

А.Н. Сизенцов ✉
Е.П. Мирошникова
А.Е. Аринжанов
Ю.В. Киякова

Оренбургский государственный
университет, Оренбург, Россия

✉ Kwan111@yandex.ru

Поступила в редакцию:
19.12.2023

Одобрена после рецензирования:
12.07.2024

Принята к публикации:
28.07.2024

Research article

Alexey N. Sizentsov ✉
Elena P. Miroshnikova
Azamat E. Arinzhanov
Julia V. Kilyakova

Orenburg state university, Orenburg, Russia

✉ Kwan111@yandex.ru

Received by the editorial office:
19.12.2023

Accepted in revised:
12.07.2024

Accepted for publication:
28.07.2024

Экспериментальная оценка взаимосвязи индигенного состава микрофлоры кишечника и элементного статуса карпа обыкновенного (*Cyprinus caprio*) на фоне применения новой кормовой добавки

РЕЗЮМЕ

Актуальность. Аквакультура является интенсивно развивающейся отраслью во всем мире и представляет собой важный источник пищи для населения. Удовлетворение пищевых потребностей в микронутриентах является физиологически значимой частью питания рыб и, как следствие, обеспечивает их здоровье. В настоящее время применяются разные подходы для обеспечения устойчивости рыб к заболеваниям различной этиологии и повышения их продуктивности. Один из перспективных методических подходов — изучение микробиома рыб в качестве устойчивой альтернативы для улучшения методов аквакультуры.

Цель исследования — изучить степень взаимосвязи между составом микрофлоры кишечника и уровнем эссенциальных элементов в теле карпа (*Cyprinus caprio*) на фоне применения кормовых добавок «Бубитан» и «Интебио».

Методы. Объектом исследований являлись годовики карпа ($n = 60$), выращенные в условиях ООО «Ирикля-рыба» (Оренбургская обл.). В качестве регулирующих рост и развитие факторов использовали кормовые добавки «Интебио» и «Бутитан». Динамические показатели изменения видового состава микробиома кишечника и элементного статуса проводили с использованием методов метагеномного секвенирования, атомно-эмиссионной (АЭС-ИСП) и масс-спектрометрии (МС-ИСП).

Результаты. Полученные данные свидетельствуют о значительном влиянии тестируемых добавок на показатели индигенной микрофлоры. Наиболее близкие по отношению к контролю показатели распределения таксономических групп микробиоценоза кишечника зарегистрированы на фоне применения кормовой добавки «Бутитан». Корреляционный анализ данных позволяет с высоким уровнем достоверности констатировать, что значительное увеличение численности микроорганизмов рода *Hydrotalea* и *Flavobacterium* оказывает положительное влияние на степень усвоения из корма макро- и микроэлементов.

Ключевые слова: *Cyprinus caprio*, кормление рыб, фитобиотики, метагеномный анализ, индигенный состав микрофлоры кишечника, элементный статус

Для цитирования: Сизенцов А.Н., Мирошникова Е.П., Аринжанов А.Е., Киякова Ю.В. Экспериментальная оценка взаимосвязи индигенного состава микрофлоры кишечника и элементного статуса карпа обыкновенного (*Cyprinus caprio*) на фоне применения новой кормовой добавки. *Аграрная наука*. 2024; 385(8): 88–95.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-385-8-88-95>

© Сизенцов А.Н., Мирошникова Е.П., Аринжанов А.Е., Киякова Ю.В.

Experimental assessment of the relationship between the indigenous composition of the intestinal microflora and the elemental status of the common carp (*Cyprinus caprio*) against the background of the use of new feed additive

ABSTRACT

Relevance. Aquaculture is an intensively developing industry worldwide and is an important source of food for the population. Satisfaction of nutritional needs in micronutrients is a physiologically significant part of fish nutrition and, as a result, ensures their health. Currently, various approaches are being used to ensure the resistance of fish to diseases of various etiologies and to increase their productivity. One of the promising methodological approaches is the study of the fish microbiome as a sustainable alternative to improve aquaculture methods.

The aim of the study was to study the degree of relationship between the composition of the intestinal microflora and the level of essential elements in the body of carp (*Cyprinus caprio*) against the background of the use of feed additives “Bubitan” and “Intebio”.

Methods. The object of research was carp yearlings ($n = 60$) grown in the conditions of LLC “Irikla-fish” (Orenburg region). Feed additives “Intebio” and “Butitan” were used as growth and development regulating factors. Dynamic indicators of changes in the species composition of the intestinal microbiome and elemental status were carried out using metagenomic sequencing, atomic emission (NPP-ISP) and mass spectrometry (MS-ISP) methods.

Results. The data obtained indicate a significant effect of the tested phytobiotics on the indices of indigenous microflora. The closest indicators of the distribution of taxonomic groups of intestinal microbiocenosis in relation to the control were registered against the background of the use of the phytobiotic “Butitan”. Correlation analysis of the data allows us to state with a high level of reliability that a significant increase in the number of microorganisms of the genus *Hydrotalea* and *Flavobacterium* has a positive effect on the degree of assimilation of macro- and microelements from the feed.

Key words: *Cyprinus caprio*, fish feeding, phytobiotics, metagenomic analysis, indigenous composition of intestinal microflora, elemental status

For citation: Sizentsov A.N., Miroshnikova E.P., Arinzhanov A.E., Kilyakova Yu.V. Experimental evaluation of the relationship between the endogenous composition of the intestinal microflora and the elemental status of common carp (*Cyprinus caprio*) against the background of the use of new feed additive. *Agrarian science*. 2024; 385(8): 88–95 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-385-8-88-95>

© Sizentsov A.N., Miroshnikova E.P., Arinzhanov A.E., Kilyakova Yu.V.

Введение/Introduction

Аквакультура — интенсивно развивающаяся отрасль во всем мире и представляет собой важный источник пищи для населения. Удовлетворение пищевых потребностей в микронутриентах является физиологически значимой частью питания рыб и, как следствие, обеспечивает их здоровье.

В настоящее время применяются разные подходы для обеспечения устойчивости рыб к заболеваниям различной этиологии и повышения их продуктивности. Один из перспективных методических подходов — изучение микробиома рыб в качестве устойчивой альтернативы для улучшения методов аквакультуры [1].

Микробиом в организме рыб выполняет разнообразные физиологически значимые функции, изучение последнего и практический опыт его корректировки позволяют не только улучшить здоровье, продуктивность, но и повысить пищевые характеристики конечной продукции [2].

Согласно литературным данным, к автохтонной микрофлоре кишечника пресноводных рыб можно отнести представителей филогенетических групп *Proteobacteria*, *Fusobacteria*, *Firmicutes* и *Bacteroidetes*, присутствие которых способствует активному разложению растительных полимеров, ферментации органических соединений, что в конечном итоге обеспечивает организм хозяина питательными веществами и энергией [3, 4].

Несмотря на то что ряд микроорганизмов обладают фактором патогенности для одних видов рыб, для других они могут выступать в качестве пробиотического компонента. Так, например, некоторые представители рода *Aeromonas* обладают выраженными целлюлозо-разлагающими характеристиками, *Cetobacterium* участвуют в продукции цианкобллина и в изобилии присутствуют в кишечном тракте *Cyprinus caprio* [5].

Так, бактерии рода *Vibrio* выступают в качестве доминирующей факультативной микробиоты кишечника различных морских рыб. Способность специфических бактерий занимать места прикрепления в личиночном кишечнике, препятствуя размножению и колонизации условно-патогенными бактериями, является важным защитным механизмом, особенно на ранних личиночных стадиях, когда иммунная система еще не полностью сформировалась.

В ходе проведенных исследований [6] установлено, что присутствие бактерий рода *Vibrio* значительно увеличивает содержание отдельных первичных метаболитов, таких как тимин, аденин, гуанин, кафестол, кортизол, валин, пролин, серин, лизин, лейцин, аденин, глутамин, пролин, пиперидин, гуанозин и пропионовая кислота. Появление в структурном микробиоме симбиотических бактерий рода *Bradyrhizobium* и *Mesorhizobium*, как правило, обусловлено всеядностью рыб, так как данные родовые группы связаны с корнями растений, выступающих в качестве корма [7].

В литературе представлены данные о том, что представители *Actinobacteria* производят различные вторичные метаболиты, многие из которых — сильнодействующие антибиотики [8].

Филогенетические группы *Firmicutes* и *Bacteroidetes* являются основными агентами, обеспечивающими бактериальную деградацию целлюлозы в энтрофных местообитаниях с нейтральным pH, тогда как *Actinobacteria* доминируют в аэробной деградации целлюлозы в сфагновых торфяниках в кислых условиях (pH) от 3,5 до 5,5.

Fibrobacter spp. являются основными целлюлозо-разрушающими бактериями в рубце, в то время как аналогичная функция установлена у представителей *Bacillus*, *Vibrio*, *Aeromonas* и *Enterobacter* в кишечнике белого амура [9]. Установлено, что целлюлозо-разлагающей активностью обладают *Anoxybacillus*, *Leuconostoc*, *Clostridium*, *Actinomyces*, *Streptococcus* и *Prevotella* [10].

Согласно литературным данным, присутствие в структуре кишечного микробиома микроорганизмов рода *Nitrobacter*, *Rhodobacter* и *Roseomonas* обеспечивает активное разложение нитратов и пестицидов. Представители рода *Paludibacter* обладают ферментативным метаболизмом и способны расщеплять олигофруктозу (рафтилозу P95), тип *Planctomycetes* участвует в деградации полисахаридов. *Cyanobacteria* являются важным источником пищи для некоторых видов рыб, у хищных рыб участвуют в переваривании белков. *Chitinophagales* участвуют в разложении хитина и ряда органических веществ. *Lactobacillus* активно участвуют в расщеплении полиненасыщенных жирных кислот, способствуют метаболизму глюкозы и липидов у рыб-хозяев [11, 12].

Цель работы — оценить степень влияния двух новых кормовых добавок на видовое разнообразие резидентной микрофлоры кишечника карпа обыкновенного с использованием метода метагеномного секвенирования.

Материалы и методы исследований / Materials and methods

Исследования были проведены в условиях аквариумного стенда кафедры биотехнологии животного сырья и аквакультуры Оренбургского государственного университета в 2022 году.

Объекты исследований — годовики карпа, выращенные в условиях ООО «Ирикла-рыба» (Оренбургская обл., Россия).

Для проведения исследований методом пар-аналогов были сформированы 3 группы (n = 20). После подготовительного периода (7 суток) животные были переведены на условия учетного периода (56 суток).

Контрольная группа получала основной рацион (ОР), I опытная группа — ОР + кормовую добавку «Интебио» (2 г/кг), II группа — ОР + кормовую добавку «Бутитан» (2 г/кг).

В качестве основного рациона был использован корм КРК-110-1 производства ОАО «Оренбургский комбикормовый завод» (Россия).

Кормовая добавка «Интебио» является натуральным заменителем кормовых антибиотиков. Основу препарата составляют эфирные масла чеснока, лимона, чабреца и эвкалипта. Данный препарат разработан в компании ООО «Биотроф» (Россия) для широкого применения (как в птицеводстве, так и в животноводстве) и обладает антимикробной, антиоксидантной и противовоспалительной активностью.

Кормовая добавка «Бутитан» (Tanin Sevnica d. d. Словения) — препарат, эффективность биологического действия которого, согласно инструкции, достигается вследствие синергетического эффекта бутирата кальция и экстракта сладкого каштана, составляющих основу препарата.

Содержание и убой экспериментальных рыб проводили в соответствии с инструкциями Russian Regulations, 1987 (Order No.755 on 12.08.1977 the USSR Ministry

of Health)¹ и The Guide for Care and Use of Laboratory Animals (National Academy Press Washington, D. C., 1966). При выполнении исследований были приняты усилия, чтобы свести к минимуму страдания животных и уменьшить количество используемых образцов.

Для оценки степени влияния изучаемых кормовых добавок на микробиом кишечника использовали метод метагеномного секвенирования. Исследовали образцы содержимого кишечника, полученные в ходе убоя исследуемой рыбы. ДНК выделялась и очищалась по модифицированной методике².

Для построения спектров оптической плотности и оценки чистоты препарата ДНК (по OD260/OD280) использовали спектрофотометр NanoDrop (Thermo Scientific, США), для измерения концентрации (нг/мкл) — флуориметр Qubit 2.0 (Invitrogen/Life Technologies, США). Концентрация ДНК измерялась трехкратно: после выделения ДНК, после первой полимеразной цепной реакции (ПЦР) со специфичными 16S прокариотическими праймерами, после второй ПЦР с адаптерами и индексами протоколов Nextera XT.

Анализ микрофлоры осуществлялся методом метагеномного секвенирования (Illumina MiSeq, Illumina, США) с набором реагентов MiSeq® Reagent Kit v3 (600 cycle). Для биоинформатической обработки результатов была использована программа PEAR (Pair-End Assemble, PEAR v0.9.8, США). Результаты секвенирования обработаны с использованием пакета программ Microsoft Excel (версия Windows 2019, разработчик Microsoft, США).

Для определения элементного состава мышечной ткани использовали метод атомно-эмиссионной и масс-спектрометрии (АЭС-ИСП и МС-ИСП) на оборудовании Elan 9000 (Perkin Elmer, США) и Optima 2000 V (Perkin Elmer, США).

Статистическую обработку экспериментальных данных осуществляли с использованием офисного программного комплекса Microsoft Office с применением программы Excel (Microsoft, США) с обработкой данных в Statistica 10.0 (Stat Soft Inc., США).

Достоверность различий полученных результатов определяли по t-критерию Стьюдента.

Результаты и обсуждение / Results and discussion

В ходе проведенного исследования было установлено, что основными представителями индигенной микрофлоры кишечника карпа

в контрольной группе являются филогенетические группы: *Proteobacteria* (40,5%), *Actinobacteria* (28,6%), *Firmicutes* (19,1%) и *Bacteroidetes* (10,2%) (рис. 1).

Однако следует отметить, что на фоне применения кормовых добавок происходит существенное перераспределение основных групп микроорганизмов, формирующих автохтонную микрофлору. Так, уровень *Proteobacteria* на фоне применения препарата «Интебио» увеличился до 72,2%, что на 31,7% превышает показатели группы интактных рыб. В группе, где применялся «Бутитан», данный показатель составил 62,7%, превышающий показатели контрольных значений на 22,2%.

Использование метода метагеномного секвенирования позволило определить распределение *Proteobacteria* до уровня основных родовых групп (рис. 2), что предоставило возможность оценить степень влияния изучаемых кормовых добавок на микроорганизмы, формирующие основную филогенетическую группу

Рис. 1. Распределение основных филогенетических групп микроорганизмов в кишечнике исследуемых групп в зависимости от типа кормления (контроль, «Интебио» и «Бутитан»)

Fig. 1. Comparative analysis of the distribution of the main phylogenetic groups of microorganisms in the intestines of the studied groups depending on the type of feeding (control, "Intebio" and "Butitan")

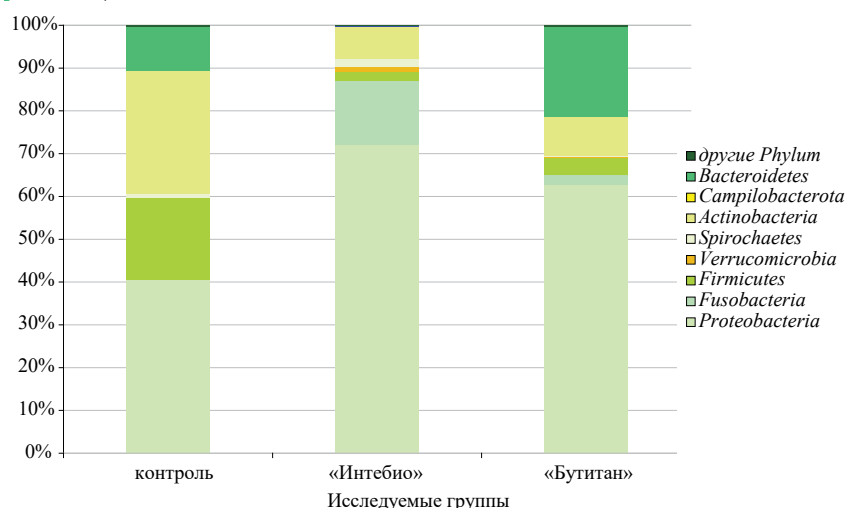
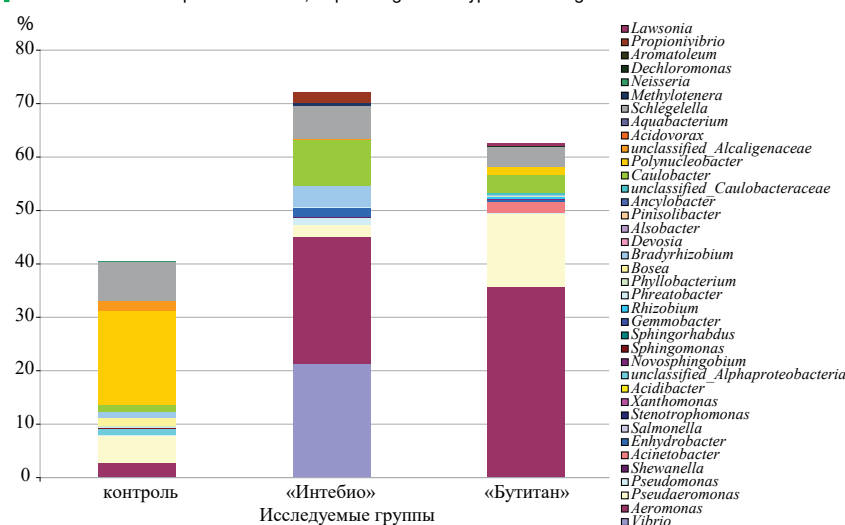


Рис. 2. Разнообразие родов микроорганизмов, входящих в филум Proteobacteria, выделенных из кишечника экспериментальных рыб в зависимости от типа кормления

Fig. 2. The variety of genera of microorganisms included in the phylum Proteobacteria isolated from the intestines of experimental fish, depending on the type of feeding



¹ Приказ Министерства здравоохранения СССР от 12 августа 1977 года № 755 «О мерах по дальнейшему совершенствованию организационных форм работы с использованием экспериментальных животных» (с изм. и доп.).

² Андронов Е.Е., Пинаев А.Г., Першина Е.В., Чижевская Е.П. Научно-методические рекомендации по выделению высокоочищенных препаратов ДНК из объектов окружающей среды / Методические указания. Российская академия сельскохозяйственных наук, Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии. Санкт-Петербург. 2011; 23.

резидентной микрофлоры. Так, в интактной группе к основным представителям *Proteobacteria* (более 5%) можно отнести *Polynucleobacter* (17,6%), *Schlegelella* (7,3%). В диапазоне от 1 до 5% содержались представители следующих родов: *Bradyrhizobium* — 1,08%, *Caulobacter* — 1,29%, *Bosea* — 1,49%, *Aeromonas* — 2,72%, *Pseudomonas* — 4,96%. На фоне применения препарата «Интебио» родовое распределение *Proteobacteria*, выделенное из содержимого кишечника, выглядело следующим образом: основные представители — *Aeromonas* (23,87%), *Vibrio* (21,27%), *Caulobacter* (8,57%), *Schlegelella* (6,15%), *Bradyrhizobium* (4,01%), *Pseudomonas* (2,17%), *Propionivibrio* (1,95%), *Enhydrobacter* (1,67%), *Pseudomonas* (1,35%).

Представленные данные свидетельствуют о существенном различии родового распределения в наиболее обширной филогенетической группе, что в свою очередь проявляется в виде существенного сдвига процентного соотношения по сравнению с показателями интактной группы (рис. 1).

Модельный эксперимент по применению «Бутитана» выявил значительные различия не столько в качественном, сколько в количественном распределении основных родовых групп *Proteobacteria*. Так, на долю рода *Aeromonas* в данной группе приходится 35,67% от всего видового разнообразия резидентной микрофлоры, в отличие от показателей интактной группы, где данный показатель составил 2,72%.

Доля *Pseudomonas* составила 13,69%, что на 8,73% больше по отношению к контрольным значениям. 1%-ный барьер (более 148,85 выделенных таксономических групп) преобладали *Polynucleobacter* (1,68%), *Acinetobacter* (2,06%), *Caulobacter* (3,38%), *Schlegelella* (3,75%). Следует отметить, что в данной группе были идентифицированы роды в структуре филогенетической группы, отсутствующие в контрольной группе (*Shewanella*, *Acinetobacter*, *Enhydrobacter*, *Acidibacter*, *Acidovorax*, *Dechloromonas*, *Propionivibrio* и *Lawsonia*).

Возвращаясь к анализу общего распределения структурного микробиома на уровне филогенетических групп (рис. 1), следует отметить, что в опытных группах наряду с видовым разнообразием регистрируются и значительные различия в численности выделенных таксонов из кишечника исследуемых групп (табл. 1). У интактных рыб (*Cyprinus carpio*) среднее значение данного показателя составило 16 958 таксонов, что на 0,11% ниже, чем в группе с применением «Интебио», и на 12,22% выше количества таксонов на фоне применения кормовой добавки «Бутитан».

Представленные в таблице 1 данные свидетельствуют о значительном влиянии добавок на микрофлору кишечника исследуемых рыб. Так, на фоне применения препарата «Интебио» наряду со значительным увеличением *Proteobacteria* регистрируется высокий уровень содержания таксономической филогенетической группы *Fusobacteria* (14,83%), представленных родом *Cetobacterium*. При этом следует отметить, что данная филогенетическая группа не выделена из микробиома кишечника интактной группы.

Таблица 1. Распределение таксонов микроорганизмов, выделенных из кишечника *Cyprinus carpio*, по основным филогенетическим группам в зависимости от типа кормления

Table 1. Analysis of the distribution of taxa of microorganisms isolated from the intestines of *Cyprinus carpio*, according to the main phylogenetic groups, depending on the type of feeding

Phylum	Исследуемые группы					
	Контроль		«Интебио»		«Бутитан»	
	среднее значение	%	среднее значение	%	среднее значение	%
<i>Proteobacteria</i>	6867	40,499*	12 702,5	72,181*	9320,9	62,662*
<i>Fusobacteria</i>	0	0	2609,7	14,83*	361,3	2,427
<i>Firmicutes</i>	3233	19,066*	386,9	2,197	592	3,977
<i>Verrucomicrobia</i>	0	0	209,7	1,192	48	0,322
<i>Spirochaetes</i>	192,0	1,132	311,0	1,767	18,7	0,126
<i>Actinobacteria</i>	4861	28,637*	1323,6	7,519*	1353,9	9,096*
<i>Campilobacterota</i>	0	0	3,3	0,019	0	0
<i>Bacteroidetes</i>	1743,3	10,280*	52,1	0,297	3135,7	21,067*
<i>Planctomycetes</i>	0	0	4,7	0,027	0	0
<i>Gemmatimonadetes</i>	0	0	0	0	54,0	0,363
<i>Cyanobacteria</i>	22,7	0,134	0	0	0	0
<i>Ascomycota</i>	22,3	0,132	0	0	0	0
<i>Fungi incertae sedis</i>	2,0	0,012	0	0	0	0
<i>Chytridiomycota</i>	6,4	0,038	0	0	0	0
Итого	16958	100,00	17604	100,00	14 885	100,00

Примечание: * основные филогенетические группы, на долю которых приходится более 5% от общего числа выделенных таксонов.

Основная доля содержания *Actinobacteria* (7,52%) представлена родами *Aurantimicrobium* (4,40%), *Cutibacterium* (1,59%) и *Micrococcus* (1,02%), в то время как на долю *Aurantimicrobium* в контрольной группе приходится 23,87%.

В опытной группе с применением в качестве кормовой добавки «Бутитан» уровень содержания *Actinobacteria* составил 9,10% с относительно равномерным распределением между родами *Rubrobacter* (2,18%), *Corynebacterium* (1,76%), *Micrococcus* (1,64%), *Cutibacterium* (1,53%) и *Aurantimicrobium* (1,14%).

К основной автохтонной филогенетической группе микробиома кишечника можно отнести *Bacteroidetes*, так как на ее долю приходится 10,28% от общего числа выделенных из кишечника таксонов. Основными родами, формирующими данную группу, являются *Flavobacterium* (2,47%) и *Hydrothalea* (7,66%).

Аналогичная картина регистрируется и в опытной группе на фоне применения препарата «Бутитан», однако следует отметить более высокие значения данного показателя (табл. 1). Соответственно, на долю *Flavobacterium* и *Hydrothalea* в данной группе приходится 4,75% и 16,24%, а общая численность представителей данной филогенетической группы составляет 21,07%.

Для оценки уровня взаимодействия между представителями структурного микробиома был проведен анализ корреляционной зависимости (табл. 2).

Представленные в таблице 2 данные свидетельствуют о высоком уровне взаимодействия между основными таксономическими группами, формирующими микробиом кишечника рыб, о чем свидетельствуют более 85% результатов с различным уровнем достоверности ($p \leq 0,05$, $p \leq 0,01$).

Более детальный анализ корреляционной зависимости позволяет с высокой долей достоверности констатировать наличие прямой зависимости между *Proteobacteria* с *Fusobacteria*, *Verrucomicrobia* и *Campilobacterota* ($p \leq 0,01$). *Fusobacteria* с *Spirochaetes*, *Verrucomicrobia* и *Campilobacterota* ($p \leq 0,01$). *Firmicutes* и *Actinobacteria* ($p \leq 0,01$), *Verrucomicrobia* с *Spirochaetes* и *Campilobacterota* ($p \leq 0,01$). *Spirochaetes* с *Campilobacterota* ($p \leq 0,01$).

Таблица 2. Корреляционная зависимость между основными таксономическими группами, идентифицированными методом метагеномного секвенирования в кишечнике экспериментальных рыб *Cyprinus carpio*

Table 2. Correlation between the main taxonomic groups identified by metagenomic sequencing in the intestines of experimental *Cyprinus carpio* fish

группы	Proteobacteria	Fusobacteria	Firmicutes	Verrucomicrobia	Spirochaetes	Actinobacteria	Campilobacterota	Bacteroidetes	другие Phylum
Proteobacteria	1,00								
Fusobacteria	0,95**	1,00							
Firmicutes	-0,85**	-0,66**	1,00						
Verrucomicrobia	0,98**	0,99**	-0,72**	1,00					
Spirochaetes	0,49	0,73**	0,04	0,66**	1,00				
Actinobacteria	-0,82**	-0,61*	0,99**	-0,68**	0,10	1,00			
Campilobacterota	0,91**	0,99**	-0,56*	0,98**	0,81**	-0,51	1,00		
Bacteroidetes	-0,62*	-0,83**	0,12	-0,77**	-0,99**	0,06	-0,89**	1,00	
Другие Phylum	-0,95**	-0,99**	0,65*	-0,99**	-0,73**	0,61*	-0,99**	0,83**	1,00

Примечание: * $p \leq 0,05$, ** $p \leq 0,01$.

Обобщая вышеизложенное, следует отметить, что к категории индигенной микрофлоры кишечника исследуемых рыб (*Cyprinus carpio*) можно отнести *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Firmicutes* и *Bacteroidetes*. Представители данных филогенетических групп независимо от типа в совокупности имеют наиболее высокие показатели и составили в интактной группе 98,44% от общего числа таксонов, 82,19% в группе с применением «Интебио» и 96,81% на фоне применения «Бутитана» соответственно.

Рыба является одним из основных продуктов питания, где наряду с белковым, жировым, витаминным и аминокислотным компонентами, обеспечивающими полноценное поддержание организма человека на физиологическом уровне, немаловажное значение отводится микро- и макроэлементам с высоким уровнем биологической доступности.

Корректировка элементного статуса тела рыб — важный биотехнологический подход, обеспечивающий население эндемичных территорий жизненно важными элементами. Резидентная микрофлора кишечника активно участвует в обменных процессах, в том числе и элементном обмене, формируя биологически доступные формы, связывая их с различными белковыми и липидными [13] молекулами, образуя лигандные комплексы.

Основываясь на этом, было проведено исследование распределения макро- и микроэлементов в теле исследуемого карпа в зависимости от типа кормления (табл. 3, 5).

Анализ системного распределения ключевых макроэлементов (табл. 3) в теле карпа (*Cyprinus carpio*) на фоне применения кормовых добавок свидетельствует о выраженной положительной динамике исследуемых элементов в группе применения «Бутитана». В данной тестируемой группе зарегистрировано значительное увеличение кальция (на 135,06%) ($p \leq 0,001$), калия (на 45,95%) ($p \leq 0,05$), магния (на 22,99%) ($p \leq 0,05$), натрия (на 5,97%) и фосфора (на 57,85%) ($p \leq 0,01$).

Применение «Интебио» оказывает стимулирующее действие на накопление отдельных макроэлементов, однако достоверно значимое различие установлено только в отношении Ca (на 51,39%) ($p \leq 0,05$). Уровень содержания K и P превышал значения интактной группы на 6,51% и 22,59% соответственно. Однако следует отметить, что концентрация Mg в тканях была идентична

показателям интактной группы, а содержание натрия снизилось на 20,52% по отношению к контрольным значениям.

Для определения степени взаимодействия показателей автохтонной микрофлоры кишечника с содержанием различных элементов в тканях рыбы был проведен анализ корреляционной зависимости (табл. 4, 6).

Полученные данные (табл. 4) свидетельствуют о наличии выраженной прямой зависимости между элементами. В частности, содержание кальция достоверно ($p \leq 0,01$) коррелирует с калием, магнием и фосфором, уровень калия — с магнием, фосфором ($p \leq 0,01$), натрия ($p \leq 0,05$), магния — с натрием ($p \leq 0,05$) и фосфором ($p \leq 0,01$).

Положительные динамические характеристики взаимодействия между резидентной микрофлорой и содержанием элементов в тканях уста-

новлены у представителей филогенетической группы *Bacteroidetes* в отношении всех исследуемых макроэлементов: Ca ($p \leq 0,05$), K ($p \leq 0,01$), Mg ($p \leq 0,01$), Na ($p \leq 0,01$), P ($p \leq 0,05$). Обратная достоверная зависимость в отношении исследуемых элементов установлена у *Spirochaetes*.

В отношении других филогенетических групп микроорганизмов, формирующих автохтонную микрофлору кишечника исследуемых рыб (*Cyprinus carpio*), проведенный анализ не выявил выраженных структурных взаимодействий, как у *Bacteroidetes* и *Spirochaetes*. Однако следует отметить, что в большинстве случаев преобладает обратная зависимость. Так, *Actinobacteria* отрицательно коррелирует с кальцием ($p \leq 0,01$), калием

Таблица 3. Содержание макроэлементов в теле карпа (*Cyprinus carpio*) в зависимости от типа кормления

Table 3. Analysis of the content of macronutrients in the body of carp (*Cyprinus carpio*) depending on the type of feeding

Группа	Кальций	Калий	Магний	Натрий	Фосфор
Контроль	251 ± 25	3859 ± 386	278 ± 28	687 ± 69	2147 ± 215
I опытная	590 ± 59***	5632 ± 563*	361 ± 36*	728 ± 73	3389 ± 339**
II опытная	380 ± 38*	4113 ± 411	279 ± 28	546 ± 55	2632 ± 263

Примечание: * $p \leq 0,05$, ** $p \leq 0,01$, *** $p \leq 0,001$.

Таблица 4. Корреляционная зависимость макроэлементов с основными филогенетическими группами структурного микробиома кишечника

Table 4. Analysis of the correlation dependence of macronutrients with the main phylogenetic groups of the structural intestinal microbiome

Показатели	Кальций	Калий	Магний	Натрий	Фосфор
Кальций	1,00				
Калий	0,97**	1,00			
Магний	0,93**	0,99**	1,00		
Натрий	0,35	0,57*	0,67*	1,00	
Фосфор	0,99**	0,97**	0,93**	0,34	1,00
Proteobacteria	0,57*	0,35	0,23	-0,57*	0,58*
Fusobacteria	0,02	-0,24	-0,35	-0,93**	0,03
Firmicutes	-0,73*	-0,53*	-0,42	0,39	-0,73*
Verrucomicrobia	0,13	-0,12	-0,24	-0,89**	0,14
Spirochaetes	-0,71*	-0,86**	-0,92*	-0,91**	-0,70*
Actinobacteria	-0,75**	-0,56*	-0,45	0,37	-0,75**
Campilobacterota	-0,14	-0,38	-0,49	-0,98**	-0,13
Bacteroidetes	0,63*	0,81**	0,87**	0,95**	0,62*
Другие Phylum	0,13	0,37	0,48	0,97**	0,12

Примечание: * $p \leq 0,05$, ** $p \leq 0,01$.

($p \leq 0,05$), магнием и фосфором ($p \leq 0,01$). Аналогичную картину имеет *Firmicutes*, в отношении которого установлены достоверные отрицательные значения по тем же элементам (табл. 4).

Степень распределения эссенциальных элементов в тканях исследуемых рыб (табл. 5), как и в случае с макроэлементами, свидетельствует о более выраженном биологическом действии добавки «Бутитан» в дозе 2 г / 1 кг корма. Уровень распределения исследуемых эссенциальных элементов в данной группе имел более высокие значения по отношению к аналогичным показателям интактной группы.

Следует отметить достоверно значимые различия ($p \leq 0,01$) содержания меди, марганца и цинка — на 93,67%, 108,0% и 55,79% соответственно. Концентрация железа и селена в данной группе превысила контрольные значения на 44,13% и 5,88% соответственно.

На фоне применения препарата «Интебио» в концентрации 2 г / 1 кг корма было установлено достоверно значимое увеличение концентрации меди (на 88,61%) ($p \leq 0,01$) и марганца (на 45,83%) ($p \leq 0,05$) в теле исследуемой рыбы по отношению к показателям контрольной группы. Содержание железа (1,63%) и цинка (26,68%) имело более высокие показатели в сравнении с интактными значениями. Однако следует отметить, что в данной группе регистрируется незначительное снижение селена (на 5,88%) в сравнении с контрольными показателями.

Анализ корреляционной зависимости свидетельствует о высоком уровне прямой зависимости распределения эссенциальных элементов в теле рыб. Так, медь достоверно коррелирует с железом ($p \leq 0,05$), марганцем ($p \leq 0,01$) и цинком ($p \leq 0,01$). Железо в свою очередь обладает высоким уровнем взаимодействия ($p \leq 0,01$) с марганцем, селеном и цинком. Марганец положительно коррелирует с селеном ($p \leq 0,05$) и цинком ($p \leq 0,01$).

Таблица 5. Содержание эссенциальных элементов в теле карпа (*Cyprinus carpio*) в зависимости от типа кормления

Table 5. Analysis of the content of essential elements in the body of carp (*Cyprinus carpio*) depending on the type of feeding

Группа	Медь	Железо	Марганец	Селен	Цинк
Контроль	0,79 ± 0,10	9,79 ± 0,98	0,24 ± 0,03	0,17 ± 0,02	9,07 ± 0,91
I опытная	1,53 ± 0,15**	14,11 ± 3,41	0,5 ± 0,06**	0,18 ± 0,02	14,13 ± 1,41**
II опытная	1,49 ± 0,15**	9,95 ± 1,0	0,35 ± 0,042*	0,16 ± 0,02	11,49 ± 1,15

Примечание: * $p \leq 0,05$, ** $p \leq 0,01$.

Таблица 6. Корреляционная зависимость эссенциальных элементов с основными филогенетическими группами автохтонной микрофлоры кишечника

Table 6. Analysis of the correlation dependence of essential elements with the main phylogenetic groups of the autochthonous intestinal microflora

Показатели	Медь	Железо	Марганец	Селен	Цинк
Медь	1,00				
Железо	0,57*	1,00			
Марганец	0,85**	0,92**	1,00		
Селен	0,05	0,85**	0,57*	1,00	
Цинк	0,88**	0,90**	0,99**	0,52	1,00
<i>Proteobacteria</i>	0,94**	0,26	0,61*	-0,29	0,66*
<i>Fusobacteria</i>	0,59*	-0,33	0,06	-0,78**	0,13
<i>Firmicutes</i>	-0,99**	-0,45	-0,76**	0,10	-0,80**
<i>Verrucomicrobia</i>	0,68*	-0,22	0,18	-0,70*	0,24
<i>Spirochaetes</i>	-0,18	-0,91**	-0,68*	-0,99**	-0,63*
<i>Actinobacteria</i>	-0,99**	-0,48	-0,78**	0,07	-0,82**
<i>Campilobacterota</i>	0,46	-0,47	-0,09	-0,87**	-0,03
<i>Bacteroidetes</i>	0,07	0,86**	0,59*	0,99**	0,54
Другие Phylum	-0,46	0,46	0,08	0,86**	0,02

Примечание: * $p \leq 0,05$, ** $p \leq 0,01$.

Отрицательной зависимости между исследуемыми элементами не установлено.

При оценке степени взаимодействия между резидентной микрофлорой и микроэлементами установлена положительная корреляционная зависимость между филогенетической группой *Bacteroidetes* и всеми определяемыми элементами с достоверно значимым уровнем взаимодействия с железом ($p \leq 0,01$), марганцем ($p \leq 0,05$) и селеном ($p \leq 0,01$). Установлена прямая взаимосвязь между *Proteobacteria* и медью ($p \leq 0,01$), марганцем и цинком ($p \leq 0,05$). Наличие отрицательной зависимости между *Spirochaetes* и исследуемыми эссенциальными элементами свидетельствует о том, что на фоне снижения уровня данной филогенетической группы в микробиоме кишечника возрастает уровень усвоения исследуемых элементов из корма.

Обобщая вышеизложенное, следует отметить, что использование кормовых добавок оказывает существенное влияние на процессы усвоения из рациона микро- и макроэлементов.

Представленные в литературе данные свидетельствуют о наличии прямой взаимосвязи избыточного содержания отдельных микроэлементов с резидентной микрофлорой кишечника. Так, например, биоаккумуляция селена привела к сдвигу в составе микробиома, в значительной степени обусловленному обогащением *Bacteroides plebeius*, что связано с расщеплением сульфатированных полисахаридов водорослей [14].

Высокие динамические характеристики усвоения элементов гипотетически могут быть обусловлены следующими механизмами. Во-первых, кормовые добавки могут стимулировать рост ворсинок в кишечнике (увеличение высоты и ширины), что увеличивает не только поверхность всасывания питательных веществ, но и способствует увеличению доли симбиотной микрофлоры [15] с опосредованным влиянием на ростовые характеристики. Во-вторых, микроорганизмы обладают высокими биоаккумулирующими характеристиками, что в совокупности определяет более высокую долю формирования лигандных комплексов элементов [16] или наноструктурных компонентов, обладающих более высоким уровнем биологического потенциала взаимодействия с макроорганизмом.

Выводы/Conclusions

Наиболее близкие по отношению к контролю показатели по распределению таксономических групп, формирующих микробиом кишечника, зарегистрированы на фоне применения препарата «Бутитан», однако следует отметить значительное перераспределение между уровнем выделяемых таксонов, а также значительное снижение общего количества идентифицированных микроорганизмов.

На фоне применения «Интебио» регистрируется значительное увеличение численности *Proteobacteria* за счет родов *Aeromonas*, *Vibrio*, *Caulobacter* и *Schlegelella*, показатели которых значительно превышали показатели интактной группы.

Следует отметить, что существенный вклад в формирование микробиома в данной опытной группе внесли представители рода *Cetobacterium*, входящие в филум *Fusobacteria*, на долю которого приходится 14,83%, в отличие от контрольной группы, где данные микроорганизмы не были идентифицированы в ходе исследования.

Проведенный корреляционный анализ позволил установить наличие выраженной прямой зависимости между филогенетической группой *Bacteroidetes*

как с макроэлементами (Ca ($p \leq 0,05$), K ($p \leq 0,01$), Mg ($p \leq 0,01$), Na ($p \leq 0,01$), P ($p \leq 0,05$), так и с микроэлементами (Fe ($p \leq 0,01$), Mn ($p \leq 0,05$), Se ($p \leq 0,01$).

Анализ полученных данных с высокой долей уверенности позволяет констатировать значительное влияние тестируемых добавок на показатели индигенной микрофлоры. Значительное перераспределение, как между основными филогенетическими группами, так и между родами внутри них, гипотетически может быть обусловлено высоким уровнем влияния на системы коммуникативного взаимодействия между различными видами микроорганизмов, участвующих в процессах переваривания пищи, метаболической и иммунологической активности.

Одним из возможных факторов влияния является чувствительность отдельных представителей микробиома к активным веществам, входящим в состав тестируемых в эксперименте препаратов «Интебио» и «Бутитан», что в конечном итоге приводит к субингибированию микроорганизмов, обладающих выраженными антагонистическими характеристиками, что в конечном итоге приводит к значительному изменению показателей резидентной микрофлоры кишечника.

Общей положительной динамикой на фоне применения обоих кормовых добавок является их высокая биологическая активность в отношении грибов (*Ascomycota* и *Fungi incertae sedis*), которые регистрировались только в образцах интактной группы.

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 № 22-26-00281.

FUNDING

The research was carried out at the expense of the grant of the Russian Science Foundation No. 22-26-00281.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Morshed S.M., Lee T.-H. The role of the microbiome on fish mucosal immunity under changing environments. *Fish & Shellfish Immunology*. 2023; 139: 108877. <https://doi.org/10.1016/j.fsi.2023.108877>
- Сизенцов А.Н., Мирошникова Е.П., Аринжанов А.Е., Киякова Ю.В., Сарсенбаева Ж.Б. Оценка действия фитобиотиков, подготовленных различным способом на Quorum Sensing *P. aeruginosa* на модели *in vitro*. *Известия Оренбургского государственного аграрного университета*. 2022; 6: 79–83. <https://doi.org/10.37670/2073-0853-2022-98-6-79-83>
- Gonçalves A.T., Gallardo-Escárate C. Microbiome dynamic modulation through functional diets based on pre- and probiotics (mannan-oligosaccharides and *Saccharomyces cerevisiae*) in juvenile rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Journal of Applied Microbiology*. 2017; 122(5): 1333–1347. <https://doi.org/10.1111/jam.13437>
- Zhu H. *et al.* Multi-kingdom microbiota and functions changes associated with culture mode in genetically improved farmed tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Frontiers in Physiology*. 2022; 13: 974398. <https://doi.org/10.3389/fphys.2022.974398>
- Blanch A.R., Hispano C., Bultó P., Ballesté E., González-López J.J., Vilanova X. Comparison of *Vibrio* spp. populations found in seawater, in exhibition aquaria, in fish intestine and in fish feed. *Journal of Applied Microbiology*. 2009; 106(1): 57–65. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.2008.03974.x>
- Breen P., Winters A.D., Theis K.R., Withey J.H. The *Vibrio cholerae* Type Six Secretion System Is Dispensable for Colonization but Affects Pathogenesis and the Structure of Zebrafish Intestinal Microbiome. *Infection and Immunity*. 2021; 89(9): e00151-21. <https://doi.org/10.1128/IAI.00151-21>
- Eichmiller J.J., Hamilton M.J., Staley C., Sadowsky M.J., Sorensen P.W. Environment shapes the fecal microbiome of invasive carp species. *Microbiome*. 2016; 4: 44. <https://doi.org/10.1186/s40168-016-0190-1>
- Gillingham M.A.F. *et al.* Bioaccumulation of trace elements affects chick body condition and gut microbiome in greater flamingos. *Science of The Total Environment*. 2021; 761: 143250. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.143250>
- Kim P.S. *et al.* Host habitat is the major determinant of the gut microbiome of fish. *Microbiome*. 2021; 9: 166. <https://doi.org/10.1186/s40168-021-01113-x>
- Luna G.M., Quero G.M., Kokou F., Kormas K. Time to integrate biotechnological approaches into fish gut microbiome research. *Current Opinion in Biotechnology*. 2022; 73: 121–127. <https://doi.org/10.1016/j.copbio.2021.07.018>
- Peshkov S.A., Khursan S.L. Complexation of the Zn, Co, Cd, and Pb ions by metallothioneins: A QM/MM simulation. *Computational and Theoretical Chemistry*. 2017; 1106: 1–6. <https://doi.org/10.1016/j.comptc.2017.02.029>
- Quero G.M. *et al.* Host-associated and Environmental Microbiomes in an Open-Sea Mediterranean Gilthead Sea Bream Fish Farm. *Microbial Ecology*. 2023; 86(2): 1319–1330. <https://doi.org/10.1007/s00248-022-02120-7>
- Su S. *et al.* Relationship Between the Fatty Acid Profiles and Gut Bacterial Communities of the Chinese Mitten Crab (*Eriocheir sinensis*) From Ecologically Different Habitats. *Frontiers in Microbiology*. 2020; 11: 565267. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.565267>
- Gillingham M.A.F. *et al.* Bioaccumulation of trace elements affects chick body condition and gut microbiome in greater flamingos. *Science of The Total Environment*. 2021; 761: 143250. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.143250>

REFERENCES

- Morshed S.M., Lee T.-H. The role of the microbiome on fish mucosal immunity under changing environments. *Fish & Shellfish Immunology*. 2023; 139: 108877. <https://doi.org/10.1016/j.fsi.2023.108877>
- Sizentsov A.N., Miroshnikova E.P., Arinzhonov A.E., Kilyakova Yu.V., Sarsenbaeva Zh.B. Evaluation of the effect of phytobiotics prepared in various ways on Quorum Sensing *P. aeruginosa* in an *in vitro* model. *Izvestia Orenburg State Agrarian University*. 2022; 6: 79–83 (in Russian). <https://doi.org/10.37670/2073-0853-2022-98-6-79-83>
- Gonçalves A.T., Gallardo-Escárate C. Microbiome dynamic modulation through functional diets based on pre- and probiotics (mannan-oligosaccharides and *Saccharomyces cerevisiae*) in juvenile rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Journal of Applied Microbiology*. 2017; 122(5): 1333–1347. <https://doi.org/10.1111/jam.13437>
- Zhu H. *et al.* Multi-kingdom microbiota and functions changes associated with culture mode in genetically improved farmed tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Frontiers in Physiology*. 2022; 13: 974398. <https://doi.org/10.3389/fphys.2022.974398>
- Blanch A.R., Hispano C., Bultó P., Ballesté E., González-López J.J., Vilanova X. Comparison of *Vibrio* spp. populations found in seawater, in exhibition aquaria, in fish intestine and in fish feed. *Journal of Applied Microbiology*. 2009; 106(1): 57–65. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.2008.03974.x>
- Breen P., Winters A.D., Theis K.R., Withey J.H. The *Vibrio cholerae* Type Six Secretion System Is Dispensable for Colonization but Affects Pathogenesis and the Structure of Zebrafish Intestinal Microbiome. *Infection and Immunity*. 2021; 89(9): e00151-21. <https://doi.org/10.1128/IAI.00151-21>
- Eichmiller J.J., Hamilton M.J., Staley C., Sadowsky M.J., Sorensen P.W. Environment shapes the fecal microbiome of invasive carp species. *Microbiome*. 2016; 4: 44. <https://doi.org/10.1186/s40168-016-0190-1>
- Gillingham M.A.F. *et al.* Bioaccumulation of trace elements affects chick body condition and gut microbiome in greater flamingos. *Science of The Total Environment*. 2021; 761: 143250. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.143250>
- Kim P.S. *et al.* Host habitat is the major determinant of the gut microbiome of fish. *Microbiome*. 2021; 9: 166. <https://doi.org/10.1186/s40168-021-01113-x>
- Luna G.M., Quero G.M., Kokou F., Kormas K. Time to integrate biotechnological approaches into fish gut microbiome research. *Current Opinion in Biotechnology*. 2022; 73: 121–127. <https://doi.org/10.1016/j.copbio.2021.07.018>
- Peshkov S.A., Khursan S.L. Complexation of the Zn, Co, Cd, and Pb ions by metallothioneins: A QM/MM simulation. *Computational and Theoretical Chemistry*. 2017; 1106: 1–6. <https://doi.org/10.1016/j.comptc.2017.02.029>
- Quero G.M. *et al.* Host-associated and Environmental Microbiomes in an Open-Sea Mediterranean Gilthead Sea Bream Fish Farm. *Microbial Ecology*. 2023; 86(2): 1319–1330. <https://doi.org/10.1007/s00248-022-02120-7>
- Su S. *et al.* Relationship Between the Fatty Acid Profiles and Gut Bacterial Communities of the Chinese Mitten Crab (*Eriocheir sinensis*) From Ecologically Different Habitats. *Frontiers in Microbiology*. 2020; 11: 565267. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.565267>
- Gillingham M.A.F. *et al.* Bioaccumulation of trace elements affects chick body condition and gut microbiome in greater flamingos. *Science of The Total Environment*. 2021; 761: 143250. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.143250>

15. Miroshnikova M., Miroshnikova E., Sizentsov A., Arinzhanov A., Kilyakova Y. Experimental evaluation of the effectiveness of the Quercus cortex extract in the carp feeding system. *Journal of Animal Science*. 2021; 99(S3): 339. <https://doi.org/10.1093/jas/skab235.623>

16. Sizentsov A. *et al.* Technology for evaluating the ability of probiotic strains to accumulate copper ions *in vitro* and *in vivo* using *Bacillus* bacteria. *Veterinary World*. 2021; 14(7): 1752–1759. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2021.1752-1759>

ОБ АВТОРАХ

Алексей Николаевич Сизентов

доцент кафедры биохимии
и микробиологии, кандидат биологических наук
asizen@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-1099-3117>

Елена Петровна Мирошникова

заведующая кафедрой биотехнологии животного сырья
и аквакультуры, доктор биологических наук, профессор
elenaakva@rambler.ru
<https://orcid.org/0000-0003-3804-5151>

Азамат Ерсайнович Аринжанов

доцент кафедры биотехнологии животного сырья и аквакультуры,
кандидат сельскохозяйственных наук
arin.azamat@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0001-6534-7118>

Юлия Владимировна Киякова

доцент кафедры биотехнологии животного сырья и аквакультуры,
кандидат биологических наук
fish-ka06@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-2385-264X>

Оренбургский государственный университет,
пр-т Победы, 13, Оренбург, 460018, Россия

15. Miroshnikova M., Miroshnikova E., Sizentsov A., Arinzhanov A., Kilyakova Y. Experimental evaluation of the effectiveness of the Quercus cortex extract in the carp feeding system. *Journal of Animal Science*. 2021; 99(S3): 339. <https://doi.org/10.1093/jas/skab235.623>

16. Sizentsov A. *et al.* Technology for evaluating the ability of probiotic strains to accumulate copper ions *in vitro* and *in vivo* using *Bacillus* bacteria. *Veterinary World*. 2021; 14(7): 1752–1759. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2021.1752-1759>

ABOUT THE AUTHORS

Aleksey Nikolaevich Sizentsov

Associate Professor of the Department of Biochemistry and
Microbiology, Candidate of Biological Sciences
asizen@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-1099-3117>

Elena Petrovna Miroshnikova

Head of the Department of Biotechnology of Animal Raw Materials
and Aquaculture, Doctor of Biological Sciences, Professor
elenaakva@rambler.ru
<https://orcid.org/0000-0003-3804-5151>

Azamat Ersainovich Arinzhanov

Associate Professor of the Department of Biotechnology of Animal
Raw Materials and Aquaculture, Candidate of Agricultural Sciences
arin.azamat@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0001-6534-7118>

Yulia Vladimirovna Kilyakova

Associate Professor of the Department of Biotechnology of Animal
Raw Materials and Aquaculture, Candidate of Biological Sciences
fish-ka06@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-2385-264X>

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



ufi
Approved
Event



АГРОРУСЬ PRO 2024

28-30 АВГУСТА 2024

33-Я МЕЖДУНАРОДНАЯ АГРОПРОМЫШЛЕННАЯ ВЫСТАВКА



КОНГРЕССНАЯ
ПРОГРАММА

ЭКСПОЗИЦИИ
РЕГИОНОВ РОССИИ

МЕЖДУНАРОДНЫЕ
ЭКСПОЗИЦИИ

ЦЕНТР
ДЕЛОВЫХ
КОНТАКТОВ

ОТРАСЛЕВОЙ
КОНКУРС
«ЗОЛОТАЯ МЕДАЛЬ»

Реклама



ПОДПИСЫВАЙТЕСЬ
НА НАШ
TELEGRAM-КАНАЛ
@AGRORUS1



КОНГРЕССНО-ВЫСТАВОЧНЫЙ ЦЕНТР
ЭКСПОФОРУМ
ПЕТЕРБУРГСКОЕ ШОССЕ, 64/1

AGRORUS.EXPOFORUM.RU
ТЕЛ.: +7 (812) 240-40-40, ДОБ. 2980, 2427, 2434



6+