Научная статья

УДК 619:616.98:579.852.13

Особенности кишечного микробиома у кур-несушек с различным уровнем репродуктивного долголетия

Георгий Юрьевич Лаптев[1], Дарья Георгиевна Тюрина[1], Елена Александровна Йылдырым[1,2], Валентина Анатольевна Филиппова1,2, Лариса Александровна Ильина[1,2], Наталья Ивановна Новикова[1], Ксения Андреевна Соколова[1,2], Елена Павловна Горфункель[1], Алеся Анисовна Савичева[1], Екатерина Сергеевна Пономарева[1], Василий Александрович Заикин[1], Виталий Юрьевич Морозов[2]

[1]ООО «БИОТРОФ+», лаборатория молекулярной генетики и микробиомики;
[2]ФГБОУ ВО «Санкт-Петербургский государственный аграрный университет»

Аннотация: *Цель работы – сравнительное изучение особенностей микробиома слепых отростков кишечника кур-несушек с различным уровнем репродуктивного долголетия. 120 несушек кросса Хайсекс Браун были разделены на группы с условно высоким (группы 1) и низким (группа 2) репродуктивным долголетием. Для анализа микробиоты слепых отростков кишечника в возрасте выхода на плато яйценоскости у 3 кур от каждой группы отбирали пробы химуса, которые анализировали с помощью высокопроизводительного секвенирования 16S рРНК. Анализ показал преобладание (P≤0,05) представителей филума Firmicutes (82,3±4,5%) в группе 2, тогда как в группе 1 доля этого филума составляла всего 76,6±4,2%. Содержание представителей семейства Lactobacillaceae, включающего пробиотические бактерии, в группе 1 оказалось выше, чем в группе 2, почти в 1,5 раза (P≤0,05). Прогнозируемый суперпуть биосинтеза L-метионина был активнее у микробиома несушек группы 1 по сравнению с группой 2 в 1,3 раза (P≤0,05), путь метаболизма хоризмата – в 1,4 раза (P≤0,05). Полученные результаты представляют ценность для будущих исследований по оптимизации состава микробиома для повышения продуктивности и долголетия птицы.*

Ключевые слова: *несушки, репродуктивное долголетие, микробиом, слепые отростки кишечника, пробиотики.*

Для цитирования: *Лаптев, Г.Ю. Особенности кишечного микробиома у кур-несушек с различным уровнем репродуктивного долголетия / Г.Ю. Лаптев, Д.Г. Тюрина, Е.А. Йылдырым, В.А. Филиппова, Л.А. Ильина, Н.И. Новикова, К.А. Соколова, Е.П. Горфункель, А.А. Савичева, Е.С. Пономарева, В.А. Заикин, В.Ю. Морозов // Птицеводство. – 2025. – №10. – С. 00-00.*
doi: 10.33845/0033-3239-2025-74-10-00-00

Введение. Современное птицеводство сталкивается с необходимостью повышения эффективности производства, сохранения здоровья и увеличения сроков активной продуктивности сельскохозяйственной птицы [1]. Одним из перспективных направлений является изучение взаимосвязей между составом кишечной микробиоты и показателями продуктивности, такими как интенсивность и длительность яйценоскости.

В последнее десятилетие значительно возрос интерес ученых к изучению роли кишечной микробиоты в различных аспектах жизнедеятельности организмов, включая их продуктивность и устойчивость к заболеваниям [2]. Установлено, что взаимодействие микробиома с хозяином оказывает значительное влияние на иммунную систему, обмен веществ, поведение. Таким образом, изучение структуры и функций кишечной микробиоты становится необходимым условием для оптимизации процессов выращивания и содержания сельскохозяйственной птицы.

Актуальность данного исследования обусловлена рядом практических вопросов, возникающих перед производителями сельскохозяйственной продукции. Например, почему некоторые особи способны сохранять высокую яйценоскость длительное время, тогда как другие быстро теряют свою продуктивность? Каковы механизмы, позволяющие некоторым особям поддерживать стабильную яйценоскость в течение длительного периода?

Одним из способов ответа на поставленные вопросы является подробное изучение микробиома слепых отростков кишечника – ключевого участка пищеварительной системы птицы, где сосредоточены процессы расщепления клетчатки и синтеза важных биологически активных веществ, необходимых для поддержания здоровья и высокого уровня продуктивности [3].

Научные исследования показывают, что грамотное управление кишечной микробиотой способно существенно повысить продуктивность, уменьшить заболеваемость и увеличить срок службы сельскохозяйственной птицы [4]. Вместе с тем, разработка эффективных стратегий управления микробиомом невозможна без глубокого понимания его структуры и функциональных особенностей.

В результате выполнения гранта Российского научного фонда №22-16-00128 учеными НПК «БИОТРОФ+» (под руководством д-ра биол. наук Лаптева Г.Ю.) был создан биопрепарат на основе штаммов-биодеструкторов глифосата, предназначенный для снижения негативного влияния остаточных количеств пестицидов кормов на бройлеров. При проведении высокопроизводительного RNA-секвенирования выяснилось, что пробиотик снижал у птицы экспрессию генов, кодирующих различные субъединицы белка mTOR. Белок mTOR (mammalian target of rapamycin) играет важную роль в процессах «старения» организмов. Известно, что «блокировка» активности

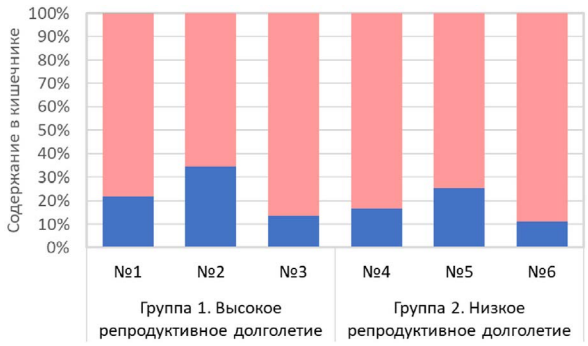

Рис. 1. Состав микробиома несушек на уровне филумов методом NGS-секвенирования, %

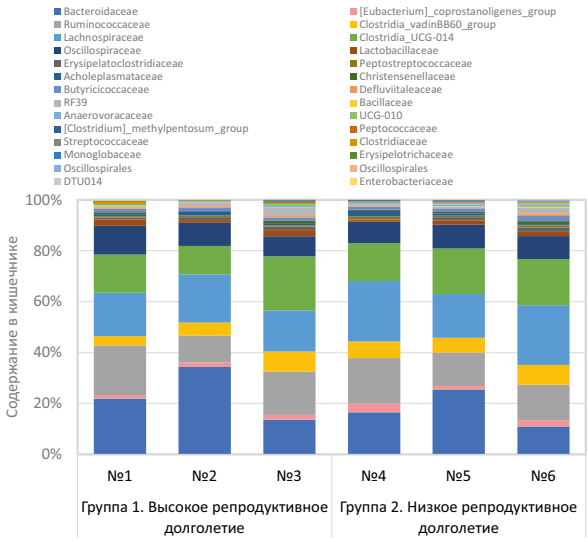

Рис. 2. Состав микробиома несушек на уровне семейств методом NGS-секвенирования, %

mTOR продлевает репродуктивное долголетие домашней птицы. Вероятно, такой эффект от биопрепарата наблюдался благодаря нормализации состава микробиома, который, как известно, оказывает существенное влияние на экспрессию генов.

Именно поэтому проведение исследований, направленных на установление закономерностей изменения микробиома у кур-несушек с разной степенью репродуктивного долголетия, представляется важным вкладом в решение проблемы повышения производительности и рентабельности птицеводческих хозяйств.

Таким образом, цель нашего исследования заключалась в изучении особенностей микробиома птицы с высокими и низкими показателями репродуктивного долголетия, выявлении различий в составе кишечной микробиоты и определении возможных взаимосвязей между структурой микробиома и репродуктивным потенциалом птицы.

Материал и методика исследований. Для эксперимента были выбраны здоровые куры-несушки кросса Хайсекс Браун (120 голов) в условиях научно-опытного хозяйства ООО «БИОТРОФ» без патологических изменений и факторов, потенциально влияющих на микробиоту. Согласно методике из работы [5], птиц разделяли на группы следующим образом: группа 1 – условно высокий уровень репродуктивного долголетия; группа 2 – условно низкий уровень репродуктивного долголетия. Определение принадлежности к группе осуществлялось путем анализа динамики продуктивности. Согласно этой методике, высокоэффективные куры начинают нестись примерно на месяц раньше и сохраняют высокий уровень яйценоскости около 6 месяцев подряд. Менее эффективные куры демонстрируют короткую фазу интенсивной яйцекладки продолжительностью 2 месяца и быстрое падение показателей к концу продуктивного периода.

Перед началом основного этапа эксперимента птицы находились в равных условиях содержания и кормления в течение 25-30 дней. Комплекс диагностических мероприятий включал ежедневный учет индивидуальной яичной продуктивности каждой птицы.

Для взятия образцов химуса слепых отростков кишечника были отобраны несушки (по 3 птицы из каждой группы) в период выхода на плато яйцекладки. Состав микробиоты исследовали методом высокопроизводительного NGS-секвенирования 16S рибосомальной РНК на платформе MiSeq (Illumina, США). Определение таксономической принадлежности образцов проводили с помощью программы MEGAN v. 6.15.2. Сравнительный анализ наличия специфичных семейств бактериальных генов, связанных с различными функциями организма хозяина, проводили при помощи программы PICRUSt2 (v.2.3.0) (https://github.com/picrust/picrust2).

Результаты исследований и их обсуждение. Исследование методом NGS-секвенирования показало различия в качественном и количественном составе микробиома слепых отростков кишечника у кур-несушек с различным уровнем репродуктивного долголетия (условно низким и условно высоким). Основными обнаруженными филумами у обеих групп были *Bacteroidota, Firmicutes* и *Proteobacteria* (рис. 1).

Обнаружилось значимое (P≤0,05) преобладание представителей филума *Firmicutes* в группе 2 (82,3±4,5%), тогда как в группе 1 доля этого филума составила лишь 76,6±4,2%. Напротив, представители филума *Bacteroidota*, играющие важную роль в метаболизме углеводов и белков [6], были представлены значительно шире в группе 1 (23,3±1,9% против 17,7±2,4% в группе 2, P≤0,05). Бактерии филума *Firmicutes* преимущественно выполняют функцию расщепления простых сахаров и липидов, тогда как *Bacteroidota* специализируются на переваривании сложных полисахаридов и способствуют производству короткоцепочечных жирных кислот, обладающих противовоспалительным действием и положительно влияющих на целостность слизистой оболочки кишечника и регуляцию иммунной системы [7]. Ферментативная деятельность некоторых представителей *Bacteroidota* способствует выработке энергии из растительных компонентов корма, улучшая общую доступность питательных веществ. Недостаточное присутствие таких бактерий, вероятно, может приводить к снижению энергетической ценности рациона, ухудшению усваивания минералов и микроэлементов, замедлению регенерации тканей и органов [8], что может отрицательно сказываться на общем состоянии здоровья и воспроизводительных способностях птицы. Представи-

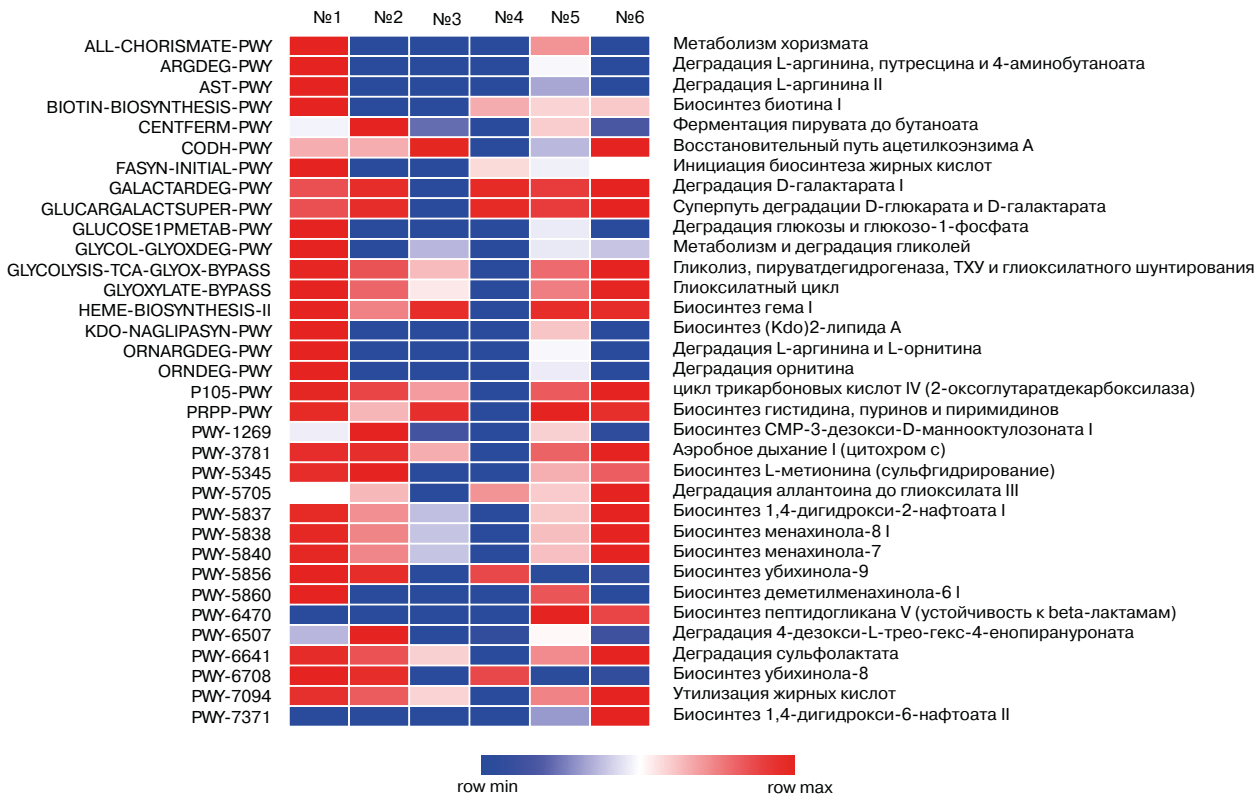

Рис. 3. Изменение прогнозируемых путей кишечного микробиома несушек на основе данных NGS-секвенирования и использования программы PICRUSt2 (v.2.3.0), %

тели филума *Proteobacteria*, традиционно связываемые с воспалениями и заболеваниями, встречались в обеих группах в низкой концентрации.

Содержание представителей семейства *Lactobacillaceae*, состоящего из молочнокислых бактерий, известных своими протекторными свойствами, оказался достоверно выше (P≤0,05) у птиц с высоким уровнем репродуктивного долголетия (группа 1) в 1,5 раза по сравнению с несушками группы 2 с низким репродуктивным долголетием (рис. 2). Увеличение численности данных бактерий обеспечивает естественный барьер против инфекционных агентов [9], поскольку они производят лактат и бактериоцины, подавляющие рост патогенных микроорганизмов. Метаболиты нормобиоты обладают иммуностимулирующим эффектом, стимулируя защитные клетки кишечника и снижая воспалительные процессы [10]. При недостаточном количестве данных полезных бактерий нарушается баланс между защитными механизмами и потенциальными патогенными агентами, вызывая хроническое воспаление стенок кишечника и повышая восприимчивость птицы к инфекциям. Поскольку нарушения иммунной защиты негативно влияют на формирование фолликулов и овуляцию, такое изменение может снижать общий ресурс жизнеспособности организма и ухудшать репродуктивный цикл птицы.

На следующем этапе исследования мы определяли различия в распределении предсказанных метаболических путей кишечного микробиома у кур-несушек с высоким и низким уровнем репродуктивного долголетия. Данные пути были рассчитаны путем анализа нуклеотидных последовательностей микробиома, выделенного из слепых отростков кишечника, и последующего моделирования данных с использованием биоинформатических инструментов.

Прогнозируемый суперпуть биосинтеза L-метионина (путем сульфгидрирования) оказался более активным (в 1,3 раза, P≤0,05) у микробиома несушек с высоким репродуктивным долголетием (рис. 3). Метионин – незаменимая аминокислота, т.е. организм птицы не способен синтезировать ее самостоятельно и должен получать с кормом или, в данном случае, с помощью микробиоты кишечника [11].

В организме птиц метионин играет критическую роль в нескольких важных процессах. Большее количество метионина, образующегося в кишечнике птиц с высоким репродуктивным долголетием, может способствовать более эффективному синтезу белков, необходимых для формирования яиц и поддержания здоровья репродуктивных органов [12]. Метионин также участвует в процессе метилирования ДНК, который регулирует экспрессию генов и играет важную роль в эпигенетической регуляции [13], влияющей, вероятно, и на репродуктивные показатели. Помимо этого, указанная аминокислота является предшественником цистеина, который участвует в синтезе глутатиона – мощного антиоксиданта, защищающего клетки от окислительного стресса [14]. Оптимальный антиоксидантный статус важен для поддержания здоровья репродуктивной системы и качества яйца. Кроме того, метионин участвует в синтезе карнитина, который улучшает транспорт жирных кислот в

митохондрии для производства энергии, необходимой для яйцекладки [15].

Представляет также интерес повышенная активность суперпути метаболизма хоризмата (в 1,4 раза в группе 1 по сравнению с группой 2, P≤0,05). Хоризмат является предшественником ароматических аминокислот (фенилаланин, тирозин, триптофан), необходимых для синтеза белков, антиоксидантов и нейротрансмиттеров [16]. Поэтому усиление этого пути может способствовать улучшению общего метаболизма и усилению репродуктивной функции.

Кроме того, отмечено, что восстановительный путь ацетилкоэнзима А был более активен у микробиома несушек с высоким репродуктивным долголетием (в 1,5 раза по сравнению с группой 2, P≤0,05). Этот путь является ключевым в анаэробном метаболизме и синтезе ацетата, который может служить источником энергии для птицы [17].

Помимо этого, прогнозируемый глиоксилатный цикл у микробиома несушек с высоким репродуктивным долголетием преобладал над группой 2 (6,20 против 4,61, P≤0,05), что может способствовать более эффективному использованию альтернативных источников углерода [18].

Наши данные продемонстрировали также повышенную активацию путей биосинтеза коферментов и витамина К у микробиома высокопродуктивных птиц (P≤0,05). Витамины и коферменты, такие как витамин К, убихиноны и фолиевая кислота, жизненно важны для свертываемости крови, антиоксидантной защиты и поддержания оптимальной фертильности [19]. Их дефицит может приводить к повреждению кровеносных сосудов и другим проблемам, связанным с процессом оплодотворения и формированием эмбрионов [20].

Выводы. Полученные данные позволяют предположить существование взаимосвязи между составом микробиома и способностью кур-несушек поддерживать длительный репродуктивный цикл. Из наших результатов очевидно, что микробиом высокопродуктивных кур характеризуется увеличением активности прогнозируемых путей, связанных с биосинтезом L-метионина, метаболизмом хоризмата, восстановлением ацетилкоэнзима А, а также повышенной способностью к образованию важных витаминов и коферментов. Такие различия могут свидетельствовать о способности этих птиц адаптироваться к напряженным нагрузкам, сопровождающим длительный репродуктивный период, благодаря эффективной «работе» симбиотической микробиоты.

Дальнейшие исследования необходимы для определения конкретных видов бактерий, ответственных за поддержание продуктивности и долголетия, что открывает перспективы для целенаправленной коррекции микробиома с целью повышения эффективности промышленного птицеводства. Введение в рацион пробиотиков, обогащенных полезными штаммами, может предоставить возможность восстановить и поддержать оптимальный баланс кишечной микробиоты, что будет способствовать повышению продуктивности и долголетия кур-несушек.

Исследование выполнено при финансовой поддержке Российского научного фонда, грант №22-16-00128-П.

Литература / References

1. Zhang, F. Challenges and constraints to the sustainability of poultry farming in China / F. Zhang, Z. Chen, J. Shi, C. Han, Q. Zhan, Z. Ren, X. Yang // Anim. Biosci. - 2025. - V. 38. - No 4. - P. 789-801. doi: 10.5713/ab.24.0794
2. Hou, K. Microbiota in health and diseases / K. Hou, Z.X. Wu, X.Y. Chen [et al.] // Signal Transduct. Target. Ther. - 2022. - V. 7. - No 1. - P. 135. doi: 10.1038/s41392-022-00974-4
3. Rowland, I. Gut microbiota functions: metabolism of nutrients and other food components / I. Rowland, G. Gibson, A. Heinken, K. Scott, J. Swann, I. Thiele, K. Tuohy // Eur. J. Nutr. - 2018. - V. 57. - No 1. - P. 1-24. doi: 10.1007/s00394-017-1445-8
4. Naeem, M. Probiotics in poultry: unlocking productivity through microbiome modulation and gut health / M. Naeem, D. Bourassa // Microorganisms. - 2025. - V. 13. - No 2. - P. 257. doi: 10.3390/microorganisms1302025
5. Щербатов, В.И. Цикличность яйцекладки кур / В.И. Щербатов, А.Г. Шкуро // Сб. науч. тр. СКНИИЖ. - 2020. - Т. 9. - №1. - С. 113-117. [Shcherbatov VI, Shkuro AG (2020). doi: 10.34617/hnxm-9j43 (in Russ.)]
6. Cameron, E.A. Multidomain carbohydrate-binding proteins involved in *Bacteroides thetaiotaomicron* starch metabolism / E.A. Cameron, M.A. Maynard, C.J. Smith, T.J. Smith, N.M. Koropatkin, E.C. Martens // J. Biol. Chem. - 2012. - V. 287. - No 41. - P. 34614-25. doi: 10.1074/jbc.M112.397380
7. Munteanu, C. Interactions between dietary antioxidants, dietary fiber and the gut microbiome: their putative role in inflammation and cancer / C. Munteanu, B. Schwartz // Intl. J. Mol. Sci. - 2024. - V. 25. - No 15. - P. 8250. doi: 10.3390/ijms25158250
8. Wexler, H.M. *Bacteroides*: the good, the bad, and the nitty-gritty / H.M. Wexler // Clin. Microbiol. Rev. - 2007. - V. 20. - No 4. - P. 593-621. doi: 10.1128/CMR.00008-07
9. Wang, Y. Metabolism characteristics of lactic acid bacteria and the expanding applications in food industry / Y. Wang, J. Wu, M. Lv, Z. Shao, M. Hungwe, J. Wang, X. Bai, J. Xie, Y. Wang, W. Geng // Front. Bioeng. Biotechnol. - 2021. - V. 9. - P. 612285. doi: 10.3389/fbioe.2021.612285
10. Qin, D. Contribution of Lactobacilli on intestinal mucosal barrier and diseases: perspectives and challenges of *Lactobacillus casei* / D. Qin, Y. Ma, Y. Wang, X. Hou, L. Yu // Life (Basel). - 2022. - V. 12. - No 11. - P. 1910. doi: 10.3390/life12111910
11. Liu, Y. Effect of methionine deficiency on the growth performance, serum amino acids concentrations, gut microbiota and subsequent laying performance of layer chicks / Y. Liu, D. Wang, L. Zhao, J. Zhang, S. Huang, Q. Ma // Front. Vet. Sci. - 2022. - V. 9. - P. 878107. doi: 10.3389/fvets.2022.878107
12. Ghashghaei, E. Effect of methionine replacement with taurine on the performance and antioxidative capacity of broiler / E. Ghashghaei, X. Yuan, M. Wang, M. Liu, X. Wang, H. Jiao, J. Zhao, H. Lin // Poult. Sci. - 2025. - V. 104. - No 9. - P. 105505. doi: 10.1016/j.psj.2025.105505
13. Zhang, N. Role of methionine on epigenetic modification of DNA methylation and gene expression in animals / N. Zhang // Anim. Nutr. - 2018. - V. 4. - No 1. - P. 11-16. doi: 10.1016/j.aninu.2017.08.009
14. Clemente Plaza, N. Effects of the usage of L-cysteine (L-Cys) on human health / N. Clemente Plaza, M. Reig García-Galbis, R.M. Martínez-Espinosa // Molecules. - 2018. - V. 23. - No 3. - P. 575. doi: 10.3390/molecules23030575

15. Placidi, M. Carnitines as mitochondrial modulators of oocyte and embryo bioenergetics / M. Placidi, G. Di Emidio, A. Virmani, A. D'Alfonso, P.G. Artini, A.M. D'Alessandro, C. Tatone // Antioxidants. - 2022. - V. 11. - No 4. - P. 745. doi: 10.3390/antiox11040745
16. Parthasarathy, A. A three-ring circus: metabolism of the three proteogenic aromatic amino acids and their role in the health of plants and animals / A. Parthasarathy, P.J. Cross, R.C.J. Dobson, L.E. Adams, M.A. Savka, A.O. Hudson // Front. Mol. Biosci. - 2018. - V. 5. - P. 29. doi: 10.3389/fmolb.2018.00029
17. Shi, L. Acetyl-CoA and the regulation of metabolism: mechanisms and consequences / L. Shi, B.P. Tu // Curr. Opin. Cell Biol. - 2015. - V. 33. - P. 125-131. doi: 10.1016/j.ceb.2015.02.003
18. Chew, S.Y. The glyoxylate cycle and alternative carbon metabolism as metabolic adaptation strategies of *Candida glabrata*: perspectives from *Candida albicans* and *Saccharomyces cerevisiae* / S.Y. Chew, W.J.Y. Chee, L.T.L. Than // J. Biomed. Sci. - 2019. - V. 26. - No 1. - P. 52. doi: 10.1186/s12929-019-0546-5
19. Kalogerakou, T. The role of dietary antioxidants, food supplements and functional foods for energy enhancement in healthcare professionals / T. Kalogerakou, M. Antoniadou // Antioxidants. - 2024. - V. 13. - No 12. - P. 1508. doi: 10.3390/antiox13121508
20. Shukla, S. Nutritional deficiencies and subfertility: a comprehensive review of current evidence / S. Shukla, D. Shrivastava // Cureus. - 2024. - V. 16. - No 8. - P. e66477. doi: 10.7759/cureus.66477

Сведения об авторах:

Лаптев Г.Ю.: доктор биологических наук, генеральный директор; laptev@biotrof.ru. **Тюрина Д.Г.:** кандидат экономических наук, старший биотехнолог; tiurina@biotrof.ru. **Йылдырым Е.А.:** доктор биологических наук, главный биотехнолог[1], профессор каф. крупного животноводства[2]; deniz@biotrof.ru. **Филиппова В.А.:** биотехнолог[1], зав. лабораторией каф. крупного животноводства[2]; filippova@biotrof.ru. **Ильина Л.А.:** доктор биологических наук, начальник лаборатории[1], доцент каф. крупного животноводства[2]; ilina@biotrof.ru. **Новикова Н.И.:** кандидат биологических наук, зам. директора; novikova@biotrof.ru. **Соколова К.А.:** биотехнолог; kseniya.k.a@biotrof.ru. **Горфункель Е.П.:** биотехнолог; alenkafev@mail.ru. **Савичева А.А.:** биотехнолог; sava@biotrof.ru. **Пономарева Е.С.:** биотехнолог; kate@biotrof.ru. **Заикин В.А.:** биотехнолог; dfcxsti@gmail.com. **Морозов В.Ю.:** доктор ветеринарных наук, профессор, ректор; supermoroz@mail.ru.

Статья поступила в редакцию 04.08.2025; одобрена после рецензирования 02.09.2025; принята к публикации 21.09.2025.

Research article

Differences in the Composition and Metabolic Activity of Cecal Microbiota in Laying Hens with Different Reproductive Longevity

Georgy Y. Laptev[1], Darya G. Tiurina[1], Elena A. Yildyrym[1,2], Valentina A. Filippova[1,2], Larisa A. Ilyina[1,2], Natalya I. Novikova[1], Ksenia A. Sokolova[1,2], Elena P. Gorfunkel[1], Alesya A. Savicheva[1], Ekaterina S. Ponomareva[1], Vasily A. Zaikin[1], Vitaly Y. Morozov[2]

[1]BIOTROF+, LLC, Lab. of Molecular Genetics and Microbiomics; [2]St. Petersburg State Agrarian University

Abstract. *The composition and prospective metabolic activity of cecal microbiota in laying hens with different reproductive longevity were comparatively studied. 120 Hisex Brown layers were allotted to two treatments, with conditionally high (treatment 1) and low (treatment 2) reproductive longevity. At the start of the peak of egg production cecal chymus was sampled from 3 birds per treatment and analyzed by genome-wide new-generation sequencing of microbial 16S rRNA. The analysis revealed the significant ($p<0.05$) prevalence of phylum Firmicutes (82.3±4.5%) in treatment 2 as compared to treatment 1 (76.6±4.2%) while concentration of Lactobacillaceae involving lactic acid producing species in treatment 1 was 1.5-fold higher ($p<0.05$) as compared to treatment 2. Prognosticated metabolic superpathway of L-methionine biosynthesis in the microbiota of treatment 1 was 1.3-fold more intense ($p<0.05$) as compared to treatment 2, superpathway of chorismate metabolism 1.4-fold more intense ($p<0.05$). These results can be useful for future research aimed at the optimization of the composition of intestinal microbiome to improve productive performance and longevity in layers.*

Keywords: *laying hens, reproductive longevity, microbiome, ceca, probiotics.*

For Citation: *Laptev G.Y., Tiurina D.G., Yildyrym E.A., Filippova V.A., Ilyina L.A., Novikova N.I., Sokolova K.A., Gorfunkel E.P., Savicheva A.A., Ponomareva E.S., Zaikin V.A., Morozov V.Y. (2025) Differences in the composition and metabolic activity of cecal microbiota in laying hens with different reproductive longevity. Ptitsevodstvo,* ***74****(10): 00-00. (in Russ.)*
doi: 10.33845/0033-3239-2025-74-10-00-00

(For references see above)

Authors:

Laptev G.Y.: Dr. of Biol. Sci., General Director; laptev@biotrof.ru. **Tiurina D.G.:** Cand. of Econ. Sci., Senior Biotechnologist; tiurina@biotrof.ru. **Yildyrym E.A.:** Dr. of Biol. Sci., Chief Biotechnologist[1], Prof. of Dept. of Large Animals[2]; deniz@biotrof.ru. **Filippova V.A.:** Biotechnologist[1], Head of Lab. of Dept. of Large Animals[2]; filippova@biotrof.ru. **Ilyina L.A.:** Dr. of Biol. Sci., Head of Lab.[1], Assoc. Prof. of Dept. of Large Animals[2]; ilina@biotrof.ru. **Novikova N.I.:** Cand. of Biol. Sci., Deputy Director; novikova@biotrof.ru. **Sokolova K.A.:** Biotechnologist; kseniya.k.a@biotrof.ru. **Gorfunkel E.P.:** Biotechnologist; alenkafev@mail.ru. **Savicheva A.A.:** Biotechnologist; sava@biotrof.ru. **Ponomareva E.S.:** Biotechnologist; kate@biotrof.ru. **Zaikin V.A.:** Biotechnologist; dfcxsti@gmail.com. **Morozov V.Y.:** Dr. of Vet. Sci., Prof., Rector; supermoroz@mail.ru.

Submitted 04.08.2025; revised 02.09.2025; accepted 21.09.2025.

© Лаптев Г.Ю., Тюрина Д.Г., Йылдырым Е.А., Филиппова В.А., Ильина Л.А., Новикова Н.И., Соколова К.А., Горфункель Е.П., Савичева А.А., Пономарева Е.С., Заикин В.А., Морозов В.Ю., 2025