

УДК 636.5:559.28

Научный обзор

DOI: 10.32634/0869-8155-2024-381-4-54-58

В.В. Гречкина^{1, 2}
Е.В. Шейда^{1, 3}
О.В. Кван^{1, 3} ✉

¹ Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, Оренбург, Россия

² Оренбургский государственный аграрный университет, Оренбург, Россия

³ Оренбургский государственный университет, Оренбург, Россия

✉ kwan111@yandex.ru

Поступила в редакцию:
08.11.2023

Одобрена после рецензирования:
12.03.2024

Принята к публикации:
28.03.2024

Review

DOI: 10.32634/0869-8155-2024-381-4-54-58

Viktoriya V. Grechkina^{1, 2}
Elena V. Sheida^{1, 3}
Olga V. Kvan^{1, 3} ✉

¹ Federal Scientific Center of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, Orenburg, Russia

² Orenburg State Agrarian University, Orenburg, Russia

³ Orenburg State University, Orenburg, Russia

✉ kwan111@yandex.ru

Received by the editorial office:
08.11.2023

Accepted in revised:
12.03.2024

Accepted for publication:
28.03.2024

Механизм взаимодействия организма животного с микробиотой желудочно-кишечного тракта (обзор)

РЕЗЮМЕ

Кишечник животных представляет собой сложную экосистему, состоящую из микробиома, клеток-хозяев и питательных веществ. В кишечном тракте насчитываются около 100 трлн бактерий, которые формируют кишечную микробиоту. Они таксономически классифицируются по роду, семейству, порядку и типу. Микрофлора кишечника в основном состоит из шести типов: *Firmicutes*, *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria*, *Fusobacteria* и *Verrucomicrobia*. Бактериоидеты и фирмикуты занимают доминирующее положение в кишечном тракте животных, играют ключевую роль в системе всасывания питательных веществ и способствуют укреплению кишечного барьера.

Цель представленного обзора — анализ микробиомы желудочно-кишечного тракта животных и факторов, влияющих на их биоразнообразие. Состав экосистемы микробного сообщества динамичен и зависит от многих факторов, включая гены, лекарства и кормление. Изменения в рационе кормления могут вызывать временные сдвиги (в течение 24 часов) в большом количестве микроорганизмов. Отсюда следует, что кормление является жизненно важным регулятором кишечной микробиоты. Перспективы применения результатов исследования микробиот организма сельскохозяйственных животных очевидны, поскольку могут стать основой создания технологий, позволяющих корректировать нежелательные изменения микробиома животных, возникающие в качестве негативных последствий интенсификации высокопродуктивного сельскохозяйственного производства.

Ключевые слова: животные, микробиота, обмен веществ, кормление, рост, развитие, микрофлора кишечника

Для цитирования: Гречкина В.В., Шейда Е.В., Кван О.В. Механизм взаимодействия организма животного с микробиотой желудочно-кишечного тракта (обзор). *Аграрная наука*. 2024; 381(4): 54–58. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-381-4-54-58>

© Гречкина В.В., Шейда Е.В., Кван О.В.

The mechanism of interaction of the animal's body with the microbiota of the gastrointestinal tract (review)

ABSTRACT

The intestines of animals are a complex ecosystem consisting of a microbiome, host cells, and nutrients. There are about 100 trillion bacteria in the intestinal tract that form the intestinal microbiota. They are taxonomically classified by genus, family, order, and type. The intestinal microflora mainly consists of six types: *Firmicutes*, *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria*, *Fusobacteria* and *Verrucomicrobia*. Bacterioidetes and firmicutes occupy a dominant position in the intestinal tract of animals and play a key role in the nutrient absorption system and help strengthen the intestinal barrier. The composition of the microbial community ecosystem is dynamic, and its composition depends on many factors including genes, medications, and feeding.

The purpose of this review is to analyze the microbiome of the gastrointestinal tract of animals and factors affecting their biodiversity. The composition of the microbial community ecosystem is dynamic and depends on many factors, including genes, medications, and feeding. Changes in the feeding diet can cause time shifts (within 24 hours) in a large number of microorganisms. It follows that feeding is also a vital regulator of the intestinal microbiota. The prospects for applying the results of the study of the microbiota of the body of farm animals are obvious, since they can become the basis for creating technologies that allow correcting undesirable changes in the microbiome of animals that arise as negative consequences of the intensification of highly productive agricultural production.

Key words: animals, microbiota, metabolism, feeding, growth, development, intestinal microflora

For citation: Grechkina V.V., Sheida E.V., Kvan O.V. The mechanism of interaction of the animal's body with the microbiota of the gastrointestinal tract (review). *Agrarian science*. 2024; 381(4): 54–58 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-381-4-54-58>

© Grechkina V.V., Sheida E.V., Kvan O.V.

Введение/Introduction

Микробиота желудочно-кишечного тракта млекопитающих получила название «забытый орган», ее изучение стало основой развиваемой в последние годы теории о роли микробиоты в процессах эволюции. Каждый вид млекопитающих содержит кишечную микробиоту, изменчивость которой ассоциирована с процессами адаптации и диверсификации животных, способствуя возможностям изменения типа кормления, фенотипической пластичности, работе врожденного и адаптивного иммунитета. Микробиота служит важной мишенью действия факторов окружающей среды и селективным агентом, формирующим адаптивную эволюцию рациона млекопитающих, фенотипическую пластичность и морфологию кишечника [1].

Состав микробиоты меняется в зависимости от возраста и вида животного, это происходит из-за отклонений в рационе кормления и патологиях, приводящих к снижению функции иммунной системы [2]. Эти факторы могут оказывать потенциальное влияние на возникновение метаболических заболеваний, таких как хронический панкреатит, постхолецистэктомический синдром, дисахаридазная недостаточность, гепатит, цирроз печени и др. Тип, качество, компоненты и источник кормов, потребляемых животными, будут влиять на состав функции и взаимодействия в экосистеме микробиома [3].

Различные типы стрессов, как физических, так и химических, модулируют состав и общую биомассу кишечной микробиоты независимо от времени действия стресса. Эти эффекты могут быть опосредованы через параллельные нейроэндокринные выходные эфферентные системы (то есть вегетативную нервную систему и гормональную), передачу сигналов между хозяином и кишечной микробиотой и косвенно из-за изменения в кишечной среде [4]. Кроме того, мозг, отвечающий за психологический стресс, играет важную роль в модуляции таких функций кишечника, как подвижность, секреция кислоты, бикарбонатов и слизи, переваривание кишечной жидкости и иммунный ответ, что важно для поддержания слизистого слоя и биопленки, где отдельные группы бактерий растут во множестве различных микробитаний и метаболических ниш, связанных со слизистой оболочкой [5].

Основной продукт метаболизма бактерий — короткоцепочечные жирные кислоты, такие как масляная, пропионовая и уксусная, которые способны стимулировать симпатическую нервную систему, высвобождение серотонина и влиять на биологический процесс в организме [6]. В этом контексте интересно, что поведение животных взаимосвязано с кормлением и микробиотой. Мыши обычно используются в качестве биологической модели при изучении микрофлоры кишечника. Они помогают обеспечить оценку лабораторных экспериментов, направленных на изучение нарушений работы иммунной системы, с использованием современного оборудования. Более тщательное наблюдение за составом микробиоты необходимо для выявления и оценки потенциальных причинно-следственных связей и возможного механизма взаимодействия между микроорганизмами кишечника сельскохозяйственных животных [7].

Цель работы — провести анализ публикаций научных исследований по изучению путей взаимодействия хозяина с микробиотой желудочно-кишечного тракта животных и факторов, влияющих на биоразнообразие микробиоты.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Поиск и анализ литературы проводился с использованием интернет-ресурсов: РИНЦ — <https://www.elibrary.ru>, ScienceDirect — <https://www.sciencedirect.com>, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov>. Предпочтение было отдано источникам с 2017 по 2022 год.

Для обзора отбирались материалы, подготовленные отечественными и зарубежными учеными в области кормления животных, и использовались теоретические методы исследования (анализ, классификация и обобщение).

Результаты и обсуждение / Results and discussion

Все ткани и органы многоклеточного организма колонизированы сосуществующим с ним микробным сообществом, состав которого включает бактерии, вирусы, грибы, дрожжи, археи и простейших. Разнообразие микроорганизмов в пределах той или иной физиологической системы макроорганизма определяется как видовой состав микробного сообщества — микробиоты. Преобладающий по количеству вид микроорганизмов называют доминирующим, и каждый орган или система в макроорганизме имеет свой собственный характерный состав микробных ассоциаций [8].

Определения «микробиота» и «микробиом» часто взаимозаменяемы, между этими двумя терминами существует определенные различия. Микробиота описывает живые микроорганизмы, встречающиеся в определенной среде, такие как микробиота полости рта и кишечника. Микробиомом называется совокупность геномов всех микроорганизмов в окружающей среде, которая включает не только сообщество микроорганизмов, но и микробные структурные элементы, метаболиты и условия окружающей среды. В этом отношении микробиом охватывает более широкий спектр, чем микробиота [9].

Эти исследования ориентированы прежде всего в разрешении вопросов, связанных с нормализацией гомеостаза, поддержания обмена веществ на уровне, соответствующем здоровому организму, путем воздействия на микробный мир. В связи этим представляется важным решение задач по продлению продуктивного долголетия сельскохозяйственных животных путем воздействия в первую очередь на микробиоту пищеварительной системы.

Желудочно-кишечный тракт считается органом, в котором содержится самая большая популяция иммунных клеток и микробов, численность которых превышает численность всех клеток хозяина. Существует мнение, что здоровый кишечник приводит к появлению здоровых жвачных животных с оптимальной производительностью. Рубец является самой разнообразной и сложной микробной экосистемой у животных. Это микробное сообщество, состоящее из симбиотических бактерий, архей, простейших, грибов и фагов, обеспечивает эволюционное преимущество для жвачных животных, которое позволяет им использовать лигноцеллюлозные материалы и небелковый азот для производства высококачественных продуктов питания. Жвачные животные способны переваривать широкий спектр кормов, снижая конкуренцию за пищевые продукты, пригодные для человека. Однако микробиологическая ферментация в рубце имеет некоторые недостатки: протеолиз, осуществляемый простейшими и определенными видами бактерий, может привести к низкой эффективности азотирования, а избыток аммиака в рубце, который не

улавливается для синтеза собственного белка, поглощается и выводится в окружающую среду [10].

Важно отметить, исследования N.T Mueller *et al.* (2017 г.) [11] показали, что изменчивость микробиоты рубца у разных животных меняется с течением времени. Конкретные кормовые добавки были объектом экспериментальных испытаний микробиома рубца. К ним относятся пробиотические бактерии, органические кислоты. В основном их применяли с целью противления воздействию высококалорийных рационов, типичных для молочных коров, на pH, состав микробиоты рубца и здоровье животных.

Исследования, в которых применялась гипотеза Коха, доказывала, что микроорганизмы являются возбудителями многих заболеваний, и помогла в изучении возможной причинно-следственной связи между микрофлорой кишечника и ожирением [12]. Бактерии являются наиболее распространенными микроорганизмами и вносят основной вклад в переваривание растений в рубце, составляя около 95% микробиоты. Ферменты, которые кодируются и секретируются микроорганизмами, играют основную роль в деградации. Многочисленные гликозидгидролазы работают над разрушением сложной химической структуры биомассы растений, эти ферментативные функции фактически транслируются микробам, играющим определенную роль в экосистеме рубца. Липазы могут регулировать метаболизм жирных кислот в рубце, а контроль липолиза может играть жизненно важную роль в ограничении биогидрирования полиненасыщенных жирных кислот [13].

Ксиланаза и целлюлоза — наиболее популярные экзогенные фибролитические ферменты, используемые у жвачных животных для регуляции микробиоты рубца [14]. Экзогенные ферменты могут улучшать перевариваемость, указывая на то, что при определенных обстоятельствах (например, при более слабом развитии рубца) количество фибролитического фермента в рубце ограничено [15, 16].

B. Liu *et al.* (2018 г.) [17] установили, что для оценки микробиоты у жвачных животных первыми процедурами являются забор содержимого и извлечение метагеномной ДНК. Содержимое рубца может быть собрано с помощью руминальной канюли или методом желудочного зонда, в то время как образцы кала могут быть собраны ректальным захватом с использованием чистой перчатки. Анализ других сегментов, таких как двенадцатиперстная, тощая, подвздошная, слепая и толстая кишка, может быть собран у животных после умерщвления. Изучено, что состав и метаболизм кишечной микробиоты можно регулировать с помощью пребиотиков и клетчатки, так как они улучшают метаболические маркеры на экспериментальных моделях [18, 19].

Всем известна информация, что наиболее распространенным методом воздействия на микробиоту остается использование биотиков — пробиотиков, пребиотиков (и их комбинаций), метабиотиков, позволяющих пополнять желудочно-кишечный тракт (ЖКТ) полезными бактериями и их метаболитами, ежедневно получаемыми аналогичными видами животных в природных условиях. Опыт применения таких кормовых добавок и препаратов показывает, что наряду с улучшением продуктивных качеств сельскохозяйственных животных и птицы наблюдается увеличение периода их хозяйственного использования [20].

Обогащение организма пробиотиками в целом увеличивает продолжительность жизни животного. В контексте применения природоподобных веществ в целях

регуляции микробиоты ЖКТ находят свое применение фитобиотики, помимо антибактериальных свойств (к патогенным возбудителям), увеличивающие численность полезных бактерий, что в совокупности позволяет нормализовать обмен веществ с лучшей реализацией генетического потенциала животного [21].

Микробный дисбаланс может явиться пусковым механизмом в развитии аллергических реакций, воспалительных процессов органов и систем, гиповитаминозов, гипомикроэлементов, нарушений, связанных с обменными процессами организма, аутоиммунных заболеваний. По мнению известных ученых [22], нормальная микрофлора является мишенью негативного влияния разных по своей природе факторов. В зависимости от интенсивности и характера воздействия формируются микробиологические нарушения, степень выраженности и характер проявления которых могут быть различными. Многочисленные группы факторов (экзо- и эндогенной природы) способны изменить состав, видовое разнообразие аутомикрофлоры, способствовать появлению в определенном штамме микроорганизмов генов вирулентности и др.

Патогенез кишечной нормофлоры ведет к уменьшению всасывания питательных веществ, раздражению кишечных стенок, вызывающему усиленную перистальтику, диарею и снижение переваримости корма. На этом фоне у животных формируются дисбиотические состояния, снижается естественная резистентность и продуктивность.

Дисбиоз кишечника — состояние, характеризующееся нарушением качественного и количественного состава кишечной микрофлоры в результате влияния многочисленных неблагоприятных экзогенных и эндогенных факторов. В результате снижения колонизационной резистентности в отношении патогенной и условно-патогенной флоры создаются условия для нарушения кишечного слизистого барьера и проникновения бактерий за пределы кишечной стенки [23].

Состав микробиоты отражает их физиологические свойства, на которые влияют химические, пищевые и иммунологические градиенты вдоль кишечника. В тонком кишечнике, как правило, высокий уровень кислот, кислорода и противомикробных препаратов, а также короткое время прохождения. Проводимые микробиомные исследования [24] направлены на то, чтобы выявить недостающие детали в патофизиологических процессах и объяснить кажущиеся случайными вариации тяжести заболевания и фенотипических проявлений в связи, например, с такими факторами, как эколого-географические и кормовые. Благодаря достижениям в изучении микробных сообществ была получена важная информация, что бактериальный дисбиоз может приводить, в частности, к нарушениям в деятельности нервной системы.

Для защиты от повреждений и поддержания гомеостаза желудочно-кишечный тракт ограничивает воздействие иммунной системы хозяина на микробиоту путем создания многофакторного и динамичного кишечного барьера. Барьер включает в себя несколько интегрированных компонентов, включая физические (слои эпителия и слизи), биохимические (ферменты и антимикробные белки) и иммунологические (IgA и эпителиально-ассоциированные иммунные клетки) факторы. Продолжительность жизни отдельного микроба определяется тем, вносит ли он вклад в выполнение ряда важнейших функций, от которых зависит приспособленность организма-хозяина [25].

Обнаружено, что кишечные микробы могут быть адаптированы к определенному типу образа жизни из-за

относительно меньшего количества биохимических ниш, доступных в кишечнике, по сравнению с другими средами, богатыми микробами. В кишечнике энергия, как правило, может быть получена посредством таких процессов, как ферментация и сульфатредукция пищевых углеводов и углеводов хозяина. Таким образом, организмы, которые могут выживать в кишечнике, ограничены своими фенотипическими признаками [26].

В течение последних лет методы, основанные на высокопроизводительном секвенировании, такие как метабаркодирование ДНК, открыли ряд новых вопросов в исследованиях кормления животных. Этот метод основан на извлечении ДНК из остатков переваренного корма в образце рациона (то есть содержимого желудка, срыгиваний или фекалий), ее амплификации универсальными праймерами, а затем секвенировании отдельных молекул ДНК, идентифицированных путем сопоставления их с эталонной базой данных последовательностей. Основное преимущество заключается в возможности определения количественной взаимосвязи между пропорциями считанных последовательностей и биомассой, съеденным кормом. Однако надежность этой взаимосвязи в значительной степени зависит от исследуемой системы, что требует оценки для конкретного случая [27].

Метабаркодирование особенно выгодно применять для анализа сложных рационов в кормлении животных, состоящих из множества таксономически разнообразных таксонов, поскольку метод требует небольшого предварительного знания об изучаемой системе. С качественной точки зрения способность

метабаркодирования рациона обнаруживать даже сильно деградированную ДНК позволяет получить доступ к редким или неизвестным заболеваниям. В последующем данный метод поможет выявлять и корректировать нарушения у животных, связанные с микробиотой желудочно-кишечного тракта [28, 29].

Выводы/Conclusion

Микробиота служит фактором, объединяющим все физиологические системы организма. Микробные сообщества меняются на уровне системы или даже органа, это приводит к возникновению патологических процессов. Микрофлора легко восстанавливается при изменении состава рациона, увеличении двигательной активности, улучшении среды обитания, использовании пробиотиков, пребиотиков, метабитиков, ферментов. Значительные изменения в рационе кормления могут вызывать временные сдвиги в большом количестве микроорганизмов, поскольку кормление является основным источником энергии для животных и важнейшим методом поддержания здоровья и роста, состав рациона оказывает большое влияние на микробиоту желудочно-кишечного тракта. В настоящее время накопление данных о микробиомах животных сельскохозяйственных видов имеет как теоретическое, так и практическое значение. Это научное направление остается актуальным и перспективным, поскольку продуктивность и адаптивный потенциал ценных сельскохозяйственных видов и пород животных могут быть улучшены целенаправленным изменением качественного и количественного состава их микробных сообществ.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу. Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data. All authors made an equal contribution to the work. The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism. The authors declare no conflict of interest.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-16-00061.

FUNDING

The research was carried out at the expense of the grant of the Russian Science Foundation No. 23-16-00061.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Allin K.H. *et al.* Aberrant intestinal microbiota in individuals with prediabetes. *Diabetologia*. 2018; 61(4): 810–820. <https://doi.org/10.1007/s00125-018-4550-1>
- Azad M.A.K., Sarker M., Li T., Yin J. Impact of Nutritional and Environmental Factors on Inflammation, Oxidative Stress, and the Microbiome. *BioMed Research International*. 2018; 2018: 9478630. <https://doi.org/10.1155/2018/9478630>
- Dao M.C. *et al.* *Akkermansia muciniphila* and improved metabolic health during a dietary intervention in obesity: relationship with gut microbiome richness and ecology. *Gut*. 2016; 65(3): 426–436. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2014-308778>
- Grechkina V.V., Lebedev S.V., Miroshnikov I.S., Ryazanov V.A., Sheida E.V., Korolev V.L. Justification of rational and safe biotechnological methods of using fat additives from vegetable raw materials. *IOP: Earth and Environmental Science*. 2021; 624: 012160. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/624/1/012160>
- Gholizadeh P. *et al.* Microbial balance in the intestinal microbiota and its association with diabetes, obesity and allergic disease. *Microbial Pathogenesis*. 2019; 127: 48–55. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2018.11.031>
- Gowd V., Xie L., Zheng X., Chen W. Dietary fibers as emerging nutritional factors against diabetes: focus on the involvement of gut microbiota. *Critical Reviews in Biotechnology*. 2019; 39(4): 524–540. <https://doi.org/10.1080/07388551.2019.1576025>
- Holscher H.D., Caporaso J.G., Hooda S., Brulc J.M., Fahey G.C.Jr., Swanson K.S. Fiber supplementation influences phylogenetic structure and functional capacity of the human intestinal microbiome: follow-up of a randomized controlled trial. *The American Journal of Clinical Nutrition*. 2015; 101(1): 55–64. <https://doi.org/10.3945/ajcn.114.092064>
- Hosseindoust A. *et al.* A dose-response study to evaluate the effects of pH-stable β -mannanase derived from *Trichoderma citrinoviride* on growth performance, nutrient retention, and intestine morphology in broiler chickens. *Italian Journal of Animal Science*. 2019; 18(1): 147–154. <https://doi.org/10.1080/1828051X.2018.1500872>
- Heath R.D., Cockerell C., Mankoo R., Ibdah J.A., Tahan V. Fecal microbiota transplantation and its potential therapeutic uses in gastrointestinal disorders. *Northern Clinics of Istanbul*. 2018; 5(1): 79–88. <https://doi.org/10.14744/nci.2017.10692>

REFERENCES

- Allin K.H. *et al.* Aberrant intestinal microbiota in individuals with prediabetes. *Diabetologia*. 2018; 61(4): 810–820. <https://doi.org/10.1007/s00125-018-4550-1>
- Azad M.A.K., Sarker M., Li T., Yin J. Impact of Nutritional and Environmental Factors on Inflammation, Oxidative Stress, and the Microbiome. *BioMed Research International*. 2018; 2018: 9478630. <https://doi.org/10.1155/2018/9478630>
- Dao M.C. *et al.* *Akkermansia muciniphila* and improved metabolic health during a dietary intervention in obesity: relationship with gut microbiome richness and ecology. *Gut*. 2016; 65(3): 426–436. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2014-308778>
- Grechkina V.V., Lebedev S.V., Miroshnikov I.S., Ryazanov V.A., Sheida E.V., Korolev V.L. Justification of rational and safe biotechnological methods of using fat additives from vegetable raw materials. *IOP: Earth and Environmental Science*. 2021; 624: 012160. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/624/1/012160>
- Gholizadeh P. *et al.* Microbial balance in the intestinal microbiota and its association with diabetes, obesity and allergic disease. *Microbial Pathogenesis*. 2019; 127: 48–55. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2018.11.031>
- Gowd V., Xie L., Zheng X., Chen W. Dietary fibers as emerging nutritional factors against diabetes: focus on the involvement of gut microbiota. *Critical Reviews in Biotechnology*. 2019; 39(4): 524–540. <https://doi.org/10.1080/07388551.2019.1576025>
- Holscher H.D., Caporaso J.G., Hooda S., Brulc J.M., Fahey G.C.Jr., Swanson K.S. Fiber supplementation influences phylogenetic structure and functional capacity of the human intestinal microbiome: follow-up of a randomized controlled trial. *The American Journal of Clinical Nutrition*. 2015; 101(1): 55–64. <https://doi.org/10.3945/ajcn.114.092064>
- Hosseindoust A. *et al.* A dose-response study to evaluate the effects of pH-stable β -mannanase derived from *Trichoderma citrinoviride* on growth performance, nutrient retention, and intestine morphology in broiler chickens. *Italian Journal of Animal Science*. 2019; 18(1): 147–154. <https://doi.org/10.1080/1828051X.2018.1500872>
- Heath R.D., Cockerell C., Mankoo R., Ibdah J.A., Tahan V. Fecal microbiota transplantation and its potential therapeutic uses in gastrointestinal disorders. *Northern Clinics of Istanbul*. 2018; 5(1): 79–88. <https://doi.org/10.14744/nci.2017.10692>

10. Makki K., Deehan E.C., Walter J., Bäckhed F. The Impact of Dietary Fiber on Gut Microbiota in Host Health and Disease. *Cell Host & Microbe*. 2018; 23(6): 705–715. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2018.05.012>
11. de la Cuesta-Zuluaga J. *et al.* Metformin Is Associated With Higher Relative Abundance of Mucin-Degrading *Akkermansia muciniphila* and Several Short-Chain Fatty Acid-Producing Microbiota in the Gut. *Diabetes Care*. 2017; 40(1): 54–62. <https://doi.org/10.2337/dc16-1324>
12. Jha R., Fohse J.M., Tiwari U.P., Li L., Willing B.P. Dietary Fiber and Intestinal Health of Monogastric Animals. *Frontiers in Veterinary Science*. 2019; 6: 48. <https://doi.org/10.3389/fvets.2019.00048>
13. Kimiaetalab M.V., Mirzaie Goudarzi S., Jiménez-Moreno E., Cámara L., Mateos G.G. A comparative study on the effects of dietary sunflower hulls on growth performance and digestive tract traits of broilers and pullets fed a pullet diet from 0 to 21 days of age. *Animal Feed Science and Technology*. 2018; 236: 57–67. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2017.11.023>
14. Koçer B., Bozkurt M., Ege G., Tüzün A.E. Effects of sunflower meal supplementation in the diet on productive performance, egg quality and gastrointestinal tract traits of laying hens. *British Poultry Science*. 2021; 62(1): 101–109. <https://doi.org/10.1080/00071668.2020.1814202>
15. Lebedev S. *et al.* Use of chromium nanoparticles as a protector of digestive enzymes and biochemical parameters for various sources of fat in the diet of calves. *AIMS Agriculture and Food*. 2020; 6(1): 14–31. <https://doi.org/10.3934/agrfood.2021002>
16. Li Y., Yang H., Xu L., Wang Z., Zhao Y., Chen X. Effects of dietary fiber levels on cecal microbiota composition in geese. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 2018; 31(8): 1285–1290. <https://doi.org/10.5713/ajas.17.0915>
17. Liu B. *et al.* Response of Gut Microbiota to Dietary Fiber and Metabolic Interaction with SCFAs in Piglets. *Frontiers in Microbiology*. 2018; 9: 2344. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.02344>
18. Meijnikman A.S., Gerdes V.E., Nieuwdorp M., Herrema H. Evaluating Causality of Gut Microbiota in Obesity and Diabetes in Humans. *Endocrine Reviews*. 2018; 39(2): 133–153. <https://doi.org/10.1210/er.2017-00192>
19. Sadeghi A., Toghyani M., Tabeidian S.A., Foroozandeh A.D., Ghalamkari G. Efficacy of dietary supplemental insoluble fibrous materials in ameliorating adverse effects of coccidial challenge in broiler chickens. *Archives of Animal Nutrition*. 2020; 74(5): 362–379. <https://doi.org/10.1080/1745039X.2020.1764811>
20. Сизова Е.А., Мирошников С.А., Лебедев С.В., Левахин Ю.И., Бабичева И.А., Косилов В.И. Сравнительные испытания ультрадисперсного сплава, солей и органических форм Си и Zn как источников микроэлементов в кормлении цыплят-бройлеров. *Сельскохозяйственная биология*. 2018; 53(2): 393–403. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2018.2.393rus>
21. Sonnenburg J.L., Bäckhed F. Diet-microbiota interactions as moderators of human metabolism. *Nature*. 2016; 535(7610): 56–64. <https://doi.org/10.1038/nature18846>
22. Wilson Tang W.H., Kitai T., Hazen S.L. Gut Microbiota in Cardiovascular Health and Disease. *Circulation Research*. 2017; 120(7): 1183–1196. <https://doi.org/10.1161/CIRCRESAHA.117.309715>
23. Tsigos C., Chrousos G.P. Hypothalamic-pituitary-adrenal axis, neuroendocrine factors and stress. *Journal of Psychosomatic Research*. 2022; 53(4): 865–871. [https://doi.org/10.1016/S0022-3999\(02\)00429-4](https://doi.org/10.1016/S0022-3999(02)00429-4)
24. Vaiserman A.M., Koliada A.K., Marotta F. Gut microbiota: A player in aging and a target for anti-aging intervention. *Ageing Research Reviews*. 2017; 35: 36–45. <https://doi.org/10.1016/j.arr.2017.01.001>
25. Wu H. *et al.* Metformin alters the gut microbiome of individuals with treatment-naïve type 2 diabetes, contributing to the therapeutic effects of the drug. *Nature Medicine*. 2017; 23(7): 850–858. <https://doi.org/10.1038/nm.4345>
26. Zeevi D. *et al.* Personalized Nutrition by Prediction of Glycemic Responses. *Cell*. 2015; 163(5): 1079–1094. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2015.11.001>
27. Zeng M.Y., Inohara N., Nuñez G. Mechanisms of inflammation-driven bacterial dysbiosis in the gut. *Mucosal Immunology*. 2017; 10(1): 18–26. <https://doi.org/10.1038/mi.2016.75>
28. Zhang F. *et al.* Response of gut microbiota in type 2 diabetes to hypoglycemic agents. *Endocrine*. 2019; 66(3): 485–493. <https://doi.org/10.1007/s12020-019-02041-5>
29. Zhao L. *et al.* Gut bacteria selectively promoted by dietary fibers alleviate type 2 diabetes. *Science*. 2018; 359(6380): 1151–1156. <https://doi.org/10.1126/science.aao5774>
10. Makki K., Deehan E.C., Walter J., Bäckhed F. The Impact of Dietary Fiber on Gut Microbiota in Host Health and Disease. *Cell Host & Microbe*. 2018; 23(6): 705–715. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2018.05.012>
11. de la Cuesta-Zuluaga J. *et al.* Metformin Is Associated With Higher Relative Abundance of Mucin-Degrading *Akkermansia muciniphila* and Several Short-Chain Fatty Acid-Producing Microbiota in the Gut. *Diabetes Care*. 2017; 40(1): 54–62. <https://doi.org/10.2337/dc16-1324>
12. Jha R., Fohse J.M., Tiwari U.P., Li L., Willing B.P. Dietary Fiber and Intestinal Health of Monogastric Animals. *Frontiers in Veterinary Science*. 2019; 6: 48. <https://doi.org/10.3389/fvets.2019.00048>
13. Kimiaetalab M.V., Mirzaie Goudarzi S., Jiménez-Moreno E., Cámara L., Mateos G.G. A comparative study on the effects of dietary sunflower hulls on growth performance and digestive tract traits of broilers and pullets fed a pullet diet from 0 to 21 days of age. *Animal Feed Science and Technology*. 2018; 236: 57–67. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2017.11.023>
14. Koçer B., Bozkurt M., Ege G., Tüzün A.E. Effects of sunflower meal supplementation in the diet on productive performance, egg quality and gastrointestinal tract traits of laying hens. *British Poultry Science*. 2021; 62(1): 101–109. <https://doi.org/10.1080/00071668.2020.1814202>
15. Lebedev S. *et al.* Use of chromium nanoparticles as a protector of digestive enzymes and biochemical parameters for various sources of fat in the diet of calves. *AIMS Agriculture and Food*. 2020; 6(1): 14–31. <https://doi.org/10.3934/agrfood.2021002>
16. Li Y., Yang H., Xu L., Wang Z., Zhao Y., Chen X. Effects of dietary fiber levels on cecal microbiota composition in geese. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 2018; 31(8): 1285–1290. <https://doi.org/10.5713/ajas.17.0915>
17. Liu B. *et al.* Response of Gut Microbiota to Dietary Fiber and Metabolic Interaction with SCFAs in Piglets. *Frontiers in Microbiology*. 2018; 9: 2344. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.02344>
18. Meijnikman A.S., Gerdes V.E., Nieuwdorp M., Herrema H. Evaluating Causality of Gut Microbiota in Obesity and Diabetes in Humans. *Endocrine Reviews*. 2018; 39(2): 133–153. <https://doi.org/10.1210/er.2017-00192>
19. Sadeghi A., Toghyani M., Tabeidian S.A., Foroozandeh A.D., Ghalamkari G. Efficacy of dietary supplemental insoluble fibrous materials in ameliorating adverse effects of coccidial challenge in broiler chickens. *Archives of Animal Nutrition*. 2020; 74(5): 362–379. <https://doi.org/10.1080/1745039X.2020.1764811>
20. Сизова Е.А., Мирошников С.А., Лебедев С.В., Левахин Ю.И., Бабичева И.А., Косилов В.И. Сравнительные испытания ультрадисперсного сплава, солей и органических форм Си и Zn как источников микроэлементов в кормлении цыплят-бройлеров. *Сельскохозяйственная биология*. 2018; 53(2): 393–403. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2018.2.393rus>
21. Sonnenburg J.L., Bäckhed F. Diet-microbiota interactions as moderators of human metabolism. *Nature*. 2016; 535(7610): 56–64. <https://doi.org/10.1038/nature18846>
22. Wilson Tang W.H., Kitai T., Hazen S.L. Gut Microbiota in Cardiovascular Health and Disease. *Circulation Research*. 2017; 120(7): 1183–1196. <https://doi.org/10.1161/CIRCRESAHA.117.309715>
23. Tsigos C., Chrousos G.P. Hypothalamic-pituitary-adrenal axis, neuroendocrine factors and stress. *Journal of Psychosomatic Research*. 2022; 53(4): 865–871. [https://doi.org/10.1016/S0022-3999\(02\)00429-4](https://doi.org/10.1016/S0022-3999(02)00429-4)
24. Vaiserman A.M., Koliada A.K., Marotta F. Gut microbiota: A player in aging and a target for anti-aging intervention. *Ageing Research Reviews*. 2017; 35: 36–45. <https://doi.org/10.1016/j.arr.2017.01.001>
25. Wu H. *et al.* Metformin alters the gut microbiome of individuals with treatment-naïve type 2 diabetes, contributing to the therapeutic effects of the drug. *Nature Medicine*. 2017; 23(7): 850–858. <https://doi.org/10.1038/nm.4345>
26. Zeevi D. *et al.* Personalized Nutrition by Prediction of Glycemic Responses. *Cell*. 2015; 163(5): 1079–1094. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2015.11.001>
27. Zeng M.Y., Inohara N., Nuñez G. Mechanisms of inflammation-driven bacterial dysbiosis in the gut. *Mucosal Immunology*. 2017; 10(1): 18–26. <https://doi.org/10.1038/mi.2016.75>
28. Zhang F. *et al.* Response of gut microbiota in type 2 diabetes to hypoglycemic agents. *Endocrine*. 2019; 66(3): 485–493. <https://doi.org/10.1007/s12020-019-02041-5>
29. Zhao L. *et al.* Gut bacteria selectively promoted by dietary fibers alleviate type 2 diabetes. *Science*. 2018; 359(6380): 1151–1156. <https://doi.org/10.1126/science.aao5774>

ОБ АВТОРАХ

Виктория Владимировна Гречкина^{1, 2}

кандидат биологических наук
Viktoria1985too@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-1159-0531>

Елена Владимировна Шейда^{1, 3}

кандидат биологических наук
elena-shejjda@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-2586-613>

Ольга Вилориевна Кван^{1, 3}

кандидат биологических наук
kwan111@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0003-0561-7002>

¹ Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, ул. 9 Января, 29, Оренбург, 460000, Россия

² Оренбургский государственный аграрный университет, ул. Челюскинцев, 18, Оренбург, 460014, Россия

³ Оренбургский государственный университет, пр. Победы, 13, Оренбург, 460018, Россия

ABOUT THE AUTHORS

Viktoriya Vladimirovna Grechkina^{1, 2}

Candidate of Biological Sciences
Viktoria1985too@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-0561-7002>

Elena Vladimirovna Sheida^{1, 3}

Candidate of Biological Sciences
elena-snejjda@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-2586-613>

Olga Vilorievna Kvan^{1, 3}

Candidate of Biological Sciences
kwan111@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0003-0561-7002>

¹ Federal Scientific Center of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, 29 January 9th Str., Orenburg, 460000, Russia

² Orenburg State Agrarian University, 18 Chelyuskintsev Str., Orenburg, 460014, Russia

³ Orenburg State University, 13 Pobedy Ave., Orenburg, 460018, Russia