеличение родов *Prevotella spp.*, *Porphyromonas spp.*, *Eubacterium spp.*, *Lachnobacterium spp.*, *Clostridium spp.*, *Megasphaera spp.*, *Veillonella spp.* и *Dialister spp.* создает предпосылки для более полного энергетического обеспечения организма и, как следствие, может положительно отразиться на росте молодняка свиней в период дорастивания.

**Ключевые слова:** свиноводство, поросята на дорастивании, фекальная микробиота, полимеразная цепная реакция, «ЛикваФид».

## Metagenomic analysis of faecal microbiota of young pigs using probiotic strains *Bacillus*

A.V. FILATOV<sup>1,2</sup>, doctor of veterinary sciences, professor, A.V. YAKIMOV<sup>1</sup>, postgraduate student, <sup>1</sup>Vyatka State Agrotechnological University, <sup>2</sup>Zhuravsky Institute of Agrobiotechnologies of the Komi Scientific Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences

The introduction of probiotic LiquaFid into the body of young pigs changes the fecal microbiota, accompanied by an increase in the number of normoflora in the intestinal lumen with a dynamic balance of conditionally pathogenic and pathogenic microorganisms. The quantitative increase in the genera *Prevotella spp.*, *Porphyromonas spp.*, *Eubacterium spp.*, *Lachnobacterium spp.*, *Clostridium spp.*, *Megasphaera spp.*, *Veillonella spp.* and *Dialister spp.* creates prerequisites for a more complete energy supply to the body and, as a result, can positively affect the growth of young pigs during the rearing period.

**Key words:** pig farming, piglets in rearing, fecal microbiota, polymerase chain reaction, LiquaFid.

### ■ Введение

В течение последнего десятилетия особое внимание уделяется экологии микроорганизмов для понимания связей между микробиотой кишечника, продуктивностью, здоровьем и болезнями организма хозяина. В научных работах на основе изучения нуклеотидных последовательностей проанализированы профили микробиоты в различных отделах пищеварительной системы свиней [2, 9], выявлен структурный состав микроорганизмов содержимого кишечника во взаимосвязи

со среднесуточными приростами и живой массой [18, 21], эффективностью кормления [19], потреблением и конверсией корма [7].

Кишечник свиней колонизирован широким спектром микроорганизмов, которые могут оказывать как благотворное влияние на физиологию животных, так и отрицательное, вызывая в нем патологические процессы. Микробиоценоз желудочно-кишечного тракта у свиней представлен тремя наиболее распространенными типами – *Bacteroidetes*, *Firmicutes* и *Proteobacteria*. Состав

микробиоты вдоль кишечника свиней, особенно между тонкой и толстой кишкой, имеет существенное различие [9, 18, 20]. Толстая кишка в организме является своеобразным биореактором с практически неограниченными метаболическими функциями, определяемыми потенциалом именно толстокишечного биотопа [5, 12]

В научной литературе появляется все больше информации о целесообразности использования различных пробиотических средств в схеме профилактических мероприятий,

направленных на нормализацию микробного сообщества кишечника при подготовке молодняка к отъему и в период его выращивания [1, 4]. Несмотря на имеющийся опыт, возникает необходимость дальнейшего изучения и изучения пробиотических штаммов, чтобы придать им большую роль в составлении рационов, а также для установления их воздействия на локальный микробиоценоз.

**Цель работы** заключалась в выявлении на основе количественно-генетического метода изменений фекального микробного сообщества организма свиней на дорастивании при использовании комплекса «ЛикваФид», включающего пробиотические штаммы *Bacillus*.

## ■ Материалы и методы исследования

Исследования проведены на базе крупного свиноводческого комплекса и молекулярно-генетической лаборатории ООО «БИОТРОФ» (Санкт-Петербург). Объектом исследования служили здоровые поросята на дорастивании, от которых отбирали фекалии при постановке в техноло-

гическую группу, затем через четыре недели и далее перед переводом на откорм.

Взятие биологического материала проводили у животных двух групп – опытной (n=3) и контрольной (n=3). Различие между группами состояло в том, что молодняку свиней опытной группы с питьевой водой вводили пробиотический комплекс «ЛикваФид» в дозе 50 г на 1 т воды, а в контрольной группе данное средство не использовали. «ЛикваФид» включает в себя два пробиотических штамма бактерий *Bacillus spp.* производства компании ООО «БИОТРОФ». Продолжительность эксперимента составила 53 дня.

Образцы биологического материала отбирали у животных из прямой кишки с соблюдением правил асептики в количестве 2–4 г и размещали в стерильные пробирки типа Эппендорф. Для длительного хранения образцы фекалий содержали при температуре -20°C.

Детектирование конкретных микроорганизмов в содержимом прямой кишки молодняка свиней осуществлялось с помощью высокочувствительного метода количественной полимеразной цепной

реакции в реальном времени (qPCR). Анализ проводился с использованием амплификатора DTLite 4, произведенного ООО «НПО ДНК-Технология». Детекция амплифицированной ДНК выполнялась посредством флуоресцентных зондов, включенных в состав набора реагентов «Фемофлор», также разработанного ООО «НПО ДНК-Технология».

Статистическая обработка результатов исследований выполнена на персональном компьютере с помощью пакета прикладных программ Microsoft Excel. Достоверными считались различия при уровне вероятности  $P \leq 0,05$ .

## ■ Результаты исследования

Анализ динамики микробиоты свидетельствует о позитивном действии пробиотических штаммов на количественный и качественный состав микроорганизмов в содержимом прямой кишки. При применении пробиотика «ЛикваФид» отмечается повышение общей микробной массы в фекалиях поросят, а при его отсутствии у интактных животных – снижение данного показателя на протяжении периода дорастивания (табл.).

**Таблица. Динамика концентрации геномов фекального микробиома (ДНК геномов 1x10<sup>x</sup>/г; n=3)**

Микроорганизмы	Группа					
	опытная			контрольная		
Общее кол-во бактерий	5,84±4,98	6,27±5,85	6,82±6,57	7,93±7,76	6,68±5,95	6,87±6,46
Нормофлора						
<i>Prevotella spp.</i> , <i>Porphyromonas spp.</i>	4,76±3,63	5,58±5,11*	6,14±6,00	7,58±7,27	6,05±5,23	6,36±5,68
<i>Eubacterium spp.</i>	5,35±4,68	5,33±5,15	5,70±5,24	6,34±5,99	5,31±4,41	5,70±5,33
<i>Lachnobacterium spp.</i> , <i>Clostridium spp.</i>	6,04±5,84	5,89±5,35	6,55±6,13	7,47±7,31	6,45±5,77	6,60±6,22
<i>Lactobacillus spp.</i>	4,89±4,43	5,47±5,02	6,01±5,52*	6,44±6,40	5,67±4,52	5,27±5,04
<i>Megasphaera spp.</i> , <i>Veillonella spp.</i> , <i>Dialister spp.</i>	4,46± 3,84	4,28±3,89	5,15±4,74	5,82±5,22	4,81±3,92*	5,64±5,25
Нежелательная микрофлора						
<i>Peptostreptococcus spp.</i>	4,86±4,24	4,50±4,22	4,19±3,64*	6,35±6,30	5,16±4,47	5,45±5,06
Enterobacteriaceae	4,29±4,18	3,64±3,28	3,27±2,98	6,77±6,70	4,63±4,01	4,89±4,78
<i>Mobiluncus spp.</i> , <i>Corynebacterium spp.</i>	3,89±3,43	3,95±3,57	3,36±2,93	4,10±3,80	3,83±3,66	3,47±3,03
<i>Atopobium spp.</i>	2,96±2,63	1,73±0,52	3,11±2,99	1,30±1,06	3,05±2,51*	3,43±3,41
Патогены						
<i>Fusobacterium spp.</i> , <i>Sneathia spp.</i> , <i>Leptotrichia spp.</i>	2,92±2,92	3,56±3,33	3,60±3,35	5,32±5,32	3,33±3,02	2,64±2,63
<i>Streptococcus spp.</i>	3,83±2,72	3,55±2,87*	3,43±3,06*	5,20±4,73	5,57±4,77*	5,93±5,76
<i>Staphylococcus spp.</i>	2,52±2,52	2,82±2,82	3,10±2,85	3,42±3,07	3,57±3,28	3,07±2,78
<i>Mycoplasma spp.</i>	<п.д.о.	<п.д.о.	<п.д.о.	<п.д.о.	<п.д.о.	<п.д.о.
<i>Ureaplasma spp.</i>	<п.д.о.	<п.д.о.	<п.д.о.	<п.д.о.	<п.д.о.	<п.д.о.
<i>Candida spp.</i>	3,38±2,66	3,54±3,15	3,28±2,81	3,54±3,18	3,85±3,17	3,66±2,52

\* $P \leq 0,05$  по отношению к первоначальным значениям. Примечание: <п.д.о. – ниже предела достоверного обнаружения.

Так, в опытной группе общее количество бактерий в биологическом материале через четыре недели выращивания свиней увеличилось на  $10^{6,06}$ , а к завершающему периоду выращивания – на  $10^{6,67}$ . За весь период доращивания микробное разнообразие повысилось на  $10^{6,77}$ . В контрольной группе общая микробная масса в фекалиях через четыре недели выращивания снизилась на  $10^{7,91}$ , а за весь период – на  $10^{7,89}$  по отношению к первоначальным значениям. Более интенсивный бактериальный рост в содержимом кишечника необходимо рассматривать как процесс, связанный с нормализацией количественного и качественного биоценоза в нижних отделах желудочно-кишечного тракта свиней.

Основанием для данного утверждения является увеличение в опытной группе количественного состава бактерий, относящихся к нормофлоре, что свидетельствует о благоприятных условиях в просвете кишечника. В более ранних исследованиях было доказано повышение общего количества микроорганизмов в содержимом ободочной кишки поросят на доращивании после использования пробиотика «ЛикваФид» [5]. Добавление в рацион поросятам-отъемышам пробиотических штаммов *Vacillus* способствует росту разнообразия кишечных микробов и изменению относительной численности различных видов бактерий [10].

Бактероиды как представители нормальной микробиоты кишечника свиней проявляют активный количественный рост на фоне пробиотического комплекса. Их содержание в кале через четыре недели увеличилось на  $10^{5,50}$  ( $P < 0,05$ ), к концу доращивания – на  $10^{5,99}$ , а за весь период доращивания – на  $10^{6,11}$ . Представители данных родов в контрольной группе количественно снизились на  $10^{7,56}$ ,  $10^{6,05}$  и  $10^{7,55}$  соответственно.

Колонизируя толстую кишку, данные бактерии участвуют в разрушении белков и полисахаридов в клеточной стенке растений, образуя короткоцепочечные жирные кислоты, которые усваиваются в организме свиней [6, 16] и приводят к изменениям липидного обмена хозяина, увеличивая удержание жира и адипогенез [8, 14].

Количество бактерий рода *Eubacterium spp.* в первой половине доращивания снизилось как в опытной,

так и контрольной группе на  $10^{4,10}$  и  $10^{6,30}$  соответственно. По окончании выращивания свиней число зубактерий в опытной группе возросло на  $10^{5,43}$ , а в контрольной осталось меньше на  $10^{6,23}$  по отношению к первоначальным значениям.

Подобная динамика в фекальной микробиоте отмечается в отношении рода *Lachnobacterium spp.*, *Clostridium spp.* По истечении четырех недель выращивания молодняка в подопытных группах наблюдалось снижение представителей клостридий на  $10^{5,52}$  и  $10^{7,42}$  соответственно. По завершении периода доращивания количество бактерий данных родов в опытной группе увеличилось на  $10^{6,39}$ , а в интактной группе осталось меньше на  $10^{7,40}$  по отношению к началу исследования.

Клостридии тесно связаны с метаболизмом клетчатки в организме свиней. При ферментации углеводов в просвете кишечника с участием клостридий образуются бутират и ацетат, а также формиат или пропионат [11].

Введение пробиотического комплекса «ЛикваФид» через систему водопоя поросятам на доращивании способствовало увеличению численности рода *Lactobacillus spp.* в фекалиях на протяжении всего периода наблюдения. В тот же период у животных, не получавших пробиотические штаммы, регистрировали снижение в кале данных микроорганизмов.

Так, в опытной группе количество лактобактерий в биологическом материале через четыре недели увеличилось на  $10^{5,33}$ , а к окончанию доращивания – на  $10^{5,97}$  ( $P < 0,05$ ) по отношению к первоначальным значениям. В контрольной группе в этот же временной промежуток отмечалось снижение лактобактерий на  $10^{6,36}$  и  $10^{6,41}$  соответственно.

Численное увеличение лактобактерий в просвете кишечника при использовании пробиотических штаммов необходимо рассматривать как элемент, способствующий локальному и общему здоровью организма. По мнению Houdijk et al., эта группа микроорганизмов обычно считается полезной, поскольку их прикрепление к слизистой оболочке может защитить животных от кишечной инфекции [13].

Бактерии рода *Lactobacillus spp.* повышают уровень IgA в кишечнике, который, являясь основным имму-

ноглобулином в системе слизистых оболочек, необходим для защиты их поверхности от токсинов, вирусов и кишечных патогенов [23]. Данные микроорганизмы регулируют экспрессию цитокинов и усиливают барьерную функцию кишечника [22]. Выявлена положительная связь между увеличением численности популяции рода *Lactobacillus spp.* и интенсивностью прироста массы тела поросят и других животных [15, 22].

В фекальном микробиоме молодняка свиней просматривается волнообразная динамика изменения численности микроорганизмов рода *Megasphaera spp.*, *Veillonella spp.*, *Dialister spp.* В опытной и контрольной группе в первой половине доращивания отмечалось снижение количества этих бактерий на  $10^{4,01}$  и  $10^{5,78}$  ( $P < 0,05$ ) соответственно. По окончании периода наблюдения численность лактатутилизирующих бактерий в группах увеличилась на  $10^{5,08}$  и  $10^{5,57}$  в сравнении с предыдущим исследованием.

Данные бактерии предотвращают накопление лактата и ацетата в просвете кишечника, преобразуя его в бутират, и поддерживают слабощелочную среду в толстой кишке [17]. Продукты жизнедеятельности лактатутилизирующих бактерий обладают значительной антимикробной активностью в отношении патогенных форм микроорганизмов [5].

Полученные результаты свидетельствуют о том, что при приеме пробиотического комплекса «ЛикваФид» изменяется фекальная микробиота, которая сопровождается увеличением численности нормофлоры в просвете кишечника, а это создает предпосылки для более полного использования питательных веществ основного рациона, способствует образованию полезных метаболитов и антимикробных веществ и, как следствие, может положительно отразиться на росте молодняка свиней на стадии доращивания.

В период выращивания молодняка свиней наблюдается преимущественное снижение нежелательной микрофлоры в образцах кала у экспериментальных животных. Количество бактерий рода *Peptostreptococcus spp.* в опытной группе через четыре недели снизилось на  $10^{4,62}$  и к концу исследования – на  $10^{4,76}$  ( $P < 0,05$ ) по отношению к первоначальным значениям. В контрольной группе

уменьшение числа данных микроорганизмов произошло на  $10^{6.33}$  и  $10^{6.30}$  соответственно.

Представители этого рода относятся к постоянным обитателям толстой кишки у свиней, которые в ходе своей жизнедеятельности поддерживают водородный показатель содержимого кишечника в кислой среде. Сокращение численности пептострептококков необходимо рассматривать как положительную тенденцию, поскольку данные микроорганизмы при снижении резистентности организма в ассоциации с другой микробиотой могут выступить возбудителями смешанных инфекций.

Представителей семейства *Enterobacteriaceae* через четыре недели и к концу выращивания поросят в опытной группе было меньше на  $10^{4.17}$  и  $10^{4.24}$ , а в интактной группе – на  $10^{6.77}$  и  $10^{6.76}$  по отношению к данным первоначального исследования. К микроорганизмам этого семейства относятся кишечная палочка, сальмонеллы, шигеллы, которые могут проявлять свои патогенные свойства и выступать этиологическим фактором острых кишечных инфекций [3].

Численность актиномицетов, относящихся к роду *Mobiluncus spp.*, *Corynebacterium spp.*, в экспериментальных группах к окончанию периода доращивания свиней сократилась. Так, количество данных бактерий в фекалиях животных в опытной группе снизилось на  $10^{3.74}$ , а в контрольной группе – на  $10^{3.99}$  по сравнению с первоначальным

уровнем. Количество бактерий рода *Atopobium spp.* в опытной группе через четыре недели после начала наблюдения уменьшилось на  $10^{2.93}$ , однако по окончании доращивания повысилось на  $10^{2.56}$  по отношению к первоначальным значениям. В контрольной группе численность таких бактериальных клеток в эти же временные промежутки увеличилась на  $10^{3.04}$  ( $P < 0,05$ ) и  $10^{3.43}$ .

Среди патогенных микроорганизмов в фекальной микробиоте в исследуемых группах животных регистрировали снижение одних представителей и увеличение других. Анализ количественной динамики бактерий рода *Fusobacterium spp.*, *Sneathia spp.*, *Leptotrichia spp.*, *Staphylococcus spp.*, дрожжеподобных грибов *Candida* выявил, что рассматриваемая микрофлора находится в состоянии динамического равновесия и обеспечивает нормальную жизнедеятельность организма.

Вместе с тем в группе поросят, получавших пробиотический комплекс «ЛикваФид», наблюдали наиболее выраженное снижение представителей рода *Streptococcus spp.* В этой группе через четыре недели сокращение данных микроорганизмов произошло на  $10^{3.51}$  ( $P < 0,05$ ), а к концу исследования – на  $10^{3.61}$  ( $P < 0,05$ ) по отношению к первоначальным значениям. В интактной группе регистрировали обратную динамику: численность стрептококков в эти же временные промежутки увеличилась на  $10^{5.35}$  ( $P < 0,05$ ) и  $10^{5.85}$ .

Многие свиноводческие предприятия, включая и то хозяйство, в котором проходили исследования, являются неблагополучными по стрептококкозу среди молодняка свиней, следовательно, значимое снижение данных микроорганизмов в опытной группе может рассматриваться как элемент профилактики этой патологии в свиноводстве.

## ■ Заключение

Введение молодняку свиней в период доращивания пробиотического средства «ЛикваФид» приводит к изменению в фекальной микробиоте качественного и количественного состава нормальной микрофлоры, что способно нормализовать гомеостаз желудочно-кишечного тракта и всего организма в целом, а также повысить продуктивные качества животных.

Показательно, что метаболическая активность бактерий рода *Prevotella spp.*, *Porphyromonas spp.*, *Eubacterium spp.*, *Lachnobacterium spp.*, *Clostridium spp.*, *Megasphaera spp.*, *Veillonella spp.* и *Dialister spp.* обуславливает ферментацию полисахаридов (гликанов), продукцию основных короткоцепочечных жирных кислот (бутират, пропионат, ацетат) и важнейших интермедиатов микробного метаболизма (лактат, сукцинат, формиат), а совместно с родом *Lactobacillus spp.* они являются продуцентами некоторых биологически активных соединений (противовоспалительные, антимикробные, иммуностимулирующие).

## Литература

1. А.В. Притыченко. Кишечный микробиоценоз у поросят отъемного периода/А.В. Притыченко, А.Н. Притыченко, М.П. Бабина, И.М. Рябинкова. Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства, 2012. №15–2. С. 258–263. EDN YXYGEN.
2. Лаптев Г.Ю. Микробиом сельскохозяйственных животных: связь со здоровьем и продуктивностью/Г.Ю. Лаптев, Н.И. Новикова, Е.А. Йылдырым и др. СПб: Проспект Науки, 2020. 336 с. ISBN 978-5-906109-99-6.
3. Молотихина Н.Г. Медицинское значение энтеробактерий. <https://12sanepid.ru/press/publications/3780.html>.
4. Филатов А.В. Анализ изменений микробиома толстого отдела кишечника свиноматок и поросят/А.В. Филатов, Д.Н. Иванов, А.Ф. Сапожников. Аграрная наука, 2024. №11. С. 46–50. DOI: 10.32634/0869-8155-2024-388-11-46-50. EDN KHZXWN.
5. Филатов А.В. Микробиом кишечника поросят в период доращивания при использовании пробиотика «ЛикваФид»/А.В. Филатов, А.В. Якимов, А.И. Бахтеева. Свиноводство, 2023. №1. С. 56–59. DOI: 10.37925/0039-713X-2023-1-56-59. EDN ASMLEX.
6. Brüßow H., Parkinson S.J. You are what you eat. Nature Biotechnology, 2014. Vol. 32. №3. P. 243–245. <https://doi.org/10.1038/nbt.2845>.
7. Camarinha-Silva A. et al. Host genome influence on gut microbial composition and microbial prediction of complex traits in pigs. Genetics, 2017. Vol. 206. №3. P. 1637–1644. <https://doi.org/10.1534/genetics.117.200782>.
8. Canfora E.E., Jocken J.W., Blaak E.E. Short-chain fatty acids in control of body weight and insulin sensitivity. Nature Reviews Endocrinology, 2015. Vol. 11. №10. P. 577–591. <https://doi.org/10.1038/nrendo.2015.128>.
9. Crespo-Piazuelo D., Estellé J., Revilla M. et al. Characterization of bacterial microbiota compositions along the intestinal tract in pigs and their interactions and functions. Sci. Rep., 2018. 8:12727. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-30932-6>.
10. Ding H., Zhao X., Azad M.A.K., Ma C., Gao Q., He J. et al. Dietary supplementation with *Bacillus subtilis* and xylooligosaccharides improves growth performance and intestinal morphology and alters intestinal microbiota and metabolites in weaned piglets. Food & Funct., 2021. 12(58):49–5837.



11. Fukuda S., Toh H., Hase K., Oshima K., Nakanishi Y., Yoshimura K. et al. Bifidobacteria can protect from enteropathogenic infection through production of acetate. *Nature*, 2011. 469(7331):7–543.

12. Gill S.R., Pop M., Deboy R.T., Eckburg P.B., Turn-baugh P.J., Samuel B.S., Gordon J.I., Relman D.A., Fraser-Liggett C.M., Nelson K.E. Metagenomic analysis of the human distal gut microbiome. *Science*, 2006. 312(5778): 9–1355. <https://doi.org/10.1126/science.1124234>.

13. Houdijk J., Hartemink R., Verstegen M., Bosch M. Effects of dietary non-digestible oligosaccharides on microbial characteristics of ileal chyme and faeces in weaner pigs. *Arch. Anim. Nutr.*, 2002. 56(4):297–307.

14. Jørgensen H. et al. The energy value of short-chain fatty acids infused into the caecum of pigs. *British Journal of Nutrition*, 1997. Vol. 77. №5. P. 745–756. <https://doi.org/10.1079/BJN19970072>.

15. Lin J. Effect of antibiotic growth promoters on intestinal microbiota in food animals: A novel model for studying the relationship between gut microbiota and human

obesity? *Frontiers in Microbiology*, 2011. Vol. 2. P. 53. DOI: 10.3389/FMMICB.2011.00053.

16. Liu H., Ivarsson E., Dicksved J., Lundh T., Lindberg J.E. Inclusion of chicory (*Cichorium intybus* L.) in pigs' diets affects the intestinal microenvironment and the gut microbiota. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2012. 78(12):9–4102. <https://doi.org/10.1128/AEM.07702-11>.

17. Liu W., Zhu W.Y., Yao W., Mao S.Y. Isolation and identification of a lactate-utilizing, butyrate-producing bacterium and its primary metabolic characteristics. *Wei Sheng Wu Xue Bao*, 2007. 47(3):40–435. PMID: 17672301. [https://translated.turbopages.org/proxy\\_u/en-ru.ru.e58d76a1-677ae53-c6ed132f-74722d776562/https/pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17672301/](https://translated.turbopages.org/proxy_u/en-ru.ru.e58d76a1-677ae53-c6ed132f-74722d776562/https/pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17672301/).

18. Mach N. et al. Early-life establishment of the swine gut microbiome and impact on host phenotypes. *Environmental Microbiology Reports*, 2015. Vol. 7. №3. P. 554–569. <https://doi.org/10.1111/1758-2229.12285>.

19. McCormack U.M. et al. Exploring a possible link between the intestinal microbiota and feed efficiency in pigs. *Applied and Environmental Microbiology*, 2017. Vol. 83. №15. P. e00380-17. <https://doi.org/10.1128/AEM.00380-17>.

20. Niu Q., Li P., Hao S. et al. Dynamic distribution of the gut microbiota and the relationship with apparent crude fiber digestibility and growth stages in pigs. *Sci. Rep.*, 2015. 5:9938. <https://doi.org/10.1038/srep09938>.

21. Ramayo-Caldas Y. et al. Phylogenetic network analysis applied to pig gut microbiota identifies an ecosystem structure linked with growth traits. *The ISME Journal*, 2016. Vol. 10. №12. P. 2973–2977. <https://doi.org/10.1038/ismej.2016.77>.

22. Wu Z., Yang K., Zhang A., Chang W., Zheng A., Chen Z. et al. Effects of *Lactobacillus acidophilus* on the growth performance, immune response, and intestinal barrier function of broiler chickens challenged with *Escherichia coli* O157. *Poult. Sci.*, 2021. 100(9):101323.

23. Xin J., Zeng D., Wang H., Sun N., Zhao Y., Dan Y. et al. Probiotic *Lactobacillus johnsonii* BS15 promotes growth performance, intestinal immunity, and gut microbiota in piglets. *Probiotics and Antimicrob. Proteins*, 2020. 12(1):93–184.

## ИНСТРУМЕНТЫ И ОБОРУДОВАНИЕ MS SCHIPPERS



- Тележки
- Инвентарь для ферм
- Весы

- Катетеры, тьюбики для семени
- Лабораторное оборудование
- УЗИ-сканеры, шпигомеры



- Ультразвуковая диагностика

ООО «ТД НЕОФОРС»

[www.neofors.ru](http://www.neofors.ru)

603141, Россия, г. Нижний Новгород,  
ул. Геологов, д. 1, корп. ДДЗ  
Тел.: +7 (831) 214-04-30,  
+7 (905) 011-65-96  
E-mail: [neofors@mail.ru](mailto:neofors@mail.ru)



## ЛЕНТА НОВОСТЕЙ



### ФАС признала доминирующими ряд компаний на рынке свинины

ФАС проанализировала товарные рынки в границах федеральных округов и в шести округах выявила компании, суммарные доли которых на рынках свинины позволили признать их положение доминирующим, информирует агентство «Интерфакс».

Как сообщает служба, в Дальневосточном федеральном округе это «Русагро», «Мираторг», «Сибагро», в Северо-Кавказском – ООО «Гвардия», в Сибирском – «Сибагро», «Мираторг», ООО СПК «Чистогорский», в Уральском – «Сибагро», ООО «Камский Бекон», «Мираторг», в Центральном – «Русагро», «Мираторг», ООО «Знаменский СГЦ», в Южном – ООО «РКЗ-Тавр».

ФАС отмечает, что само по себе доминирующее положение не является нарушением антимонопольного законодательства. «Вместе с тем компании, являющиеся лидерами рынка, должны проявлять социальную ответственность при формировании своей ценовой политики с целью снижения рисков нарушения антимонопольного законодательства», – говорится в сообщении.

Служба напоминает, что злоупотребление доминирующим положением влечет применение мер административной ответственности, в том числе оборотных штрафов.