

<https://doi.org/10.30766/2072-9081.2025.26.2.388-395>

УДК 619:636.4:612.336.3

Структура микробиоты толстой кишки молодняка свиней в норме и при патологии желудочно-кишечного тракта

© 2025. А. В. Филатов^{1,2}✉, А. В. Минин³, С. В. Николаев²¹ФГБОУ ВО «Вятский государственный агротехнологический университет», г. Киров, Российская Федерация,²Институт агробиотехнологий имени А. В. Журавского Коми научного центра УрО РАН, г. Сыктывкар, Российская Федерация,³ООО «Сима», г. Ижевск, Российская Федерация

Болезни органов пищеварения у животных в условиях промышленной технологии свинины имеют широкое распространение во всех технологических группах. Синдром диареи наиболее часто встречается у поросят на доращивании, особенно в начале периода, что связано с резким отъемом и изменением рациона. Цель работы – проведение сравнительной оценки фекальной микробиоты кишечника у здоровых поросят и молодняка с диарейным синдромом с помощью молекулярно-генетического метода. Взятие биологического материала проводили на крупном свиноводческом комплексе. Объектом исследования служил здоровый и больной молодняк свиней в технологической группе доращивания. В качестве молекулярно-генетического метода использовали метод полимеразной цепной реакции (ПЦР) в реальном времени (qPCR). По результатам лабораторных исследований установлено, что развитие заболевания у животных сопровождалось увеличением в содержимом прямой кишки общего количества бактерий на $10^{7.32}$. В структуре фекальной микробиоты содержание желательных микроорганизмов у молодняка с клиническим проявлением диареи составило 82,19 %, что на 15,40 % меньше, чем у здоровых животных. Данные изменения происходили за счет увеличения в содержимом прямой кишки у больных поросят представителей нежелательных микроорганизмов. При проявлении диареи у поросят в биологическом материале регистрировали снижение большинства представителей нормофлоры, относящихся к роду *Lactobacillus* spp., *Lachnobacterium* spp., *Clostridium* spp., *Megasphaera* spp., *Veillonella* spp., *Dialister* spp., и увеличение численности условно-патогенных и патогенных микроорганизмов, в частности *Peptostreptococcus* spp., *Mobiluncus* spp., *Corynebacterium* spp., *Atopobium* spp., *Staphylococcus* spp., *Staphylococcus* spp., а также семейства *Enterobacteriaceae*. Понимание структурных изменений микробиоты в норме и при патологии позволит правильно интерпретировать эксперименты, ориентированные на коррекцию микробиома с помощью пробиотических средств, нацеленных на конкурентное замещение оппортунистической и патогенной микрофлоры.

Ключевые слова: свиноводство, поросята на доращивании, диарея, микробиом, молекулярно-генетический метод, ПЦР в реальном времени

Благодарности: работа выполнена при финансовой поддержке Минобрнауки РФ в рамках Государственного задания Института агробиотехнологий имени А. В. Журавского Коми научного центра УрО РАН (тема № FUUU-2024-0014, регистрационный номер НИОКТР 124102200684-8).

Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы.

Конфликт интересов: авторы заявили об отсутствии конфликта интересов.

Для цитирования: Филатов А. В., Минин А. В., Николаев С. В. Структура микробиоты толстой кишки молодняка свиней в норме и при патологии желудочно-кишечного тракта. Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2025;26(2):388–395. DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2025.26.2.388-395>

Поступила: 24.12.2024

Принята к публикации: 12.03.2025

Опубликована онлайн: 29.04.2025

The structure of the microbiota of the colon of young pigs is normal and in the pathology of the gastrointestinal tract

© 2025. Andrey V. Filatov^{1, 2}✉, Alexander V. Minin³, Semyon V. Nikolaev²¹Vyatka State Agrotechnological University, Kirov, Russian Federation,²A. V. Zhuravsky Institute of Agro-Biotechnologies of Komi Science Centre of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Syktывkar, Russian Federation,³Sima LLC, Izhevsk, Russian Federation

Diseases of the digestive organs in animals in the conditions of industrial pork technology are widespread in all technological groups. Diarrhea syndrome is the most frequent in piglets on nursery, especially at the beginning of the period, which is associated with abrupt weaning and diet change. The aim of the work was to carry out a comparative assessment of fecal intestinal microbiota in healthy piglets and sapplings with diarrheal syndrome using a molecular genetic method. Biological

material was collected at a large pig-breeding complex. The object of the study was healthy and sick young pigs in the technological group of nursery. The real-time polymerase chain reaction (qPCR) method was used as a molecular genetic method. According to the results of laboratory studies, it was found that the development of the disease in animals was accompanied by an increase in the total number of bacteria in the contents of the rectum by 10^{7-32} . In the structure of the fecal microbiota, the content of desirable microorganisms in young animals with clinical manifestation of diarrhea was 82.19 %, which is 15.40 % less than in healthy animals. These changes occur due to an increase in the contents of the rectum in sick piglets of representatives of undesirable microorganisms. When diarrhea occurs in piglets, a decrease in the majority of representatives of the normoflora belonging to the genus *Lactobacillus* spp., *Lachnobacterium* spp., *Clostridium* spp., *Megasphaera* spp., *Veillonella* spp., *Dialister* spp. is recorded in the biological material and an increase in the number of opportunistic and pathogenic microorganisms, in particular *Peptostreptococcus* spp., *Mobiluncus* spp., *Corynebacterium* spp., *Atopobium* spp., *Staphylococcus* spp., *Staphylococcus* spp., as well as the *Enterobacteriaceae* family. Understanding the structural changes of the microbiota in normal and pathological conditions will allow for the correct interpretation of the experiments aimed at correcting the microbiome using probiotic agents aimed at the competitive replacement of opportunistic and pathogenic microflora.

Keywords: pig breeding, weaning piglets, diarrhea, microbiome, molecular genetic method, real-time qPCR

Acknowledgments: the work was carried out with the financial support of Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation within the state assignment of the A. V. Zhuravsky Institute of Agro-Biotechnologies of Komi Science Centre of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences (theme No. FUUU-2024-0014, registration number 124102200684-8).

The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work.

Conflict of interest: the authors stated no conflict of interest.

For citations: Filatov A. V., Minin A. V., Nikolaev S. V. The structure of the intestinal microbiota of the colon of young pigs is normal and in the pathology of the gastrointestinal tract. *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka* = Agricultural Science Euro-North-East. 2025;26(2):388–395. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2025.26.2.388-395>

Received: 24.12.2024

Accepted for publication: 12.03.2025

Published online: 29.04.2025

Патология желудочно-кишечного тракта у свиней, основным клиническим симптомом которой является диарея, имеет широкое распространение в условиях предприятий по производству свинины. В зависимости от организации зоотехнических и ветеринарно-профилактических мероприятий в хозяйствах развитие диарейного синдрома в технологических группах при выращивании свиней варьировало от 15 до 90 % [1]. В группу риска особенно попадают поросята при переводе на доращивание. Заболевание сопровождается значительными снижениями прироста живой массы, а нередко и гибелью животных на различных этапах выращивания. Так, смертность животных от общего числа павших у подсосных поросят составляет 70,0–75,0 %, у молодняка на доращивании – 30,0–35,0 %, на откорме – 15,0–17,0 % [2].

Наиболее часто этиологическим фактором развития диареи в послеотъемный период у молодняка выступает ассоциация условно-патогенных микроорганизмов. Среди которых у молодняка на доращивании преимущественно идентифицируют кишечную палочку, сальмонеллы, клостридии, стафилококки, стрептококки, возбудителя дизентерии [2, 3]. Однако микробный фактор в большинстве случаев необходимо рассматривать как следствие, первопричина расстройства желудочно-кишечного тракта преимущественно вызвана ошибками в кормлении и несоблюдении гигиены. К технологическим факторам следует отнести несбалансированность и резкую смену рациона,

недоброкачественность корма, а также содержание в нем энтеро- и микотоксинов, применение зерна, непрошедшего естественную ферментацию, неподготовленность производственных помещений, транспортировка (перегоны) животных, проблемы с водоснабжением и качеством воды, неоптимизированный микроклимат [2, 4, 5].

Все эти этиологические факторы создают идеальные условия для размножения бактерий и выработки токсинов в желудочно-кишечном тракте животного, провоцируя развитие воспалительных процессов. Так, кишечная палочка обуславливает развитие колиэнтеротоксемии, под действием токсинов усиливается выделение воды и электролитов в просвет кишечника, провоцируя развитие обезвоживания и диареи, что приводит к повреждению энтероцитов и нарушению всасывания [6].

Устойчивость молодняка свиней к развитию патологии пищеварительной системы во многом определяется ее микробиомом. В микробиоме кишечника свиней относительная доля бактерий, среди всех микроорганизмов его заселяющих, составляет более 97 %. Другие представители кишечной флоры также играют важную роль в биоценозе, но их доля составляет всего для архей 0,1–0,2 %, вирусов – 0,1 % и грибов – 0,03–0,10 % [7]. Основные микробные компоненты образуют ядро микробной функции, а различия в основной микробиоте тесно связаны с различными патофизиологическими состояниями. При этом информация о микробиоме содержимого кишечника

у свиней с диареей носит ограниченный характер. Поэтому познание и оценка в норме и при патологии микробного разнообразия содержимого толстой кишки как патогенного, так и симбиотического позволит лучше понять структуру и таксономию микробиома молодняка свиней в его жизнедеятельности, что создаст возможность проводить раннюю диагностику заболеваний и разработку методов коррекции микробиоценоза.

Цель работы – провести с помощью молекулярно-генетического метода сравнительную оценку фекальной микробиоты кишечника у здоровых поросят и молодняка с диарейным синдромом.

Научная новизна – впервые при использовании отечественной тест-системы представлена характеристика микробиоценоза толстой кишки свиней на дорастивании в норме и при патологии пищеварения. Показано, что диарейный синдром у молодняка при снижении численности симбиотной микрофлоры сопровождается увеличением числа нежелательных микроорганизмов.

Материал и методы. Отбор содержимого кишечника от здорового и с признаками диареи молодняка осуществляли в условиях промышленного комплекса. Эксперимент включал сочетание клинического обследования поросят в технологической группе дорастивания и микробиологических исследований биоматериала, полученного от этих животных. По критериям отбора биологического материала здоровыми животными считали особей, у которых в анамнезе не было проявлений клинических признаков диареи и других заболеваний, а больными – с жидкими водянистыми выделениями кала в течение двух суток, которые до взятия проб не получали антимикробную терапию. Пробы фекалий отбирали с соблюдением асептики в стерильные пробирки «Эппендорф» и хранили до момента исследования при температуре -20°C .

Для количественного определения содержания микроорганизмов в фекалиях поросят использовали метод ПЦР в реальном времени. Постановку реакции осуществляли на детектирующем амплификаторе ДТ Lite-4 (ООО «НПО ДНК-Технология») с использованием реагентов «Фемофлор» (ООО «НПО ДНК-Технология»).

Статистическая обработка материала проведена методами вариационной статистики в программе Microsoft Excel с использованием критерия Стьюдента. Достоверность различия

сравниваемых средних значений оценивали с помощью критерия χ^2 при двух уровнях значимости: $P < 0,05$, $P < 0,01$.

Результаты и их обсуждение. При оценке фекальной микробиоты молодняка свиней выявлены существенные различия в количестве бактерий между здоровыми и с диареей поросятами (табл. 1).

Развитие заболевания у животных сопровождается увеличением в содержимом прямой кишки общего количества бактерий на $10^{7,32}$. Количественные изменения отражаются в структурном взаимодействии между нормофлорой, условно-патогенными и патогенными микроорганизмами. В фекальной микробиоте у больного молодняка содержание нормофлоры составило 82,19 %, что на 15,40 % меньше, чем у клинически здорового. Данные структурные изменения происходят за счет увеличения в содержимом кала представителей нежелательных микроорганизмов у заболевших поросят. У животных с признаками диареи эти микроорганизмы составили 17,50 %, у здоровых – только 2,06 %. Патогенные микроорганизмы в общей структуре не имели значительных различий, их присутствие в изучаемых пробах у здорового и больного молодняка выявлено 0,35 и 0,31 % соответственно.

Среди нормальной кишечной микрофлоры у молодняка, оставшегося здоровым, регистрировали наибольшее количество клостридий, лактобацилл и лактат-утилизирующих бактерий при меньшей численности бактериоидов на $10^{6,34}$ и эубактерии – на $10^{6,67}$ (рис. 1). Бактероиды являются одними из многочисленных представителей кишечной флоры из-за своей способности разлагать полисахариды, что связано с увеличением в рационе растительных кормов при переводе поросят на дорастивание. Вероятно, увеличение данных микроорганизмов связано с перераспределением родов данных кишечных представителей, в частности за счет увеличения рода *Prevotella*. По данным К. Л. Янг и др. (Q. L. Yang et al.) [8], *Prevotella spp.* является доминирующим микроорганизмом у новорожденных поросят с диареей, что связано с ее провоспалительными свойствами [9]. Это согласуется с исследованием, что при воспалительных заболеваниях в микробиоме, в котором доминируют превотеллы, происходит сдвиг сообщества в сторону бактериоидов, таких как *Clostridia*, *Blautia* и *Lachnospiraceae* [10]. В фекальном микробиоме здоровых поросят бактерий рода *Lactobacillus spp.* было на $10^{5,36}$

($P < 0,05$) больше, чем у больных диареей сверстников. Лактобациллы частые представители в фекальной микробиоте свиней [11], которые защищают от кишечных патогенов и конкурируют с грамотрицательными *Prevotella*,

Sutterella и *Campylobacter* за места связывания со слизистой оболочкой [12]. В наших исследованиях у молодняка с диареей были выделены более низкие уровни лактобацилл, что согласуется с предыдущими исследованиями [8, 13, 14].

Таблица 1 – Количественная представленность фекальной микрофлоры свиней (ДНК-геномов $1 \times 10^3/\text{г}$) ($n = 6$) /
Table 1 – Quantitative representation of pig fecal microflora (DNA genomes $1 \times 10^3/\text{g}$) ($n = 6$)

Показатель / Indicator	Группа животных / Group of animals	
	здоровые / healthy	больные / patients
Общее количество бактерий / Total number of bacteria	6,79±6,17	7,43±7,25
Нормофлора / Normoflora		
Бактерии родов <i>Prevotella</i> spp. и <i>Porphyromonas</i> spp. / Bacteroides genera <i>Prevotella</i> spp. And <i>Porphyromonas</i> spp.	6,46±6,01	6,70±6,57
Эубактерии рода <i>Eubacterium</i> spp. / Eubacteria of the genus <i>Eubacterium</i> spp.	5,55±5,06	6,70±6,57
Клостридии родов <i>Lachnobacterium</i> spp., <i>Clostridium</i> spp. / Clostridia of the genera <i>Lachnobacterium</i> spp., <i>Clostridium</i> spp.	6,66±5,96	6,54±6,25
Лактобациллы рода <i>Lactobacillus</i> spp. / Lactobacilli of the genus <i>Lactobacillus</i> spp.	5,56±4,77	5,12±5,03*
Лактат-утилизирующие бактерии: роды <i>Megasphaera</i> spp., <i>Veillonella</i> spp., <i>Dialister</i> spp. / Lactate-utilizing bacteria: genera <i>Megasphaera</i> spp., <i>Veillonella</i> spp., <i>Dialister</i> spp.	5,57±5,14	5,43±5,02
Нежелательная микрофлора / Undesirable microflora		
Пептострептококки рода <i>Peptostreptococcus</i> spp. / Peptostreptococci of the genus <i>Peptostreptococcus</i> spp.	5,09±4,56	6,03±5,77
Энтеробактерии сем. <i>Enterobacteriaceae</i> / Enterobacteria of the family <i>Enterobacteriaceae</i>	4,47±3,86	6,27±5,90**
Актиномицеты (<i>Mobiluncus</i> spp., <i>Corynebacterium</i> spp., <i>Atopobium</i> spp.) / Actinomycetes (<i>Mobiluncus</i> spp., <i>Corynebacterium</i> spp., <i>Atopobium</i> spp.)	3,28±3,08	4,57±4,53
Патогены / Pathogens		
Фузобактерии родов <i>Fusobacterium</i> spp., <i>Sneathia</i> spp., <i>Leptotrichia</i> spp. / Fusobacteria of the genera <i>Fusobacterium</i> spp., <i>Sneathia</i> spp., <i>Leptotrichia</i> spp.	3,10±2,80	Ниже предела достоверного обнаружения / Below the limit of reliable detection
Стрептококки рода <i>Streptococcus</i> spp. / Streptococci of the genus <i>Streptococcus</i> spp.	4,23±3,90	5,39±4,84*
Стафилококки рода <i>Staphylococcus</i> spp. / Staphylococci of the genus <i>Staphylococcus</i> spp.	3,39±3,028	3,44±2,87
Микоплазмы рода <i>Mycoplasma</i> spp. / Mycoplasmas of the genus <i>Mycoplasma</i> spp.	Ниже предела достоверного обнаружения / Below the limit of reliable detection	
Микоплазмы рода <i>Ureaplasma</i> spp. / Mycoplasmas of the genus <i>Ureaplasma</i> spp.		
Грибы рода <i>Candida</i> spp. / Fungi of the genus <i>Candida</i> spp.	3,76±2,94	3,20±2,82**

Примечания: * $P < 0,05$; ** $P < 0,01$ – по отношению к здоровым животным /
Notes: * $P < 0,05$; ** $P < 0,01$ – in relation to healthy animals

Среди представителей, отнесённых к условно-патогенным микроорганизмам рода *Peptostreptococcus* spp., *Mobiluncus* spp., *Corynebacterium* spp., *Atopobium* spp. и сем. *Enterobacteriaceae*, регистрировали низкие их количественные значения у здорового молодняка свиней по сравнению с больными диареей

(рис. 2). Наиболее значимые различия между здоровыми и больными сверстниками выявлены в количестве энтеробактерий, разница составила $10^{6,27}$ ($P < 0,01$). Как показано в предыдущих исследованиях энтеробактерии увеличивают риск развития диареи у свиней [9, 14, 15].

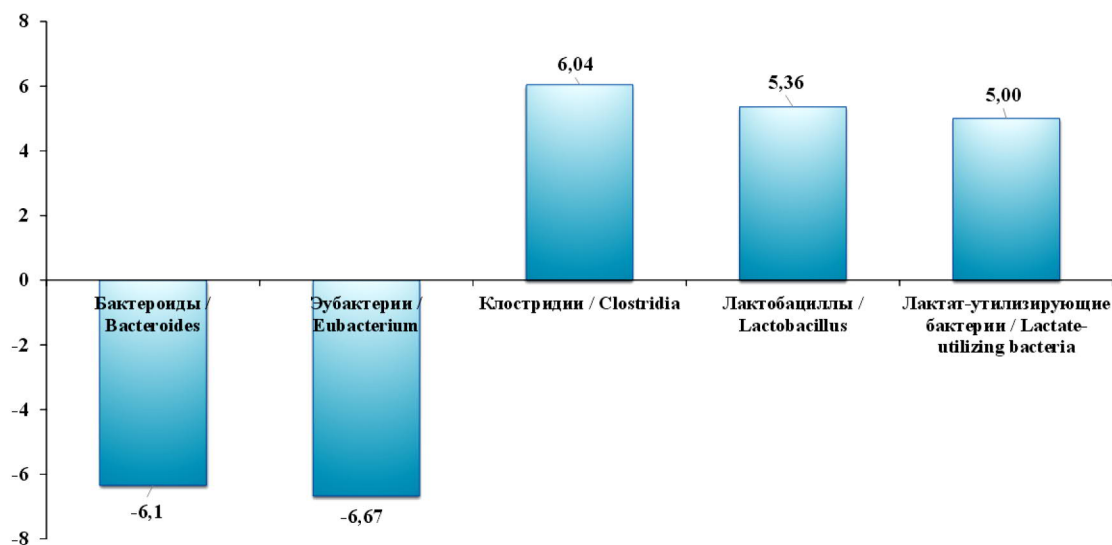


Рис. 1. Разница в содержании ДНК-геномов (10^x) нормофлоры у здоровых поросят в сравнении с особями, имеющими клиническую картину синдрома диарея /

Fig. 1. The difference in the content of DNA genomes (10^x) of the normoflora in healthy piglets compared to individuals with a clinical picture of diarrhea syndrome

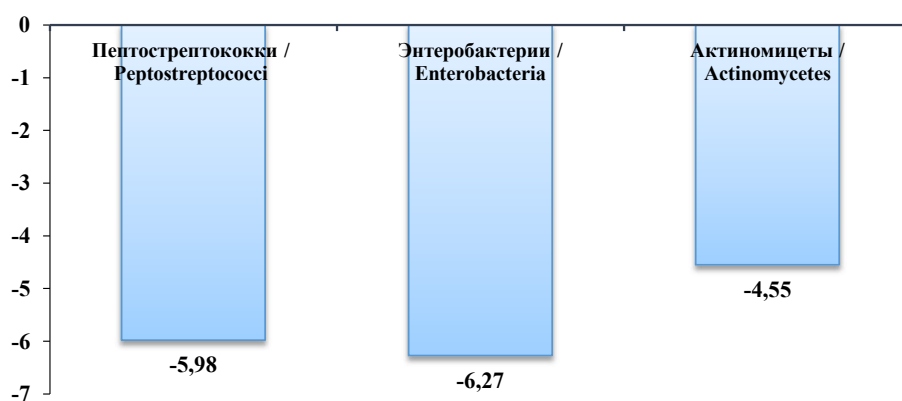


Рис. 2. Разница в содержании ДНК-геномов (10^x) нежелательных микроорганизмов у здоровых поросят в сравнении с особями, имеющими патологию пищеварения /

Fig. 2. The difference in the content of DNA genomes (10^x) of undesirable microorganisms in healthy piglets compared to individuals with digestive pathology

Патогенные микроорганизмы имели разные количественные значения в сравнительном аспекте между больными и здоровыми животными (рис. 3). Представители фузобактерии считаются воспалительными микроорганизмами и рассматриваются прогностическим биомаркером, который ингибирует Т-клеточные реакции и способствует экспрессии факторов воспаления [16, 17]. Таким образом, часто эти микроорганизмы считаются причиной возникновения диареи у поросят. Однако данные представители нами не были выявлены у больных поросят, а у здоровых они идентифицированы на низком уровне. В фекальной микробиоте здорового и больного молодняка обнаружено

большое количество стрептококков, что представляет потенциальную угрозу для развития у всех особей специфического инфекционного заболевания – стрептококкоза. При этом в кале поросят с клиническими признаками диареи их число было выше на $10^{5,36}$ ($P < 0,05$), чем у здоровых животных. У молодняка с расстройством органов пищеварения, также преобладали представители рода *Staphylococcus spp.*, различия со здоровыми животными составили $10^{2,42}$. Грибы рода *Candida spp.* Находили в большем количестве у молодняка без признаков диареи, а микоплазмы не были идентифицированы у всех поросят вне зависимости от состояния здоровья.

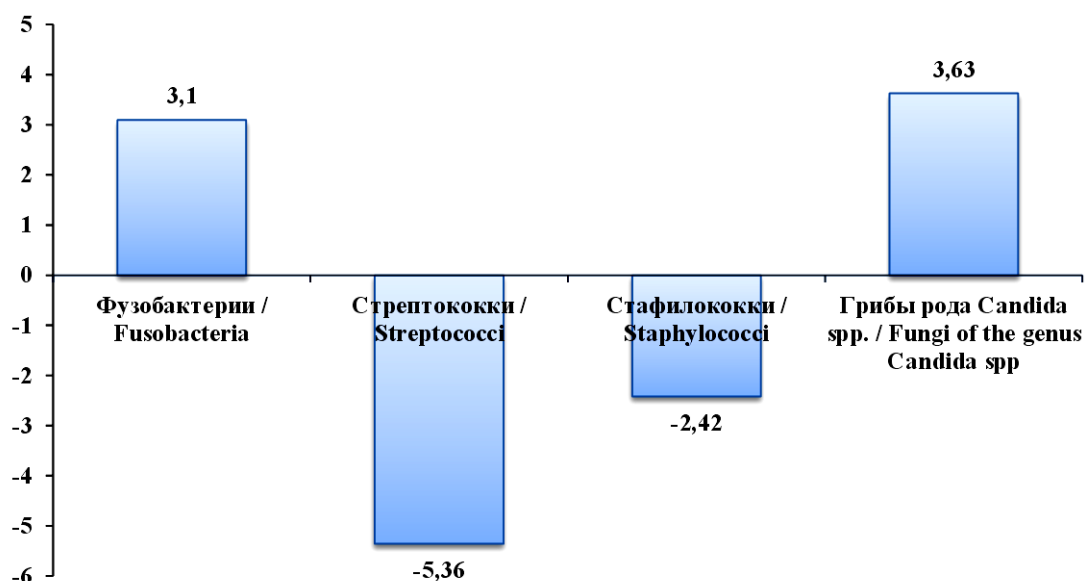


Рис. 3. Разница в содержании ДНК-геномов (10^x) патогенных микроорганизмов у здоровых поросят в сравнении с особями, имеющими клиническую картину синдрома диарея /

Fig. 3. The difference in the content of DNA genomes (10^x) of pathogenic microorganisms in healthy piglets compared to individuals with a clinical picture of diarrhea syndrome

Заключение. Таким образом, проявление диареи у поросят на доращивании обусловлено снижением в фекальной микробиоте большинства полезных бактерий рода *Lactobacillus spp.*, *Lachnobacterium spp.*, *Clostridium spp.*, *Megasphaera spp.*, *Veillonella spp.*, *Dialister spp.* и увеличением численности условно-патогенных и патогенных микроорганизмов, в частности *Peptostreptococcus spp.*, *Mobiluncus spp.*, *Cory-*

nebacterium spp., *Atopobium spp.*, *Staphylococcus spp.*, *Staphylococcus spp.*, а также сем. *Enterobacteriaceae*. Понимание структурных изменений микробиоты в норме и при патологии позволит правильно интерпретировать эксперименты, ориентированные на коррекцию микробиома с помощью пробиотических средств, нацеленных на конкурентное замещение оппортунистической и патогенной микрофлоры.

Список литературы

- Захарова Т. П., Сидорова К. А. Некоторые данные по незаразной патологии свиней. Современные проблемы науки и образования. 2014;(6):1829. Режим доступа: <https://www.elibrary.ru/item.asp?edn=tgrhmd> EDN: TGRHMD
- Ветвицкая А. Диарея у поросят: эффективные шаги по защите поголовья. Эффективное животноводство. 2020;8(165):39–45. Режим доступа: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=44310690> EDN: JHLSOB
- Хорошевская Л. В. Эффективность использования цинка в лечении диареи свиноголовья. Эффективное животноводство. 2020;1(158):66–68. Режим доступа: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=42479027> EDN: SKRYUF
- Новикова Е. Н., Коба И. С., Барсуков Ю. И. Распространение заболеваний незаразной этиологии в различных отраслях животноводства в Российской Федерации. Ветеринария, зоотехния и биотехнология. 2023;(5):34–41. DOI: <https://doi.org/10.36871/vet.zoo.bio.202305005> EDN: OLSAXA
- Филатов А. В., Якимов А. В. Пробиотический комплекс "ЛикваФид" для молодняка свиней на доращивании. Свиноводство. 2021;(4):32–34. DOI: <https://doi.org/10.37925/0039-713X-2021-4-32-34> EDN: AWTGBA
- Артузо-Понте В. Постотъемная диарея у поросят: новая эра в решении проблемы. Комбикорма. 2018;(4):73.
- Коста М. Распутывание микробиоты и свиноводства – почему мы еще не достигли этого? Часть 1. Professional Pig Community. 2022. [Электронный ресурс]. URL: https://www.pig333.com/articles/current-limitations-to-studying-the-pig-microbiota_18191/ (дата обращения: 05.12.2024).
- Yang Q. L., Huang X. Y., Zhao S. G., Sun W. Y., Yan Z. Q., Wang P. F., et al. B Structure and Function of the Fecal Microbiota in Diarrheic Neonatal Piglets. Frontiers of Microbiology. 2017;8:502. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00502>

9. Лоренгель Т. И., Шабанова Е. О. Энтеробиоценоз поросят с симптомокомплексом диареи. Вестник Омского государственного аграрного университета. 2022;(2(46)):115–121.
DOI: https://doi.org/10.48136/2222-0364_2022_2_115 EDN: WYFTTD
10. Scher J. U., Sczesnak A., Longman R. S., Segata N., Ubeda C., Bielski C., et al. Expansion of intestinal *Prevotella copri* correlates with enhanced susceptibility to arthritis. *Elife*. 2013;2:e01202.
DOI: <https://doi.org/10.7554/eLife.01202>
11. Li X. Q., Zhu Y. H., Zhang H. F., Yue Y., Cai Z. X., Lu Q. P., et al. Risks associated with high-dose *Lactobacillus rhamnosus* in an *Escherichia coli* model of piglet diarrhoea: intestinal microbiota and immune imbalances. *PLoS ONE*. 2012;7(7):e40666. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0040666>
12. Mann E., Schmitz-Esser S., Zebeli Q., Wagner M., Ritzmann M., Metzler-Zebeli B. U. Mucosa-associated bacterial microbiome of the gastrointestinal tract of weaned pigs and dynamics linked to dietary calcium-phosphorus. *PLoS ONE*. 2014;9(1):e86950. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0086950>
13. Costa M. C., Arroyo L. G., Allen-Vercoe E., Stämpfli H. R., Kim P. T., Sturgeon A., Weese J. S. Comparison of the fecal microbiota of healthy horses and horses with colitis by high throughput sequencing of the V3-V5 region of the 16S rRNA gene. *PLoS ONE*. 2012;7(7):e41484. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0041484>
14. Hermann-Bank M. L., Skovgaard K., Stockmarr A., Strube M. L., Larsen N., Kongsted H., et al. Characterization of the bacterial gut microbiota of piglets suffering from new neonatal porcine diarrhoea. *BMC Veterinary Research*. 2015;11:139. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12917-015-0419-4>
15. Jonach B., Boye M., Stockmarr A., Jensen T. K. Fluorescence in situ hybridization investigation of potentially pathogenic bacteria involved in neonatal porcine diarrhea. *BMC Veterinary Research*. 2014;10:68.
DOI: <https://doi.org/10.1186/1746-6148-10-68>
16. Nosh K., Sukawa Y., Adachi Y., Ito M., Mitsuhashi K., Kurihara H., et al. Association of *Fusobacterium nucleatum* with immunity and molecular alterations in colorectal cancer. *World Journal of Gastroenterology*. 2016;22(2):557–566. DOI: <https://doi.org/10.3748/wjg.v22.i2.557>
17. Wei Z., Cao S., Liu S., Yao Z., Sun T., Li Y., et al. Could gut microbiota serve as prognostic biomarker associated with colorectal cancer patients' survival? A pilot study on relevant mechanism. *Oncotarget*. 2016;7(29):46158–46172. DOI: <https://doi.org/10.18632/oncotarget.10064>

References

1. Zakharova T. P., Sidorova K. A. Some data on noncontagious pathology of pigs. *Sovremennye problemy nauki i obrazovaniya* = Modern problems of science and education. 2014;(6):1829. (In Russ.).
URL: <https://www.elibrary.ru/item.asp?edn=tgrhmd>
2. Vetvitskaya A. Diarrhea in piglets: effective steps to protect livestock. *Effektivnoe zhivotnovodstvo*. 2020;8(165):39–45. (In Russ.). URL: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=44310690>
3. Khoroshevskaya L. V. The effectiveness of zinc use in the treatment of porcine diarrhea. *Effektivnoe zhivotnovodstvo*. 2020;1(158):66–68. (In Russ.). URL: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=42479027>
4. Novikova E. N., Koba I. S., Barsukov Yu. I. The spread of diseases of non-infectious etiology in various branches of animal husbandry in the Russian Federation. *Veterinariya, zootekhnika i biotekhnologiya* = Veterinary Medicine, Zootechnics and Biotechnology. 2023;(5):34–41. (In Russ.).
DOI: <https://doi.org/10.36871/vet.zoo.bio.202305005>
5. Filatov A. V., Yakimov A. V. Probiotic complex LiquaFid for rearing pigs. *Svinovodstvo*. 2021;(4):32–34. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.37925/0039-713X-2021-4-32-34>
6. Artuzo-Ponte V. Post-weaning diarrhea in piglets: a new era in problem solving. *Kombikorma*. 2018;(4):73. (In Russ.).
7. Kosta M. Untangling the microbiota and pig farming – why haven't we achieved this yet? Part 1. Professional Pig Community. 2022. URL: https://www.pig333.com/articles/current-limitations-to-studying-the-pig-microbiota_18191/ (accessed: 05.12.2024).
8. Yang Q. L., Huang X. Y., Zhao S. G., Sun W. Y., Yan Z. Q., Wang P. F., et al. B Structure and Function of the Fecal Microbiota in Diarrheic Neonatal Piglets. *Frontiers of Microbiology*. 2017;8:502.
DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00502>
9. Lorengel T. I., Shabanova E. O. Entrobiocenosis of piglets with diarrhea symptom complex. *Vestnik Omskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta* = Vestnik of Omsk SAU. 2022;(2(46)):115–121. (In Russ.).
DOI: https://doi.org/10.48136/2222-0364_2022_2_115
10. Scher J. U., Sczesnak A., Longman R. S., Segata N., Ubeda C., Bielski C., et al. Expansion of intestinal *Prevotella copri* correlates with enhanced susceptibility to arthritis. *Elife*. 2013;2:e01202.
DOI: <https://doi.org/10.7554/eLife.01202>
11. Li X. Q., Zhu Y. H., Zhang H. F., Yue Y., Cai Z. X., Lu Q. P., et al. Risks associated with high-dose *Lactobacillus rhamnosus* in an *Escherichia coli* model of piglet diarrhoea: intestinal microbiota and immune imbalances. *PLoS ONE*. 2012;7(7):e40666. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0040666>

12. Mann E., Schmitz-Esser S., Zebeli Q., Wagner M., Ritzmann M., Metzler-Zebeli B. U. Mucosa-associated bacterial microbiome of the gastrointestinal tract of weaned pigs and dynamics linked to dietary calcium-phosphorus. PLoS ONE. 2014;9(1):e86950. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0086950>
13. Costa M. C., Arroyo L. G., Allen-Vercos E., Stämpfli H. R., Kim P. T., Sturgeon A., Weese J. S. Comparison of the fecal microbiota of healthy horses and horses with colitis by high throughput sequencing of the V3-V5 region of the 16S rRNA gene. PLoS ONE. 2012;7(7):e41484. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0041484>
14. Hermann-Bank M. L., Skovgaard K., Stockmarr A., Strube M. L., Larsen N., Kongsted H., et al. Characterization of the bacterial gut microbiota of piglets suffering from new neonatal porcine diarrhoea. BMC Veterinary Research. 2015;11:139. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12917-015-0419-4>
15. Jonach B., Boye M., Stockmarr A., Jensen T. K. Fluorescence in situ hybridization investigation of potentially pathogenic bacteria involved in neonatal porcine diarrhea. BMC Veterinary Research. 2014;10:68. DOI: <https://doi.org/10.1186/1746-6148-10-68>
16. Nosh K., Sukawa Y., Adachi Y., Ito M., Mitsuhashi K., Kurihara H., et al. Association of Fusobacterium nucleatum with immunity and molecular alterations in colorectal cancer. World Journal of Gastroenterology. 2016;22(2):557–566. DOI: <https://doi.org/10.3748/wjg.v22.i2.557>
17. Wei Z., Cao S., Liu S., Yao Z., Sun T., Li Y., et al. Could gut microbiota serve as prognostic biomarker associated with colorectal cancer patients' survival? A pilot study on relevant mechanism. Oncotarget. 2016;7(29):46158–46172. DOI: <https://doi.org/10.18632/oncotarget.10064>

Сведения об авторах

✉ **Филатов Андрей Викторович**, доктор вет. наук, профессор, профессор кафедры разведения, кормления и частной зоотехнии, ФГБОУ ВО «Вятский государственный агротехнологический университет», Октябрьский проспект, д. 133, г. Киров, Российская Федерация, 610017, e-mail: info@vgatu.ru; ведущий научный сотрудник, Институт агробиотехнологий им. А. В. Журавского Коми научного центра Уральского отделения Российской академии наук, ул. Ручейная, д. 27, г. Сыктывкар, Республика Коми, 167023, e-mail: nipti@bk.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4557-844x>, e-mail: fav6819@yandex.ru

Минин Александр Витальевич, кандидат вет. наук, директор ООО «Сима», ул. Строителей, д. 3, г. Уржум, Кировская область, Российская Федерация, 613531, e-mail: minintotal@mail.ru

Николаев Семен Викторович, кандидат вет. наук, научный сотрудник, Институт агробиотехнологий им. А. В. Журавского Коми научного центра Уральского отделения Российской академии наук, ул. Ручейная, д. 27, г. Сыктывкар, Республика Коми, 167023, e-mail: nipti@bk.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5485-4616>

Information about the authors

✉ **Andrey V. Filatov**, DSc in Veterinary, professor, professor at the Department of Breeding, Feeding and Private Animal Science, Vyatka State Agrotechnological University, Oktyabrsky Prospekt, 133, Kirov, Russian Federation, 610017, e-mail: info@vgatu.ru; senior researcher, A. V. Zhuravsky Institute of Agro-Biotechnologies of Komi Science Centre of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 27 Rucheynaya str., Syktyvkar, Komi Republic, Russian Federation, 167023, e-mail: nipti@bk.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4557-844x>, e-mail: fav6819@yandex.ru

Alexander V. Minin, PhD in Veterinary, Director of Sima LLC, Stroiteley Village, 3, Urzhum, Kirov region, Russian Federation, 613531, e-mail: minintotal@mail.ru

Semyon V. Nikolaev, PhD in Veterinary, researcher, A. V. Zhuravsky Institute of Agro-Biotechnologies of Komi Science Centre of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 27 Rucheynaya str., Syktyvkar, Komi Republic, Russian Federation, 167023, e-mail: nipti@bk.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5485-4616>

✉ – Для контактов / Corresponding author