

## Влияние пробиотика *Bacillus subtilis* GM5 на бактериальное сообщество слепой кишки цыплят-бройлеров Кобб-500

Научный руководитель – Марданова Айслу Миркасымовна

Николаева А.А.<sup>1</sup>, Лутфуллина Г.Ф.<sup>2</sup>

1 - Казанский (Приволжский) федеральный университет, Институт фундаментальной медицины и биологии, Кафедра микробиологии, Казань, Россия, E-mail: azazel1212@rambler.ru;

2 - Казанский (Приволжский) федеральный университет, Институт фундаментальной медицины и биологии, Кафедра микробиологии, Казань, Россия, E-mail: g.h95@mail.ru

Микробиота желудочно-кишечного тракта влияет на метаболизм и физиологию цыплят-бройлеров. Наибольшее ее разнообразие представлено в слепых отделах кишечника. Модуляция кишечной микрофлоры является одним из способов повышения продуктивности бройлеров. Положительное влияние пробиотиков позволяет улучшить качественные характеристики продукции, повышает усвояемость кормов и ингибирует развитие патогенных инфекций за счет антагонистической активности и продукции комплекса антимикробных метаболитов.

Целью работы было изучение влияния пробиотической добавки на основе спор *Bacillus subtilis* GM5 на структуру бактериальной микробиоты слепой кишки бройлеров.

Из 1-сут цыплят кросса Кобб-50 были сформированы контрольная (n=30) и опытная группы (n=30). В рационе цыпленка получали стандартные для каждого возраста комбикорма: Стартер, Рост и Финишер. Опытная группа получала комбикорм с добавлением суспензии спор *B. subtilis* GM5 в концентрации  $1 \times 10^7$  КОЕ/г корма. После уоя на 35 сутки образцы содержимого слепой кишки цыплят отбирались в стерильные фальконы. Общая геномная ДНК была выделена из 0.5 г содержимого слепой кишки каждого отдельного цыпленка с использованием коммерческого набора QIAamp Fast DNA Stool Mini (QIAGEN, Германия), согласно протоколу. 16S ампликонный метагеномный анализ проводили с помощью высокопроизводительного секвенатора на платформе Illumina MiSeq (США). Анализ данных секвенирования проводили в программе «QIIME» версии 1.5.0.

Сравнительный метагеномный анализ структуры бактериальной микробиоты слепого кишечника цыплят-бройлеров показал доминирование представителей филума *Firmicutes* и *Bacteroidetes*, доля которых составляет до 78.8-89.8%. Применение пробиотика приводило к повышению доли *Bacteroidetes* (60.8%) относительно контрольной группы (29%). В опытной группе отмечали уменьшение доли представленности *Firmicutes* (19.8%) по сравнению с контрольной группой (59%). В тоже время наблюдали увеличение численности *Proteobacteria* и *Verrucomicrobia*: в опытной группе доли этих филумов составляли 5.6% и 6.6%, в то время как в контроле - 0.7% и 0% соответственно.

Анализ состава микробиоты на уровне семейства показал увеличение представленности *Bacteroidaceae* в опытной группе (46.4%) в сравнении с контролем (19.5%). Показано снижение представленности семейства *Ruminococcaceae* в опытной группе (9.4%) в сравнении с контролем (33.6%). В микробиоте опытной группы повышалась доля *Lactobacillaceae* 0.1% до 0.4%. Применение пробиотика *B. subtilis* GM5 также приводило к достоверному повышению доли представителей семейств *Desulfovibrionaceae*, *Campylobacteraceae*, *Verrucomicrobiaceae* и *Rikenellaceae*.

Таким образом, применение пробиотика *B. subtilis* GM5 приводило к увеличению микробного разнообразия в слепых отростках желудочно-кишечного тракта цыплят. Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ 20-34-90130.