

4. Тузов, И.Н., Кузнецов, А.В., Гомелева, Т.Ю. Аминокислотный состав белков молока коров типа «Кубанский» // Труды Кубанского государственного аграрного университета. - 2010. - № 24. - С. 133-139.

5. Усенков, И., Усенкова, В., Тузов, И. Скорость молокоотдачи - важный признак // Животноводство России. - 2012. - № 1. - С. 41.

[DOI: 10.34617/1k2c-7x77](https://doi.org/10.34617/1k2c-7x77)

УДК 575.17:597.423:639.31

**ИЗУЧЕНИЕ МИКРОФЛОРЫ ОСЕТРОВЫХ ВИДОВ РЫБ  
РАЗВОДИМЫХ В УЗВ С ПРИМЕНЕНИЕМ МЕТОДОВ  
МЕТАГЕНОМИКИ**

**STUDYING THE MICROFLORA OF STURGEON SPECIES  
BRED IN CLOSED WATER SUPPLY SYSTEMS WITH THE  
APPLICATION OF THE METAGENOMICS METHODS**

**Сергалиев Нурлан Хабибуллович<sup>1</sup>**, канд. биол. наук

<sup>1</sup>РГП на ПХВ «Западно-Казахстанский государственный университет им. М. Утемисова», г. Уральск, Республика Казахстан

**Андронов Евгений Евгеньевич<sup>2</sup>**, канд. биол. наук,

**Пинаев Александр Георгиевич<sup>2</sup>**

<sup>2</sup>ГНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии», г. Санкт-Петербург, Российская Федерация

**Какишев Мурат Галиханович<sup>3</sup>**, PhD,

**Гинятов Нурбек Сатканулы<sup>3</sup>**

<sup>3</sup>НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», г. Уральск, Республика Казахстан

Sergaliyev Nurlan Khabibullovich<sup>1</sup>, Cand. Bbiol. Sc.,

West Kazakhstan State University named after M. Utemisov,

Uralsk, Republic of Kazakhstan

Andronov Evgeny Evgenievich<sup>2</sup>, Cand. Biol. Sc.,

Pinaev Alexandr Georgievich<sup>2</sup>,

<sup>2</sup>SSI “All-Russian Research Institute of Agricultural Microbiology”, St. Petersburg, Russian Federation

Kukishev Murat Galikhanovich<sup>3</sup>, PhD,

Ginayatov Nurbek Satkanuly<sup>3</sup>,

<sup>3</sup>West Kazakhstan Agrarian Technical University named after Zhan-gir Khan, Uralsk, Republic of Kazakhstan

**Аннотация:** в статье приведены данные по анализу состава микрофлоры осетровых видов рыб выращиваемых в УЗВ. При выявлении таксонов, отражающих специфику микробиомов, установлены таксоны, изменяющие свою численность при сопоставлении сообществ в 10 или более раз; таксоны, в наибольшей степени, изменяющие свою долю; таксоны, сохраняющие свою численность почти неизменной; количество таксонов, общее для обоих микробиомов в сопоставляемой паре; вклад многочисленных таксонов с долей в сообществе более 0,1 % в каждую из выявленных категорий.

**Ключевые слова:** осетровые рыбы; установка замкнутого водообеспечения; метагеномика; микробиом; секвенирование.

**Abstract:** the article presents data on the analysis of the composition of the microflora of sturgeon fish species grown in the CWS. In identifying taxa that reflect the specificity of microbiomes, taxa have been established, changing their numbers when comparing communities 10 or more times; taxa, to the greatest extent, changing their share; taxa that retain their numbers are almost unchanged; the number of taxons common to both microbiomes in the pair mapped; the contribution of numerous taxa with a community share of more than 0.1% in each of the identified categories.

**Key words:** sturgeon fish; installation of closed water supply; metagenomics; microbiome; sequencing.

Одним из древнейших представителей мировой ихтиофауны является осетровые рыбы, основные запасы которых на протяжении многих веков были сосредоточены в Каспийском море. Несмотря данную проблему не снижается спрос на продукты осетроводства (черной икры и товарной осетрины). На этом фоне набирают актуальность осетроводческие хозяйства, обеспеченные инновационными технологиями, позволяя индустриальной аквакультуре считаться по праву динамично развивающимся

ся направлением, способным решить проблемы продовольственной безопасности [5].

Причиной возникновения заболеваний у осетровых рыб в УЗВ служат нарушения ветеринарно-санитарных, зооигиенических правил содержания, кормления рыб, отсутствие карантинных мероприятий на новых завезенных особей рыб с целью воспроизводства и другие факторы. Кроме того в условиях УЗВ многие заболевания среди осетровых рыб возникают при снижении общей резистентности организма рыб под воздействием различных факторов, когда условно-патогенная микрофлора, входящий в состав естественной микрофлоры воды начинает проявлять патогенные действия и порождают остро протекающие болезни, к примеру, аэромоноз, псевдомоноз, переходящие в хронические формы, впоследствии ведущих к гибели рыб, тем самым нанося рыбоводческим предприятиям значительный экономический ущерб, складывающийся из снижения продуктивности, замедления роста порчи товарного вида и гибели рыбы [1, 2].

В связи с этим возрастает роль точного анализа микробного фона условно-здоровых осетров и объектов системы УЗВ и проведения постоянного микробиологического мониторинга. Таксономическая структура совокупного микробного сообщества УЗВ является чрезвычайно чутким индикатором к состоянию здоровья рыб. При этом даже самые незначительные изменения в структуре микробного сообщества, химических и физических показателей и немедленно отражаются на физиологическом статусе рыб [4].

Таким образом, изучая структуру микробного сообщества УЗВ, можно сделать вывод как о физиологическом состоянии рыб, так и о возможных патологиях. Все эти выводы, конечно, могут быть сделаны только на основании всеохватывающего предварительного исследования. Основная цель проекта направлена именно на разработку комплекса наиболее современных молекулярно-генетических подходов, которые впервые позволят проводить быстрый и эффективный анализ микробных сообществ УЗВ [3].

**Методика.** Объектом для исследований послужили по 5 особей шипа (*Acipenser nudiiventris*) 4-5-летнего возраста из посадочных бассейнов № 3 и № 6. Для взятия экспертного материала выбран способ прижизненного отбора биологических образцов, без использования методики декапитации осетров.

Для проведения исследования метагенома осетровых рыб – шипа было проведено выделение ДНК образцов был использован набор реактивов (MACHEREY-NAGEL NucleoSpin Soil) компании MACHEREY-NAGEL (Германия) согласно инструкции производителя. Ампликонные библиотеки на вариабельный участок гена 16S рНК v3-v4 (GTGCCAGCMGCCGCGGTAA/GGACTACVSGGGTATCTAAT) получены с помощью универсальных праймеров *F515/R806*. Анализ нуклеотидной последовательности фрагментов проводили по технологии компании Illumina на приборе «Illumina MiSeq» (США) с использованием набора реактивов MiSeq® ReagentKit v3 (600 cycle) с двусторонним чтением (2\*300 н). Обработку полученных последовательностей проводили с помощью ПО Illumina, пакета «Trimmomatic» (Bolger et al., 2014) и пакета QIIME.

**Результаты исследований и их обсуждение.** По результатам таксономического анализа полученных библиотек всего было обнаружено 423 таксономические единицы (ОТЕ). Наиболее многочисленными для микробиома с поверхности жабр оказались представители следующих семейств: *Pseudomonadaceae*, *Chitinophagaceae*, *Moraxellaceae*, *Fusobacteriaceae*, *Clostridiaceae*, *Oxalobacteraceae*, *Sphingomonadaceae*, *Leuconostocaceae*, *Comamonadaceae*, *Nocardiaceae*, *Streptococcaceae*, *Deinococcaceae*, *Micrococcaceae*, *Staphylococcaceae* и *Microbacteriaceae*

В микробиоме, характерном для поверхности кожи преобладали представители семейств: *Deinococcaceae*, *Moraxellaceae*, *Micrococcaceae*, *Pseudomonadaceae*, *Exiguobacteraceae*, *Comamonadaceae*, *Staphylococcaceae*, *Nocardiaceae*, *Sphingomonadaceae*, *Xanthomonadaceae*, *Weeksellaceae*, *Microbacteriaceae*, а так же неатрибутированная группа организмов.

Для соскоба, взятого из прямой кишки, наиболее характерными оказались прокариоты из семейств: *Fusobacteriaceae*, *Bacteroidaceae*, *Streptococcaceae*, *Verrucomicrobiaceae*, *Clostridiaceae*, *Porphyromonadaceae*, *Peptostreptococcaceae*, *Enterobacteriaceae*, *Leuconostocaceae*, *Lactobacillaceae*, *Deinococcaceae*, *Moraxellaceae*, *Enterococcaceae*, *Micrococcaceae*. Также заметную долю составила группа неидентифицированных организмов.

**Выводы.** При выявлении таксонов, отражающих специфику микробиомов, установлены таксоны, изменяющие свою численность при сопоставлении сообществ в 10 или более раз; таксоны, в наибольшей степени, изменяющие свою долю; таксоны, сохраняющие свою численность почти неизменной; количество таксонов, общее для обоих микробиомов в сопоставляемой паре; вклад многочисленных таксонов с долей в сообществе более 0,1 % в каждую из выявленных категорий. Общая картина показывала, что микробиомы, полученные с поверхностных органов рыб в большей степени сходны между собой и в меньшей степени – с кишечным микробиомом. Для жаберных и плавниковых микробиомов характерно более выровненное распределение таксонов по всей выборке, в то время как кишечный микробиом демонстрирует большую специфичность таксономического состава.

### **Список литературы**

1. Борисова, М.Н. Болезни рыб. Обзор эпизоотической ситуации за 2006 год / М.Н. Борисова, Т.Д. Пичугина, Е.А. Завьялова, А.Е. Дрошнев, С.А. Коломыцев // Ветеринарная жизнь, 2007. – № 14. – С. 2-3.
2. Пономарева, Е.Н. Состояние и особенности товарной аквакультуры в Южном макрорегионе России / Е.Н. Пономарева, М.Н. Сорокина, В.А. Григорьев // Материалы Международной научной конференции «Актуальные вопросы рыбного хозяйства и аквакультуры бассейнов южных морей России». – Ростов н/Д.: 2014, – С. 232-236.
3. Сергалиев, Н.Х., Значение изучения естественной микрофлоры участков системы УЗВ и культивируемых в них осет-

ровых рыб / Н.Х. Сергалиев, М.Г. Какишев, Н.С. Гинаятов // Наука и образование, – Уральск: РИО ЗКАТУ, 2018. – № 3 (52). – С. 167-172.

4. Bore, E.K., Apostel, C., Halicki, S., Kuzyakov, Y., Dippold, M.A. Microbial metabolism in soil at subzero temperatures: adaptation mechanisms revealed by position-specific (13) C labeling // *Frontiers in Microbiology*, 2017. – Vol. 8. – P. 1-10.

5. Plumb, J.A., Hanson, L.A. Health maintenance and principal microbial diseases of cultured fish. Third ed. Wiley-Blackwell, Iowa, USA, 2011. – 244 p.

[DOI: 10.34617/f7ta-4j87](https://doi.org/10.34617/f7ta-4j87)

УДК 602

**РЕШЕНИЕ ПРОБЛЕМЫ ОПРЕДЕЛЕНИЯ ДЛИНЫ  
ГОМОПОЛИМЕРНЫХ УЧАСТКОВ В ТЕХНОЛОГИИ  
ИОННОГО ПОЛУПРОВОДНИКОВОГО  
СЕКВЕНИРОВАНИЯ**

**SOLVING OF THE PROBLEM OF HOMOPOLYMERIC  
LOCI LENGTHS DETECTION IN THE ION  
SEMICONDUCTOR SEQUENCING TECHNOLOGY**

**Скобников Николай Эдуардович**<sup>1,2</sup>, канд. мед. наук,

**Кузнецов Евгений Олегович**<sup>2</sup>,

**Мараховская Татьяна Алексеевна**<sup>2</sup>,

**Иванченко Анастасия Александровна**<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Краснодарский научный центр по зоотехнии и ветеринарии,  
г. Краснодар, Российская Федерация

<sup>2</sup> ООО «СЛ МедикалГруп, г. Краснодар

Skoblikov Nikolai Edwardovich<sup>1,2</sup>, Ph. D. Med. Sci.

Kuznetsov Evgeny Olegovich<sup>2</sup>

Marakhovskaya Tatiana Alekseevna<sup>2</sup>

Ivanchenko Anastasia Aleksandrovna<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Krasnodar Research Centre for Animal Husbandry and Veterinary  
Medicine, Krasnodar, Russian Federation

<sup>2</sup> «CL MedicalGroup» Ltd., Krasnodar, Russian Federation.