

УДК: 579.62

DOI:10.52419/issn2072-2419.2025.2.20

АНАЛИЗ ОТНОСИТЕЛЬНОГО СОДЕРЖАНИЯ ПРОБИОТИЧЕСКИХ БАКТЕРИЙ В КИШЕЧНИКЕ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ С ПОМОЩЬЮ ГЕНЕТИЧЕСКИХ МЕТОДОВ

Сыромятников М.Ю.^{1*} – канд. биол. наук, доц., вед. науч. сотр. (ORCID 0000-0001-9028-0613); Нестерова Е.Ю.¹ – мл. науч. сотр. (ORCID 0000-0003-0918-3547); Гладких М.И.¹ – мл. науч. сотр. (ORCID 0000-0003-1173-1565); Михайлов Е.В.² – канд. ветеринар. наук, вед. науч. сотр. (ORCID 0000-0001-5457-1325); Корнеева О.С.¹ – д-р биол. наук, профессор (ORCID 0000-0066-0281-5904)

¹ ФГБОУ ВО «Воронежский государственный университет инженерных технологий»

² ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский ветеринарный институт патологии, фармакологии и терапии» (ФГБНУ «ВНИВИПФиТ»)

* mihan.vrn@mail.ru

Ключевые слова: пробиотические бактерии, кишечник, куры, свиньи, коровы, генетические методы.

Key words: probiotic bacteria, gut, chickens, pigs, cows, genetic methods.

Финансирование: Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-24-20036, <https://rscf.ru/project/24-24-20036/>

Поступила: 10.03.2025

Принята к публикации: 06.06.2025

Опубликована онлайн: 20.06.2025



РЕФЕРАТ

Пробиотики представляют собой микроорганизмы, которые обладают полезными свойствами, способными оказывать благоприятное воздействие на организм-хозяина. Куры, свиньи и крупнорогатый скот представляют собой самых распространенных сельскохозяйственных животных по всему миру. В связи с этим поддержание микробного баланса кишечника является важной задачей для ветеринарии. Ранее было установлено, что для представителей родов *Lactobacillus* и *Bifidobacterium* доказана пробиотическая эффективность, а *Akkermansia* и *Faecalibacterium* рассматриваются как пробиотики нового поколения. Целью работы является сравнительный анализ кишечного микробиома кур, свиней и крупного рогатого скота на наличие и относительное содержание в нем пробиотических микроорганизмов. Первоначально было показано превалирование филумов бактерий Bacteroides, Firmicutes и Actinobacteria в кишечнике всех исследованных сельскохозяйственных животных. Самым распространенным филумом, выделенным из образцов фекалий кур, оказался филум Firmicutes, в кишечном микробиоме коров и свиней доминировал филум Bacteroides. При анализе относительного содержания протеобактерий было установлено, что кишечный микробиом коров представлен бактериями классов Betaproteobacteria и Epsilonproteobacteria, а у свиней практически исключительно классом Epsilonproteobacteria. В пробах, полученных от свиней, поросят и кур, установлено доминирование бактерий рода

Lactobacillus над *Bifidobacterium*. Одновременное наличие пробиотических бактерий нового поколения – *Faecalobacterium prausnitzii* и *Akkermansia muciniphila* идентифицированы только в образцах фекалий, полученных от коров, при этом относительная численность бактерий *Akkermansia muciniphila* в 50,0 раз превышала число *Faecalobacterium prausnitzii* в образцах. В фекалиях свиней была идентифицирована бактерия *Faecalobacterium prausnitzii*, а в фекалиях кур *Akkermansia muciniphila*. Примечательно, что у поросят возрастом 5-10 суток не было выявлено наличие пробиотиков нового поколения в кишечнике.

ВВЕДЕНИЕ / INTRODUCTION

Пробиотики представляют собой микроорганизмы, которые обладают уникальными свойствами, способными оказывать благоприятное воздействие на организм хозяина [1]. В результате изучения особенностей жизнедеятельности полезных микроорганизмов кишечного тракта животных и человека было установлено, что некоторые представители родов *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Saccharomyces*, *Enterococcus*, *Streptococcus*, *Pediococcus*, *Leuconostoc*, *Bacillus* и *Escherichia* обладают пробиотическими свойствами [2]. Самыми распространенными бактериями-пробиотиками принято считать штаммы бактерий родов *Lactobacillus* и *Bifidobacterium* [3]. Они способны влиять на микробное соотношение кишечного тракта, активировать иммунную систему организма и оказывать антагонистическое воздействие на патогенную микрофлору [4].

Совершенствование методов исследования микробиома кишечника позволило выявить и другие штаммы бактерий с пробиотическим потенциалом [5]. Такие микроорганизмы получили название пробиотики нового поколения. К ним относят *Akkermansia muciniphila*, *Faecalibacterium prausnitzii*, *Prevotella copri*, *Parabacteroides goldsteinii* и некоторые другие [6]. Установлено, что новые пробиотические агенты способны оказывать прямое воздействие на биохимические и физиологические показатели организма. Например, регулировать индекс массы тела, влиять на резистентность к инсулину, а также сокращать воспалительные процессы в кишечном тракте [7]. В связи с этим пробиотические препараты активно внедряются в сферы здравоохранения и ветери-

нарии, являясь безопасной альтернативой синтетических фармацевтических препаратов и антибиотиков.

Куры, свиньи и крупный рогатый скот – самые распространенные сельскохозяйственные животные по всему миру [8]. Здоровье поголовья зависит от множества факторов, однако, состояние кишечного микробиома, зачастую становится определяющим. В связи с этим поддержание микробного баланса кишечника является важной задачей для ветеринарии. Так, например, дисбиоз кишечника кур может приводить к инфицированию птицы патогеном *Salmonella enterica* [9]. При этом включение в рацион пробиотических микроорганизмов позволяет сокращать заражение патогенными бактериями, в том числе и сальмонеллой [10]. Известно исследование, в котором доказано влияние кишечной микробиоты свиней разных пород на формирование защитной функции эпителия кишечника [11]. А секретируемая кишечной микрофлорой урсодезоксихолевая кислота способствует сокращению колик у телят, влияя на гомеостаз желудочно-кишечного тракта [12].

В настоящее время отсутствуют литературные данные о сравнительном анализе кишечного микробиома сельскохозяйственных животных (куры, коровы, свиньи) по относительному содержанию как классических пробиотических бактерий, так и пробиотиков нового поколения. В связи с этим целью работы является сравнительный скрининг кишечного микробиома кур, свиней и крупного рогатого скота на наличие и относительное содержание в нем пробиотических микроорганизмов.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ / MATERIALS AND METHODS

В качестве объекта исследования выступали 90 образцов свежесобраных фекалий от клинически здоровых коров (n=30), кур (n=30) и свиней (n=30). При исследовании содержимого кишечника коров и свиней использовали микробиоту телят возрастом 3-10 суток (n=10) и коров возрастом 2-2,5 года (n=20), а также поросят возрастом 5-10 суток (n=10) и свиней на откорме возрастом 100-120 суток (n=20).

ДНК из отобранных в стерильных условиях фекалий экстрагировали коммерчески доступным набором Проба-ГС (ДНК-технология, Россия). ПЦР-анализ проводили на приборе «Bio-Rad CFX96» с добавлением красителя SYBR Green. В пробирке объемом 0,2 мл смешивались следующие компоненты: деионизированная вода – 12 мкл; ДНК – 2 мкл; смесь праймеров – 2 мкл; 5X qPCRmix-HS SYBR+LowROX реакционная смесь (Евроген, Россия) – 4 мкл. Был использован следующий температурный цикл: первоначальный прогрев при 95 °C – 2 мин; 38 циклов вида: денатурация при 95 °C в течение 30 сек; отжиг праймеров при 56 °C в течение 30 сек; элонгация цепи при 72 °C в течение 40 сек. Для анализа филумов и классов бактерий использовали праймеры согласно Yun-Wen Yang, 2015 [13]. Для анализа относительного содержания бактерий родов *Lactobacillus* и *Bifidobacterium* использовали ранее опубликованные праймеры [14,15]. Для исследования относительного содержания *Akkermansia muciniphila* и *Faecalibacterium prausnitzii* использовали самостоятельно разработанные праймеры. При расчете относительного содержания бактерий с помощью параметра $2^{-\Delta C_t}$ проводили нормализацию к гену 16S rRNA в качестве референсного.

РЕЗУЛЬТАТЫ / RESULTS

Оценка кривых флуоресценции, полученных в результате амплификации образцов со специфичными к филумам бактерий праймерами, позволила произвести анализ биоразнообразия филумов в ки-

шечном тракте сельскохозяйственных животных различных групп (рисунок 1).

Было установлено, что доминирующими филумами бактерий оказались Bacteroides, Firmicutes и Actinobacteria. При этом необходимо отметить, что представители Actinobacteria, в который входят представители рода *Bifidobacterium*, реже других бактерий встречались в данной выборке. Их процентное соотношение во всех исследуемых группах сельскохозяйственных животных варьировала в пределах 1,39-3,45%. Самым распространенным филумом в образцах кала кур оказался Firmicutes (96,48%), что было выше в 2,34 раза и 2,96 раза по сравнению с содержанием этого филума в фекалиях коров и свиней. Известно, что к этому филуму относятся пробиотические бактерии рода *Lactobacillus*. Интересно, что представители филума Bacteroides не были идентифицированы в образцах экскрементов кур. В кишечном микробиоме коров и свиней филум Bacteroides преобладал над Firmicutes. Так, например, содержание Bacteroides в группе свиней составляло 65,40%, а Firmicutes – 32,60%.

Также была проведена оценка обогащенности образцов фекалий, полученных от кур, коров и свиней классами протеобактерий, которые включают в себя множество условно-патогенных бактерий. Установлено, что кишечный микробиом коров был представлен бактериями классов Betaproteobacteria и Epsilonproteobacteria. При этом в образцах фекалий, полученных от свиней, был обнаружен только филум Epsilonproteobacteria и следы Gammaproteobacteria (рисунок 2).

В таблице 1 представлены относительные значения распространенности филумов Deferobacteria, Saccharomycetes, Tenericutes и Verrucomicrobia в образцах фекалий кур, коров и свиней. Установлено, что представители типа Deferobacteria выявлены только в кишечном микробиоме свиней (0,005±0,003%). При этом бактерии филумов Tenericutes и Verrucomicrobia повсеместно распространены во всех исследуемых группах сельскохозяйственных животных, однако, в образцах

кала коров значение относительного содержания Verrucomicrobia было наибольшим в выборке и составило $3,897 \pm 3,892\%$. Класс Saccharomycetes был идентифицирован только в образцах, по-

лученных от коров ($2,733 \pm 2,632\%$) и свиной ($0,076 \pm 0,034\%$). Кишечный микробиом свиной содержал в своем составе представителей всех четырех филумов.

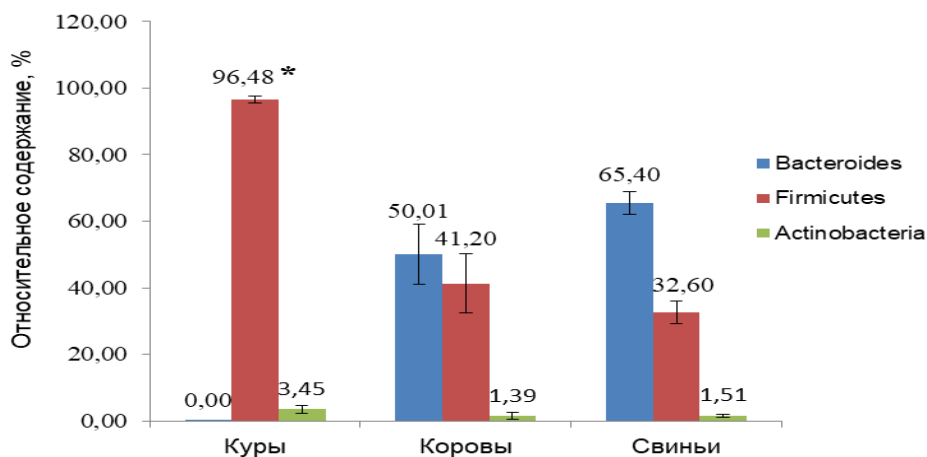


Рисунок 1 – Распространенность филумов в кишечном микробиоме животных различных групп. * различия с группой «Коровы» и «Свины» статистически достоверное ($p < 0,05$).

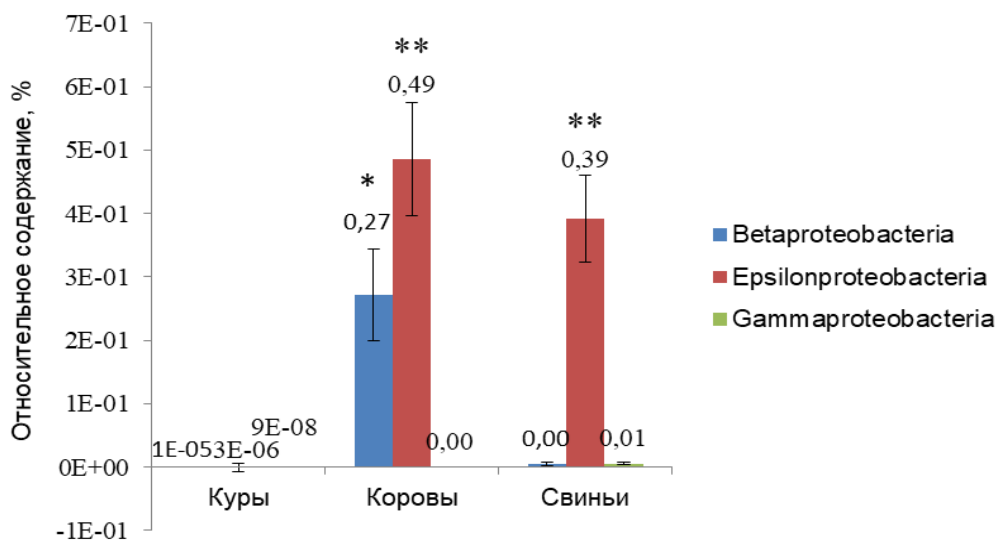


Рисунок 2 – Распространенность классов протеобактерий в кишечном микробиоме сельскохозяйственных животных различных групп. * различия с группой «Куры» статистически достоверное ($p < 0,01$); ** различия с группой «Куры» статистически достоверное ($p < 0,001$).

Таблица 1 – Распространенность филумов бактерий в кишечном микробиоме сельскохозяйственных животных

Типы	Куры	Коровы	Свиньи
Deferobacteria	-	-	0,005±0,003%
Saccharomycetes	-	2,733±2,632%	0,076±0,034%
Tenericutes	0,006±0,002%	0,003±0,002%	0,007±0,003%
Verrucomicrobia	0,001±0,0005%	3,897±3,892%	0,001±0,0004%

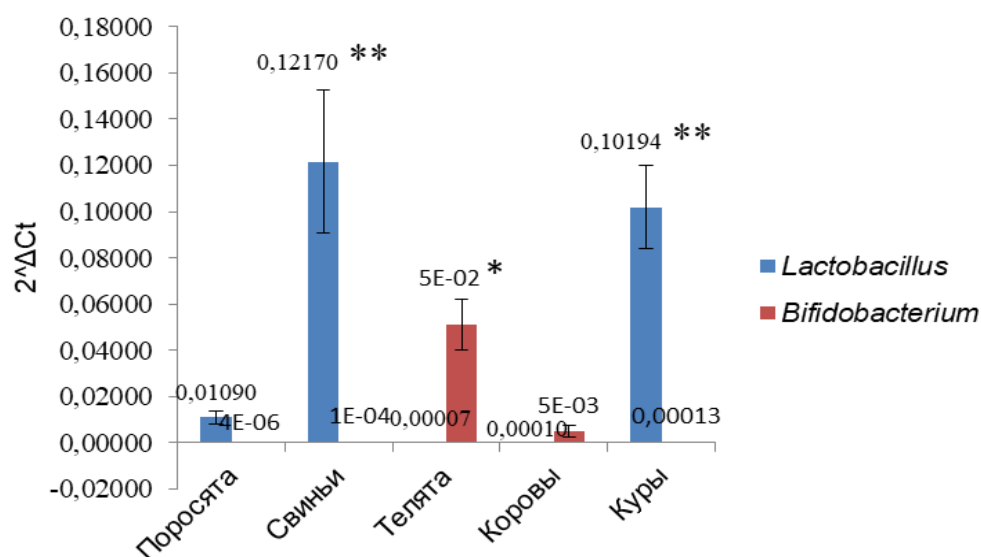


Рисунок 3 – Сравнительная диаграмма содержания бактерий рода *Lactobacillus* и *Bifidobacterium* в образцах фекалий животных различных групп. * различия с группой «Поросята», «Свиньи», «Коровы», «Куры» статистически достоверное ($p < 0,01$); ** различия с группой «Поросята», «Телята», «Коровы» статистически достоверное ($p < 0,01$).

В результате анализа кривых флуоресценции и расчета параметра $2^{-\Delta C_t}$ удалось выявить относительную обильность бактерий родов *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Faecalobacterium prausnitzii* и *Akkermansia muciniphila* в фекалиях здоровых свиней, кур и коров.

На рисунке 3 представлена сравнительная диаграмма содержания бактерий рода *Lactobacillus* и *Bifidobacterium* в образцах фекалий животных различных

групп. В фекалиях от свиней, поросят и кур установлено доминирование бактерий рода *Lactobacillus* над *Bifidobacterium*. При этом наименьшие значения в относительном количестве этих бактерий были характерны для поросят. Так, значения $2^{-\Delta C_t}$ для лактобактерий из кишечника поросят был в 11,2 раз ниже этого показателя у свиней и в 9,6 раз у кур. Примечательно, что кишечный микробиом коров и телят в отличие от свиней, поросят и кур

был обогащен представителями рода *Bifidobacterium*.

В ходе проведенного анализа было установлено, что пробиотические бактерии нового поколения *Faecalobacterium prausnitzii* и *Akkermansia muciniphila* идентифицированы только в образцах фекалий, полученных от коров (таблица 2). При этом численность бактерий рода *Akkermansia muciniphila* в 50,0 раз превыша-

ло число *Faecalobacterium prausnitzii* в образцах.

В пробах фекалий, полученных от кур, телят и свиней, *Faecalobacterium prausnitzii* не были идентифицированы. В кишечном микробиоме взрослых свиней представители *Faecalobacterium prausnitzii* и *Akkermansia muciniphila* обнаружены не были.

Таблица 2 – Распространенность *Faecalobacterium prausnitzii* и *Akkermansia muciniphila* в кишечном микробиоме сельскохозяйственных животных

Группы животных		2 ^{ΔCt}	
		<i>Akkermansia muciniphila</i>	<i>Faecalobacterium prausnitzii</i>
Куры		0,031±0,031	-
Коровы	Телята	0,111±0,058*	-
	Стельные Коровы	0,005±0,004	0,0001±0,0001
Свиньи	Поросята	-	0,0006±0,0004
	Свиньи откорм	-	-

Примечание: * различия с группой «Поросята» и «Свиньи откорм» статистически достоверное ($p < 0,01$).

ВЫВОДЫ / CONCLUSION

В результате сравнительного скрининга кишечного микробиома кур, свиней и коров было установлено превалирование филумов Bacteroides, Firmicutes и Actinobacteria. Самым распространенным филумом в образцах фекалий кур оказался Firmicutes, в кишечном микробиоме коров и свиней доминировал Bacteroides. Анализ параметра 2^{-ΔCt} позволил выявить относительное содержание пробиотических бактерий *Lactobacillus spp.*, *Bifidobacterium spp.*, *Faecalobacterium prausnitzii* и *Akkermansia muciniphila*. В фекалиях, полученных от свиней, поросят и кур, установлено доминирование бактерий рода *Lactobacillus* над *Bifidobacterium*. Одновременное

наличие двух бактерий *Faecalobacterium prausnitzii* и *Akkermansia muciniphila* идентифицировано только в образцах фекалий, полученных от коров, при этом численность бактерий *Akkermansia muciniphila* в 50,0 раз превышало число *Faecalobacterium prausnitzii* в исследуемых образцах. В фекалиях свиней была идентифицирована бактерия *Faecalobacterium prausnitzii*, а в фекалиях кур *Akkermansia muciniphila*. У поросят не было выявлено наличие пробиотических бактерий нового поколения. Таким образом, необходимо учитывать присутствие новых пробиотических агентов в микробиоме кишечника сельскохозяйственных животных для разработки терапий на основе

этих бактерий, а также при изоляции пробиотических бактерий из кишечника с целью создания коммерческих пробиотиков.

ANALYSIS OF THE RELATIVE CONTENT OF PROBIOTIC BACTERIA IN THE GUT OF FARM ANIMALS USING GENETIC METHODS

Syromyatnikov M.Yu.^{1*} – PhD in Biological Sciences, Associate Professor, Leading Researcher (ORCID 0000-0001-9028-0613); **Nesterova E.Yu.**¹ – Junior Researcher (ORCID 0000-0003-0918-3547); **Gladikh M.I.**¹ – Junior Researcher (ORCID 0000-0003-1173-1565); **Mikhaylov E.V.**² – PhD in Veterinary Sciences, Leading Researcher (ORCID 0000-0001-5457-1325); **Korneeva O.S.**¹ – PhD in Biological Sciences, Professor (ORCID 0000-0066-0281-5904)

¹ Voronezh State University of Engineering Technology

² All-Russian Veterinary Research Institute of Pathology, Pharmacology and Therapy

* mihan.vrn@mail.ru

Financing: The research was carried out at the expense of a grant from the Russian Science Foundation No. 24-24-20036, <https://rscf.ru/project/24-24-20036/>

ABSTRACT

Probiotics are microorganisms that have beneficial properties that can have beneficial effects on the host organism. Chickens, pigs, and cattle are the most common farm animals around the world. In this regard, maintaining the microbial balance of the gut is an important task for veterinary medicine. It was previously established that probiotic efficacy has been proven for representatives of the genera *Lactobacillus* and *Bifidobacterium*, and *Akkermansia* and *Faecalibacterium* are considered as probiotics of a new generation. The aim of the work is a comparative analysis of the gut microbiome of chickens, pigs and cattle for the presence and relative content of probiotic microorganisms

in it. Initially, the prevalence of phylum Bacteroides, Firmicutes, and Actinobacteria in the faeces of all the farm animals studied was shown. The Firmicutes phylum turned out to be the most widespread phylum isolated from chicken fecal samples, while the Bacteroides phylum dominated the gut microbiome of cows and pigs. When analyzing the relative content of proteobacteria, it was found that the intestinal microbiome of cows is represented by bacteria of the classes Betaproteobacteria and Epsilonproteobacteria, and in pigs almost exclusively by the class Epsilonproteobacteria. In the samples obtained from pigs, piglets and chickens, the dominance of bacteria of the genus *Lactobacillus* over *Bifidobacterium* was established. The simultaneous presence of probiotic bacteria of a new generation, *Faecalobacterium prausnitzii* and *Akkermansia muciniphila*, was identified only in faecal samples obtained from cows, while the relative abundance of bacteria *Akkermansia muciniphila* was 50.0 times higher than the number of *Faecalobacterium prausnitzii* in the samples. The bacterium *Faecalobacterium prausnitzii* was identified in pig faeces, and *Akkermansia muciniphila* was identified in chicken faeces. It is noteworthy that the presence of new generation probiotics in the intestines was not detected in piglets aged 5-10 days.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Gupta, V. Probiotics / V. Gupta, R. Garg // Indian Journal of Medical Microbiology. – 2009. – Vol. 27, № 3. – P. 202-209. – DOI 10.4103/0255-0857.53201.
2. Fijan, S. Microorganisms with claimed probiotic properties: an overview of recent literature / S. Fijan // International Journal of Environmental Research and Public Health. – 2014. – Vol. 11, № 5. – P. 4745-5767. – DOI 10.3390/ijerph110504745.
3. Ouwehand, A. C. Probiotic approach to prevent antibiotic resistance / A. C. Ouwehand, S. Forssten, A. A. Hibberd, A. Lyra, B. Stahl // Annals of Medicine. – 2016. – Vol. 48, № 4. – P. 246-55. – DOI 10.3109/07853890.2016.1161232.
4. Ogata, T. Effect of *Bifidobacterium longum* BB536 administration on the intesti-

- nal environment, defecation frequency and fecal characteristics of human volunteers / T. Ogata, T. Nakamura, K. Anjitsu, T. Yaeshima, S. Takahashi, Y. Fukuwatari, N. Ishibashi, H. Hayasawa, T. Fujisawa, H. Iino // *Bioscience and Microflora*. – 1997. – Vol. 16, № 2. – P. 53-58.
5. Tlaskalova-Hogenova, H. The role of gut microbiota (commensal bacteria) and the mucosal barrier in the pathogenesis of inflammatory and autoimmune diseases and cancer: contribution of germ-free and gnotobiotic animal models of human diseases / H. Tlaskalova-Hogenova, R. Stepankova, H. Kozakova, T. Hudcovic, L. Vannucci, L. Tuckova, P. Rossmann, T. Hrnecir, M. Kverka, Z. Zakostelska, K. Klimesova, J. Pribylova, J. Bartova, D. Sanchez, P. Fundova, D. Borovska, D. Srutkova, Z. Zidek, M. Schwarzer, P. Drastich, D. P. Funda // *Cellular and Molecular Immunology*. – 2011. – Vol. 8, № 2. – P. 110-120. – DOI 10.1038/cmi.2010.67.
6. Chang, C. J. Next generation probiotics in disease amelioration / C. J. Chang, T. L. Lin, Y. L. Tsai, T. R. Wu, W. F. Lai, C. C. Lu, H. C. Lai // *Journal of Food and Drug Analysis*. – 2019. – Vol. 27, № 3. – P. 615-622. – DOI 10.1016/j.jfda.2018.12.011.
7. Duncan, S. H. Growth requirements and fermentation products of *Fusobacterium prausnitzii*, and a proposal to reclassify it as *Faecalibacterium prausnitzii* gen. nov., comb. nov. / S. H. Duncan, G. L. Hold, H. J. Harmsen, C. S. Stewart, H. J. Flint // *The International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. – 2002. – Vol. 52. – P. 2141-2146. – DOI 10.1099/00207713-52-6-2141.
8. Wang, X. M. Plasmids of diverse inc groups disseminate the fosfomycin resistance gene *fosa3* among *Escherichia coli* isolates from pigs, chickens, and dairy cows in northeast China / X. M. Wang, Z. Dong, S. Schwarz, Y. Zhu, X. Hua, Y. Zhang, S. Liu, W. J. Zhang // *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*. – 2017. – Vol. 61, № 9. – P. e00859-17. – DOI 10.1128/AAC.00859-17.
9. Berchieri, A. Jr. Observations on the persistence and vertical transmission of *Salmonella enterica* serovars Pullorum and Gallinarum in chickens: effect of bacterial and host genetic background / A. Jr. Berchieri, C. K. Murphy, K. Marston, P. A. Barrow // *Avian Pathology*. – 2001. – Vol. 30. – P. 221-231. – DOI 10.1080/03079450120054631.
10. Khan, S. The gut microbiota of laying hens and its manipulation with prebiotics and probiotics to enhance gut health and food safety / S. Khan, R. J. Moore, D. Stanley, K. K. Chousalkar // *Applied and Environmental Microbiology*. – 2020. – Vol. 86, № 13. – P. e00600-20. – DOI 10.1128/AEM.00600-20.
11. Hu, J. Gut microbiota-derived 3-phenylpropionic acid promotes intestinal epithelial barrier function via AhR signaling / J. Hu, J. Chen, X. Xu, Q. Hou, J. Ren, X. Yan // *Microbiome*. – 2023. – Vol. 11, № 1. – 102 p. – DOI 10.1186/s40168-023-01551-9.
12. He, Z. Gut microbiota-derived ursodeoxycholic acid from neonatal dairy calves improves intestinal homeostasis and colitis to attenuate extended-spectrum β -lactamase-producing enteroaggregative *Escherichia coli* infection / Z. He, Y. Ma, S. Yang, S. Zhang, S. Liu, J. Xiao, Y. Wang, W. Wang, H. Yang, S. Li, Z. Cao // *Microbiome*. – 2022. – Vol. 10, № 1. – 79 p. – DOI 10.1186/s40168-022-01269-0.
13. Yang, Y. W. Use of 16S rRNA gene-targeted group-specific primers for real-time PCR analysis of predominant bacteria in mouse feces / Y. W. Yang, M. K. Chen, B. Y. Yang, X. J. Huang, X. R. Zhang, L. Q. He, J. Zhang, Z. C. Hua // *Applied and Environmental Microbiology*. – 2015. – Vol. 81, № 19. – P. 6749-56. DOI 10.1128/AEM.01906-15.
14. Wise, M. G. Quantitative analysis of the intestinal bacterial community in one- to three-week-old commercially reared broiler chickens fed conventional or antibiotic-free vegetable-based diets / M. G. Wise, G. R. Siragusa // *Journal of Applied Microbiology*. – 2007. – Vol. 102, № 4. – P. 1138-49. doi: 10.1111/j.1365-2672.2006.03153.x.
15. Steed, H. Bacterial translocation in cirrhosis is not caused by an abnormal small bowel gut microbiota / H. Steed, G. T. Macfarlane, K. L. Blackett, S. Macfarlane,

M. H. Miller, B. Bahrami, J. F. Dillon // FEMS Immunology and Medical Microbiology. – 2011. – Vol. 63, № 3. – P. 346-54. DOI 10.1111/j.1574-695X.2011.00857.x.

REFERENCES

1. Gupta, V. Probiotics / V. Gupta, R. Garg // Indian Journal of Medical Microbiology. 2009;27(3):202-209. – DOI 10.4103/0255-0857.53201.
2. Fijan, S. Microorganisms with claimed probiotic properties: an overview of recent literature / S. Fijan // International Journal of Environmental Research and Public Health. 2014;11(5):4745-5767. – DOI 10.3390/ijerph110504745.
3. Ouwehand, A. C. Probiotic approach to prevent antibiotic resistance / A. C. Ouwehand, S. Forssten, A. A. Hibberd, A. Lyra, B. Stahl // Annals of Medicine. 2016;48(4):246-55. – DOI 10.3109/07853890.2016.1161232.
4. Ogata, T. Effect of Bifidobacterium longum BB536 administration on the intestinal environment, defecation frequency and fecal characteristics of human volunteers / T. Ogata, T. Nakamura, K. Anjitsu, T. Yaeshima, S. Takahashi, Y. Fukuwatari, N. Ishibashi, H. Hayasawa, T. Fujisawa, H. Iino // Bioscience and Microflora. 1997;16(2):53-58.
5. Tlaskalova-Hogenova, H. The role of gut microbiota (commensal bacteria) and the mucosal barrier in the pathogenesis of inflammatory and autoimmune diseases and cancer: contribution of germ-free and gnotobiotic animal models of human diseases / H. Tlaskalova-Hogenova, R. Stepankova, H. Kozakova, T. Hudcovic, L. Vannucci, L. Tuckova, P. Rossmann, T. Hrnčíř, M. Kverka, Z. Zakostelská, K. Klimesova, J. Pribylova, J. Bartova, D. Sanchez, P. Fundova, D. Borovska, D. Srutkova, Z. Zidek, M. Schwarzer, P. Drastich, D. P. Funda // Cellular and Molecular Immunology. 2011;8(2):110-120. – DOI 10.1038/cmi.2010.67.
6. Chang, C. J. Next generation probiotics in disease amelioration / C. J. Chang, T. L. Lin, Y. L. Tsai, T. R. Wu, W. F. Lai, C. C. Lu, H. C. Lai // Journal of Food and Drug Analysis. 2019;27(3):615-622. – DOI 10.1016/j.jfda.2018.12.011.
7. Duncan, S. H. Growth requirements and fermentation products of *Fusobacterium prausnitzii*, and a proposal to reclassify it as *Faecalibacterium prausnitzii* gen. nov., comb. nov. / S. H. Duncan, G. L. Hold, H. J. Harmsen, C. S. Stewart, H. J. Flint // The International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. 2002;52:2141-2146. – DOI 10.1099/00207713-52-6-2141.
8. Wang, X. M. Plasmids of diverse inc groups disseminate the fosfomycin resistance gene *fosa3* among *Escherichia coli* isolates from pigs, chickens, and dairy cows in northeast China / X. M. Wang, Z. Dong, S. Schwarz, Y. Zhu, X. Hua, Y. Zhang, S. Liu, W. J. Zhang // Antimicrobial Agents and Chemotherapy. 2017;61(9):e00859-17. – DOI 10.1128/AAC.00859-17.
9. Berchieri, A. Jr. Observations on the persistence and vertical transmission of *Salmonella enterica* serovars Pullorum and Gallinarum in chickens: effect of bacterial and host genetic background / A. Jr. Berchieri, C. K. Murphy, K. Marston, P. A. Barrow // Avian Pathology. 2001;30:221-231. – DOI 10.1080/03079450120054631.
10. Khan, S. The gut microbiota of laying hens and its manipulation with prebiotics and probiotics to enhance gut health and food safety / S. Khan, R. J. Moore, D. Stanley, K. K. Chousalkar // Applied and Environmental Microbiology. 2020;86(13):e00600-20. – DOI 10.1128/AEM.00600-20.
11. Hu, J. Gut microbiota-derived 3-phenylpropionic acid promotes intestinal epithelial barrier function via AhR signaling / J. Hu, J. Chen, X. Xu, Q. Hou, J. Ren, X. Yan // Microbiome. 2023;11(1):102. – DOI 10.1186/s40168-023-01551-9.
12. He, Z. Gut microbiota-derived ursodeoxycholic acid from neonatal dairy calves improves intestinal homeostasis and colitis to attenuate extended-spectrum β -lactamase-producing enteroaggregative *Escherichia coli* infection / Z. He, Y. Ma, S. Yang, S. Zhang, S. Liu, J. Xiao, Y. Wang, W. Wang, H. Yang, S. Li, Z. Cao // Microbiome. 2022;10(1):79. – DOI 10.1186/s40168-022-01269-0.
13. Yang, Y. W. Use of 16S rRNA gene-

targeted group-specific primers for real-time PCR analysis of predominant bacteria in mouse feces / Y. W. Yang, M. K. Chen, B. Y. Yang, X. J. Huang, X. R. Zhang, L. Q. He, J. Zhang, Z. C. Hua // *Applied and Environmental Microbiology*. 2015;81(19):6749-56. – DOI 10.1128/AEM.01906-15.

14. Wise, M. G. Quantitative analysis of the intestinal bacterial community in one- to three-week-old commercially reared broiler chickens fed conventional or antibiotic-free vegetable-based diets / M. G. Wise, G. R.

Siragusa // *Journal of Applied Microbiology*. 2007;102(4):1138-49. – DOI 10.1111/j.1365-2672.2006.03153.x.

15. Steed, H. Bacterial translocation in cirrhosis is not caused by an abnormal small bowel gut microbiota / H. Steed, G. T. Macfarlane, K. L. Blackett, S. Macfarlane, M. H. Miller, B. Bahrami, J. F. Dillon // *FEMS Immunology and Medical Microbiology*. 2011;63(3):346-54. – DOI 10.1111/j.1574-695X.2011.00857.x.