

Физиология человека и животных / Human and Animal Physiology

Научная статья

Original article

DOI: [10.12731/2658-6649-2026-18-1-1389](https://doi.org/10.12731/2658-6649-2026-18-1-1389)

EDN: FFEFVY

УДК 636.5.033: 636.03:612.1:591:4



Метаболомный профиль сыворотки крови цыплят-бройлеров кросса Arbor Acres: ассоциации с составом кишечного микробиома и показателями продуктивности

Д.Г. Дерябин¹, Л.В. Власенко¹, И.Ф. Каримов^{1,2}, Г.К. Дускаев¹¹ФГБНУ ФНЦ БСТ РАН, Оренбург, Российская Федерация²ФГБОУ ВО ОрГМУ Минздрава России, Оренбург, Российская Федерация

Аннотация

Обоснование. Комплексный анализ метаболических параметров сыворотки крови (метаболома) становится востребованным инструментом оценки физиологического состояния организма сельскохозяйственной птицы.

Целью исследования является характеристика наиболее значимых метаболитов крови цыплят-бройлеров кросса Arbor Acres с определением их ассоциаций с составом кишечного микробиома и показателями продуктивности.

Материалы и методы. В исследование включены 28 групп цыплят-бройлеров, находившихся на базовом рационе, а также получавших различные кормовые добавки (пробиотики, антибиотики, малые молекулы растительного происхождения). Метаболомный профиль сывороток крови исследован с использованием коммерческих наборов для ветеринарии «ДиаВетТест» (ДИАКОН-ДС, Россия). Состав кишечного микробиома оценен на основе высокопроизводительного секвенирования на платформе MiSeq (Illumina Inc., США).

Результаты. Анализ ассоциаций сывороточных маркеров и морфологических показателей цыплят-бройлеров позволил зафиксировать четыре значимые взаимосвязи: положительную в паре «креатинин – мясная продуктивность» и отрицательные в парах «мочевина – масса несъедобной части тушки», «глюкоза – масса печени» и «холестерин – убойный выход». Сопоставление характеристик метаболома и состава кишечного микробиома показало множественные ассоциации, связывающие бактериальное сообщество с сывороточными уровнями малонового диальдегида, билирубина, мочевой кислоты и мочевины.

Заключение. Полученные результаты развивают представления о метаболических индикаторах, пригодных для мониторинга эффективности режимов содержания и кормления цыплят-бройлеров, а также впервые характеризуют мочевины, как маркер продуктивности, уровень которого может контролироваться через воздействие на кишечный микробиом сельскохозяйственной птицы.

Ключевые слова: цыплята-бройлеры; метаболом; микробиом; сельскохозяйственная продуктивность

Для цитирования. Дерябин, Д. Г., Власенко, Л. В., Каримов, И. Ф., & Дускаев, Г. К. (2026). Метаболомный профиль сыворотки крови цыплят-бройлеров кросса Arbor Acres: ассоциации с составом кишечного микробиома и показателями продуктивности. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 18(1), 11–39. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2026-18-1-1389>

Serum metabolomic profile in Arbor Acres broiler chickens: associations with gut microbiome composition and productivity performance

D.G. Deryabin¹, L.V. Vlasenko¹, I.F. Karimov^{1,2}, G.K. Duskaev¹

¹FSSI FRC BST RAS, Orenburg, Russian Federation

²Orenburg State Medical University, Orenburg, Russian Federation

Abstract

Background. Comprehensive analysis of the serum metabolite profile (metabolome) is becoming a popular tool for assessing the physiological state of agricultural poultry.

The purpose of this study was to assess the most significant blood metabolites in Arbor Acres broiler chickens and determine their associations with gut microbiome composition and performance indicators.

Materials and methods. The analysis included 28 broilers chicken's groups fed a basal diet and also receiving various feed additives (probiotics, antibiotics, small plant-derived compounds). The metabolite profile of blood serum was determined using commercially available “DiaVetTest” veterinary kits (DIAKON-DS, Russia). The gut microbiome composition was assessed based on high-throughput sequencing method using the MiSeq platform (Illumina Inc., USA).

Results. Correlation analysis revealed four statistically significant associations between serum markers and chicken productivity indicators: a positive one in the pair “creatinine – meat productivity” and a negative one in the pairs “urea – weight of inedible carcass part”, “glucose – liver weight” and “cholesterol – slaughter yield”. In turn, comparison of the metabolite profile and the gut microbiome composition showed multiple

associations linking the bacterial community with serum concentrations of malondialdehyde, bilirubin, uric acid, and urea.

Conclusion. The study results expand the understanding of metabolic indicators for monitoring poultry productivity and also for the first time characterize urea as a performance marker that can be controlled via influences on the chicken gut microbiome.

Keywords: broiler chickens; serum metabolome; gut microbiome; agricultural productivity

For citation. Deryabin, D. G., Vlasenko, L. V., Karimov, I. F., & Duskaev, G. K. (2026). Serum metabolomic profile in Arbor Acres broiler chickens: associations with gut microbiome composition and productivity performance. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 18(1), 11–39. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2026-18-1-1389>

Введение

Кровь является жидкой подвижной соединительной тканью внутренней среды организма, выполняющей важнейшие транспортные функции: разносящей необходимые питательные вещества к органам и тканям, а также осуществляющей обратный перенос образующихся продуктов распада [14]. При этом в настоящее время среди переносимых соединений отдельное внимание обращено на малые (массой менее 1000 Да) молекулы, представляющие собой ключевые метаболиты углеводного, липидного и белкового обмена, объединяемые общим понятием «метаболом» [38]. В основе же основанной на этом дисциплины – метаболомики – лежит концепция, согласно которой состав метаболитов крови может достаточно точно характеризовать различные аспекты физиологического или патологического состояния целостного организма [42].

Современные методы исследования позволяют определять в крови сельскохозяйственной птицы до 7191 отдельных метаболитов [49], среди которых наибольшее значение отводится глюкозе (маркер углеводного обмена); холестерину, триглицеридам и малоновому диальдегиду (маркеры липидного обмена); мочеvine, мочевой кислоте и креатинину (маркеры белкового обмена) [35], а также билирубин, образующемуся при распаде гем-содержащих белков и в дальнейшем в составе желчи оказывающему воздействие на процесс кишечного пищеварения. В свою очередь известные примеры использования стандартной или расширенных аналитических панелей уверенно демонстрируют ассоциации метаболомного профиля сыворотки крови с потреблением корма и продуктивностью [33], качеством куриного мяса [18], а также морфологическими характеристиками тушек цыплят-бройлеров [9].

Традиционный взгляд на образование и удаление метаболитов сывотки крови связывает их с особенностями генома сельскохозяйственных животных, кодирующего ключевые ферментативные пути биосинтеза и катаболизма [37]. При этом использование геномного и транскриптомного анализа позволяет объяснить особенности метаболомных профилей генетически различных пород/кроссов кур, а также их ассоциации с вкусовыми различиями мяса [31] и показателями яйценоскости [44].

Новым аспектом обсуждаемой проблемы является образование некоторых метаболитов в просвете пищеварительного тракта с участием нормальной микрофлоры, объединяемой понятием «микробиом», и в дальнейшем поступающих в кровь в неизменном или модифицированном состоянии через стенку кишечника [27]. Подобный подход позволил дать аргументированное объяснение изменению метаболомов между отдельными экспериментальными сериями, предусматривающими воздействие на микробиом сельскохозяйственной птицы с использованием антибиотиков [19], пробиотиков и пребиотиков [51], а также различных кормовых добавок [40].

В целом совокупность накопленных данных свидетельствуют в пользу существования оси «микробиом – метаболом – продуктивность», однако исследования в этом направлении относительно немногочисленны [53] и не охватывают большинство распространенных пород/кроссов

В этой связи *целью* настоящего интегративного исследования является характеристика наиболее значимых метаболитов крови цыплят-бройлеров кросса Arbor Acres с последующим анализом их ассоциаций с составом кишечного микробиома и хозяйственно-полезными морфологическими параметрами тела птицы.

Материалы и методы исследования

В исследование включены 28 групп цыплят-бройлеров кросса Arbor Acres (Aviagen LLC, Россия) численностью 15-30 голов каждая. Птицы 5 контрольных групп получали только двухфазный базовый рацион, рекомендуемый производителем кросса [16]. Разнообразие состава микробиомов, метаболомов и показателей продуктивности птиц 23 экспериментальных групп достигалось введением в аналогичные схемы кормления пробиотической добавки на основе бактерий рода *Bacillus* [24], антибиотика хлортетрациклина [4; 5], а также химически-синтезированных аналогов малых молекул растительного происхождения: гамма-октанолактона, производного кумарина, ванилина/ванилиновой кислоты, гексилрезорцинола и

кверцетина [4; 5; 6; 7; 23; 24; 48]. Содержание птиц осуществлялось в соответствии с нормативами, оговорёнными в Модельном законе Межпарламентской Ассамблеи государств-участников Содружества Независимых Государств «Об обращении с животными», ст.20, № 29-17 от 31.10.2007 г. Детали экспериментов описаны в публикациях [4; 5; 6; 7; 23; 24; 48].

Количественное определение анализируемых параметров проведено в соответствии с принципами надлежащей лабораторной практики, описанными в Национальном стандарте Российской Федерации, ГОСТ Р 53434-2009 [13].

Забор крови для *метаболического анализа* проводился в 42-суточном возрасте из подкрыльцовой вены в вакуумные пробирки с коагулянтом – активатором свертывания (Zhejiang Gongdong Medical Technology Co, Ltd, Китай), после чего сыворотку крови отделяли центрифугированием при 1500 об/мин. Определение ключевых метаболитов: глюкозы, холестерина, триглицеридов, мочевины, мочевой кислоты, креатинина и билирубина проводилось на автоматическом анализаторе CS-T240 (DIRUI Industrial Co, Ltd, Китай) с использованием коммерческих наборов для ветеринарии ДиаВетТест производства ООО «ДИАКОН-ДС» (Россия). Для определения малонового диальдегида проводился тест с тиобарбитуровой кислотой [1] с последующей регистрацией окрашенных продуктов на биохимическом анализаторе Stat Fax 1904 Plus (Awareness Technology, США).

После забора крови для оценки предубойной живой массы птицы взвешивались на прецизионных электронных весах и гуманно забивались с последующей анатомической разделкой тушек [15]. Определяемыми *параметрами продуктивности* цыплят-бройлеров были: масса полупотрошенной и потрошенной тушки; вес грудных, бедренных и других мышц; вес внутренних органов (печень, селезенка, почки); вес костей; на основании чего дополнительно рассчитывались убойный выход, масса съедобной и несъедобной частей тушки, а также их соотношение.

В каждой из контрольной и опытной групп у случайно выбранных цыплят-бройлеров было проведено препарирование кишечника, после чего содержимое парных слепых кишок было асептически отداвлено в стерильные криогенные пробирки, быстро заморожено в сухом льду и помещено на хранение при температуре -80°C в морозильной камере 803CV (Thermo Fisher Scientific, Германия).

При проведении *метагеномного анализа* из отобранных проб была изолирована тотальная ДНК с использованием наборов Fast DNA SPIN Kit for Feces (MP Biomedicals Inc., США) или QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit

(Qiagen GmbH, Германия). Качество выделенной ДНК оценивали с помощью электрофореза в 1% агарозном геле, а концентрацию ДНК определяли с помощью набора для высокочувствительного анализа dsDNA на флуориметре Qubit 4 (Life Technologies, США). Дальнейшая подготовка библиотек ДНК, ориентированных на область V3-V4 гена 16S рРНК, а также их высокопроизводительное парное секвенирование 2×250 п.н. на платформе MiSeq (Illumina Inc., США) выполнено с использованием соответствующих наборов реагентов в соответствии с рекомендациями производителя.

Статистический анализ полученных результатов выполнен с использованием программного пакета Statistica 8.0 (StatSoft Inc., США); первичные и производные данные сохранялись с использованием многофункционального приложения для работы с электронными таблицами. Microsoft Excel 2019 (Microsoft, США).

Результаты исследования и их обсуждение

Проведение комплексного биохимического анализа крови цыплят-бройлеров кросса Arbor Acres позволило количественно охарактеризовать сывороточные концентрации ключевых маркеров углеводного, липидного и белкового метаболизма, представив их в формате медианных [Q1–Q3] значений (табл. 1).

Таблица 1.

Метаболический профиль цыплят-бройлеров кросса Arbor Acres

Table 1. Metabolic profile of Arbor Acres crossbred broiler chickens

Определяемые параметры	Единицы измерений	Медиана	Q1-Q3	Референсные значения РФ*	Референсные значения международные**
Маркер углеводного метаболизма					
Глюкоза	ммоль/л	12,41	11,73–13,33	11,43–27,03	3,22–18,93
Маркеры липидного метаболизма					
Холестерин	ммоль/л	3,21	2,88–3,49	1,99–6,04	0,54–3,88
Триглицериды	ммоль/л	0,31	0,26–0,41	0,43–5,23	0,19–1,82
Малоновый диальдегид	мкмоль/л	1,62	1,37–1,90	нд	нд
Маркеры белкового метаболизма					
Креатинин	мкмоль/л	36,87	27,29–52,70	9,00–53,00	17,68–43,40
Мочевина	ммоль/л	0,64	0,30–0,89	нд	нд
Мочевая кислота	мкмоль/л	132,62	102,49–191,10	167,00–298,00	130,00–830,00

Прочие маркеры					
Билирубин общий	мкмоль/л	0,65	0,49–3,66	2,00–27,00	нд
Билирубин прямой	мкмоль/л	0,44	0,34–0,58	7,00–10,00	нд

Примечания: * – в соответствии с инструкциями к наборам биохимических реагентов для ветеринарии «Глюкоза ДиаВетТест», «Холестерин ДиаВетТест», «Триглицериды ДиаВетТест», «Креатинин ДиаВетТест», «Мочевая кислота ДиаВетТест», «Билирубин общий ДиаВетТест», «Билирубин прямой ДиаВетТест»; ** – в соответствии со значениями, рекомендуемыми для взрослого поголовья кросса Arbor Acres [17], значения конвертированы в ммоль/л и мкмоль/л из г/л и мг/л; нд – референсные значения отсутствуют.

Сравнение полученных величин с референсными диапазонами концентраций данных аналитов, рекомендуемыми разработчиком коммерческих наборов для их определения (ООО «ДИАКОН-ДС», Россия) или аналогичными значениями, приводимыми в зарубежных литературных источниках [17], свидетельствовало о нахождении глюкозы и холестерина в пределах физиологической нормы. На этом фоне содержание триглицеридов и мочевой кислоты в ряде случаев оказывалось ниже российских референсных значений, указываемых для поголовья кур безотносительно их принадлежности к определенному кроссу, но соответствовало диапазонам нормальных значений, указываемых в международных источниках именно для взрослого поголовья кросса Arbor Acres. В свою очередь соответствующие российским нормативам концентрации креатинина в ряде экспериментальных серий несколько превышали таковые, рекомендуемые для цыплят-бройлеров использованного кросса. Для ряда метаболитов (малоновый диальдегид, мочевины) соответствующие референсные значения на момент проведения исследования отсутствовали.

Отдельным наблюдением являлась относительная независимость большинства определяемых маркеров, исключаяющая их дублирующую функцию при описании метаболома. Единичными исключениями являлась взаимосвязь между концентрациями общего и прямого билирубина ($r=+0,76$; $p<0,001$), а также положительная корреляция присутствия мочевины и мочевой кислоты ($r=+0,62$; $p<0,001$), последняя из которых является у птиц продуктом не только пуринового, но и белкового обмена.

Учет морфологических параметров цыплят-бройлеров кросса Arbor Acres подтвердил представления об их высокой продуктивности, сопоставимой с таковой у быстрорастущего кросса Cobb 500 [22] и несколько

превосходящей аналогичные показатели кросса Росс 308 [9]. В частности, предубойная живая масса птиц варьировала в диапазоне Q1–Q3 [2723,42–3122,63] г с медианным значением 2894,67 г, что соответствовало, а в ряде экспериментальных серий несколько превосходило нормативное значение названного параметра (2751,00 г), рекомендуемого для смешанного поголовья кросса Arbor Acres [11]. Последующая процедура разделки приводила к значениям веса полупотрошенной тушки 2440,46 [2305,10–2668,00] г и потрошенной тушки на уровне 1891,06 [1816,43–2073,88] г. Общая мясная продуктивность характеризовалась значением 1222,61 [1182,96–1341,61] г при общей массе костной ткани равной 563,64 [501,51–591,21] г. Масса внутренних органов – печени, почек и селезенки равнялась 53,81 [50,89–60,19] г, 18,81 [18,02–21,25] г и 3,16 [3,02–3,45] г, соответственно. Рассчитанные на данной основе интегральные параметры, оценивающие вес съедобной и несъедобной частей тушки, составили 2027,14 [1899,44–2213,83] г и 807,85 [728,61–849,11] г, а базирующийся на этом показатель убойного выхода показал значение 66,34 [66,00–67,53] %.

Последующий анализ ассоциаций сывороточных маркеров и морфологических показателей цыплят-бройлеров в исследуемых группах позволил зафиксировать четыре коэффициента корреляции с уровнем значимости $p < 0,05$ (рис. 1).

Положительная зависимость установлена в паре «креатинин – мясная продуктивность» ($r = +0,41$; $p = 0,025$) (рис. 1А), что хорошо согласуется с представлениями о данном метаболите как маркере качества и количества мышечной ткани у сельскохозяйственных животных, в частности – бычков мясных пород [52] и свиней разных генотипов [8]. При этом принципиальной основой для подобного взгляда на креатинин является его непосредственная связь с метаболизмом креатина, играющего ключевую роль в энергетическом обмене мышечной и некоторых других видов тканей [41].

На этом фоне другой маркер белкового (азотистого) обмена – мочевины, продемонстрировал тенденцию к прямой ассоциации с массой съедобной части тушки и обратной – с массой её несъедобной части, что в последнем случае характеризовалось статистически значимым отрицательным коэффициентом корреляции $r = -0,37$; $p = 0,043$ (рис. 1Б). Тем самым полученный результат расширяет представления о мочедине как метаболите, характеризующем напряженность белкового обмена, положительно коррелирующем с содержанием общего белка сыворотки крови [12] и в соотношении к креатинину прямо связанном с показателями мясной продуктивности цыплят-бройлеров [9].

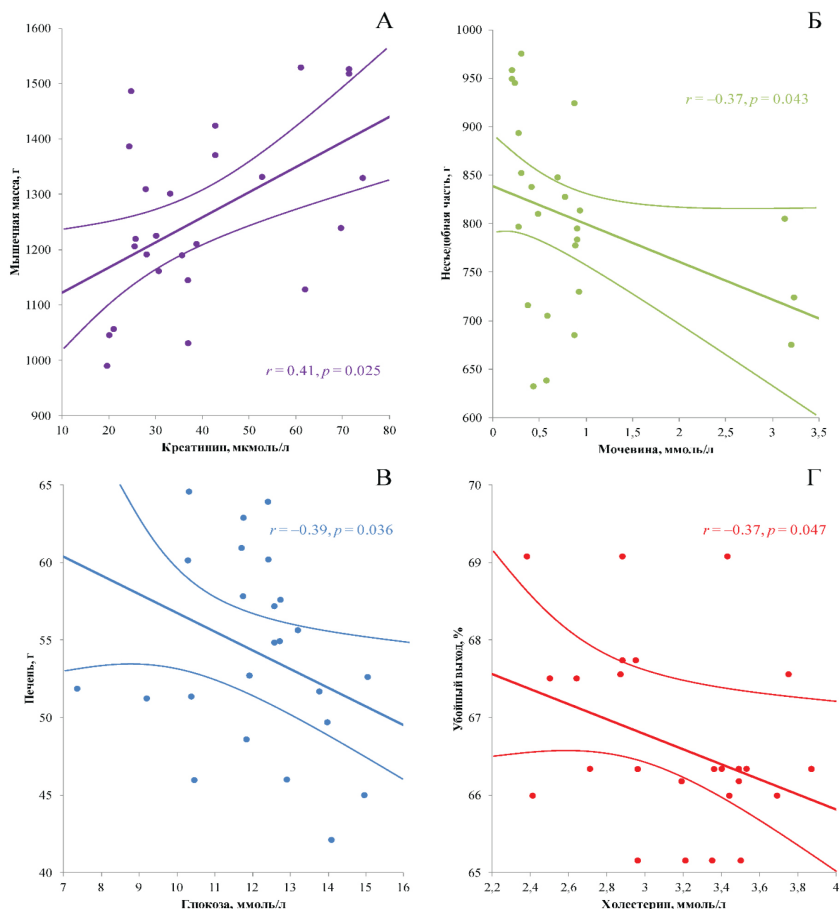


Рис. 1. Ассоциации между биохимическими маркерами сыворотки крови (а – креатинин; б – мочевины; в – глюкоза; г – холестерин) и морфологическими показателями цыплят-бройлеров кросса Arbor Acres (а – мышечная масса; б – несъедобная часть тушки; в – печень; г – убойный выход).

Fig. 1. Associations between serum biochemical markers (a – creatinine; б – urea; в – glucose; г – cholesterol) and morphological parameters of Arbor Acres crossbred broiler chickens (a – muscle mass; б – inedible carcass parts; в – liver; г – dressing yield).

Третьей значимой зависимостью являлась обратная корреляция массы печени от сывороточной концентрации маркера углеводного обмена – глюкозы: $r = -0,39$; $p = 0,036$ (рис. 1В), вероятно отражающая эффективность

конверсии данного мономера в гепатоцитах в коллоидальный полисахарид – гликоген [10].

Еще одним интересным наблюдением стало обнаружение обратной корреляции между показателем убойного выхода и сывороточной концентрацией одного из маркеров липидного обмена – холестерина: $r=-0,37$; $p=0,047$ (рис. 1Г), что по нашим наблюдениям определялось значительным накоплением абдоминального жира, удаляемого при потрошении тушки.

Тем самым совокупность полученных данных позволила определить информативные биохимические маркеры, пригодные для мониторинга ряда параметров продуктивности цыплят-бройлеров кросса Arbor Acres, в том числе при поиске оптимальных режимов их кормления и содержания [47]. Одновременно эти же данные характеризуют обнаруженные взаимосвязи как корреляции умеренной (средней) степени значимости (в диапазоне значений от 0,3 до 0,5) в соответствии с чем названные биохимические параметры должны рассматриваться как влияющие на соответствующие параметры продуктивности, но не являющиеся основными драйверами их формирования.

С целью идентификации метаболических маркеров, частично или полностью контролируемых соответствующей биохимической активностью микробного сообщества пищеварительного тракта цыплят-бройлеров, на завершающем этапе исследования метаболомный профиль сыворотки крови был сопоставлен с составом кишечного микробиома (метагенома).

В итоге проведения множественного параллельного секвенирования переменных участков гена 16S рПНК и последующего биоинформатического анализа в исследуемых микробиомах установлено существенное доминирование филума (типа) *Bacillota*, на наиболее детализированном таксономическом уровне представленного 76 бактериальными родами. Названный филум обнаружен в 100% анализируемых проб, занимая 75,65 [58,00–81,58] % от общей численности идентифицированных прочтений. В свою очередь второй по численности филум – *Bacteroidota*, представленный 8 родами, также обнаруживался во всех без исключения микробиомах, формируя 22,18 [13,49–41,19] % их относительной численности. На этом фоне еще четыре филума (*Actinomycetota*, *Pseudomonadota*, *Cyanobacteriota* и *Thermodesulfobacteriota*) были охарактеризованы как «минорные» компоненты кишечного микробиома, обнаруживаемые не менее чем в 50% анализируемых проб, но составляющие менее процента от их относительной численности. Наконец еще два филума – *Mycoplasmata* и *Verrucomicrobiota* – показали себя как случайные/транзиторные обита-

тели кишечника цыплят-бройлеров Arbor Acres, будучи представленными только одним родом каждый и встречаясь только в 35,71–39,29% анализируемых проб с относительной численностью $\leq 0,01\%$.

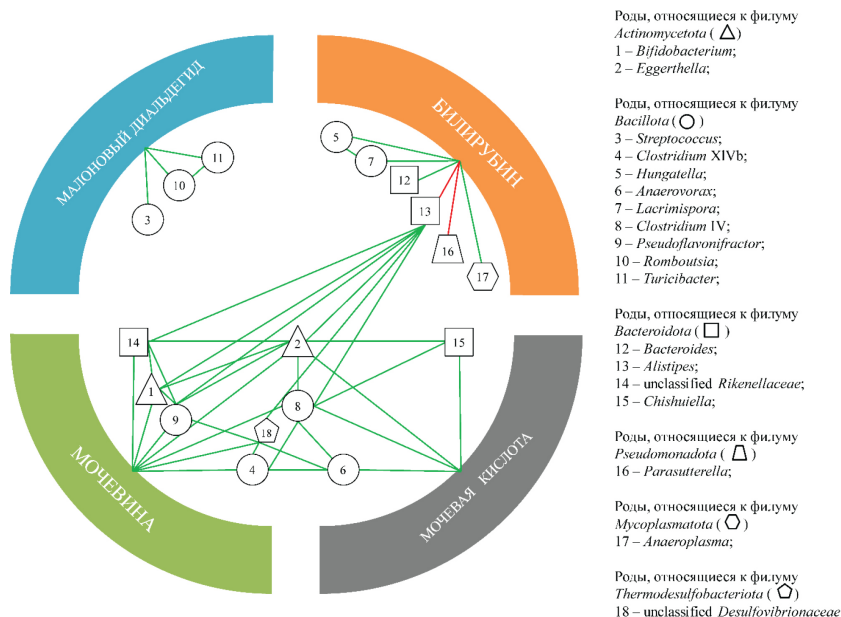


Рис. 2. Ассоциации (прямые – выделены зеленым цветом; обратные – выделены красным цветом), связывающие присутствие определенных бактериальных таксонов (1-18) с повышенным уровнем ряда метаболитов в сыворотке крови цыплят-бройлеров кросса Arbor Acres

Fig. 2. Associations (forward—highlighted in green; reverse—highlighted in red) linking the presence of certain bacterial taxa (1–18) to elevated levels of various metabolites in the blood serum of Arbor Acres crossbred broiler chickens

Полученные данные о присутствии отдельных родов бактерий в кишечных микробиомах были сопоставлены с уровнями анализируемых метаболитов у птиц тех же групп с расчетом связывающих их коэффициентов корреляции. В результате статистически значимые ассоциации ($p < 0,05$) были зафиксированы для 4 метаболитов (малонового диальдегида, билирубина, мочевой кислоты и мочевины), уровень каждого из которых коррелировал с тремя или более бактериальными таксонами (рис. 2). При этом 14 из 18 родов, показавших ассоциации с названными метаболитами, также формировали между собой дополнительные корреляционные

сети, что свидетельствовало в пользу их функционирования как единого микробного сообщества.

Повышенное содержание малонового диальдегида, образующегося в результате перекисного окисления полиненасыщенных жирных кислот [30], оказалось положительно ассоциированным с присутствием трех бактериальных родов – *Streptococcus*, *Romboutsia* и *Turicibacter*, на наиболее высоком таксономическом уровне отнесенных к филуму *Bacillota*. Подобный эффект стрептококков мог определяться их способностью к инициации воспаления, сопровождающегося развитием окислительного стресса [34], а аналогичное действие рода *Turicibacter* объяснялось сходной активностью его полисахарида, инициирующего генерацию значительных количеств активных форм кислорода [39]. На этом фоне прооксидантная активность рода *Romboutsia*, известного своей способностью к утилизации углеводов, ферментации отдельных аминокислот и анаэробному дыханию [28], оказывается значительно менее понятной и может быть техническим следствием его совместного обнаружения с представителями рода *Turicibacter*.

Уровень сывороточного билирубина показал множественные ассоциации с шестью бактериальными таксонами, в том числе положительные – с родами *Hungatella* и *Lacrimispora* (филум *Bacillota*), *Bacteroides* (филум *Bacteroidota*) и *Anaeroplasma* (филум *Mycoplasmata*). Тем самым полученные данные согласуются с накапливающимися данными о важной роли кишечной микробиоты в метаболизме билирубина [50], объясняемом наличием у многих обнаруживаемых здесь бактерий (например, бактероидов) фермента билирубинредуктазы [29]. Катализируемая им реакция превращения билирубина в уробилиноген (стеркобилиноген) замыкает кишечно-печеночный цикл обращения данного метаболита и формирует механизм «двойного контроля» его содержания в сыворотке крови.

На этом фоне наиболее многочисленные ассоциации, связывающие микробное сообщество кишечника цыплят-бройлеров и метаболиты сыворотки крови, установлены для мочевины и мочевой кислоты. При этом два таксона: род *Eggerthella* (филум *Actinomycetota*) и род *Clostridium IV* (филум *Bacillota*) прямо коррелировали с высоким сывороточным содержанием обоих метаболитов, а еще семь бактериальных родов формировали с их участием корреляционную плеяду с обильными внутренними взаимосвязями.

Проведенный для устранения подобной мультиколлинеарности множественный регрессионный анализ связал повышение сывороточных концентраций мочевины с преимущественным присутствием в кишечном микробиоме представителей родов *Eggerthella* ($p=8,91 \times 10^{-10}$) и

Anaerovorax ($p=3,21 \times 10^{-7}$). При этом расчет коэффициента детерминации (R^2) данной модели свидетельствовал о том, что содержание мочевины в сыворотке цыплят-бройлеров почти исключительно определялось составом их кишечного микробиома: $R^2=0,906$ ($p=1,45 \times 10^{-13}$).

Полученные результаты развивают представления об аммонифицирующем сообществе кишечника птицы как важном источнике мочевины [32], после всасывания через стенку кишечника становящейся основой для синтеза широкого спектра заменимых аминокислот [36]. При этом накапливающиеся данные позволяют связать образование мочевины с разнообразными путями метаболизма аминокислот, обнаруженными у протеолитических клостридий [25], аргининдезаминазной активностью *Eggerthella spp.* [46], а также анаэробным расщеплением путресцина с участием *Anaerovorax spp.* [43].

В контексте настоящего исследования также важно, что для трех метаболитов (глюкозы, холестерина и креатинина), показавших значимость в определении ряда параметров продуктивности цыплят-бройлеров (см. выше), ассоциации с составом кишечного микробиома не обнаруживались, что формирует их оценку как гомеостатических параметров, контролируемых исключительно собственными ферментативными активностями организма птицы без участия микробного сообщества.

Заключение

Проведенный анализ впервые позволил получить комплексные представления о профиле ключевых метаболитов углеводного, липидного и белкового обмена в сыворотке крови кросса Arbor Acres, связав его с показателями продуктивности, а также установив значимые ассоциации метаболома с композицией микробиома кишечника птицы.

В условиях недостаточности данных о нормативных значениях проанализированных показателей у смешанного поголовья исследованного кросса [17] совокупность полученных результатов может стать важным шагом к определению соответствующих научно обоснованных референсных значений. Указанное обстоятельство формирует перспективу продолжения исследований в данном направлении, в том числе с идентификацией нормальных диапазонов варьирования метаболических маркеров в зависимости от пола и возраста птицы, а также других параметров, рекомендуемых при решении подобного рода задач [26].

Сопоставление сывороточных концентраций анализируемых метаболитов и морфологических параметров тела цыплят-бройлеров крос-

са Arbor Acres позволило установить четыре значимые ассоциации (рис. 3). При этом существующие представления об информативных маркерах (креатинин, мочеви́на, глюкоза и холестерин), а также механизмах их вовлеченности в обменные процессы в тканях птицы свидетельствуют в пользу причинно-следственного характера выявленных взаимосвязей «маркер-параметр». Тем самым полученный результат обосновывает направленное использование выбранных метаболических маркеров при разработке оптимальных режимов содержания и кормления цыплят-бройлеров [3], а также проведении селекционной работы в отношении сельскохозяйственной птицы разных направлений продуктивности [2].

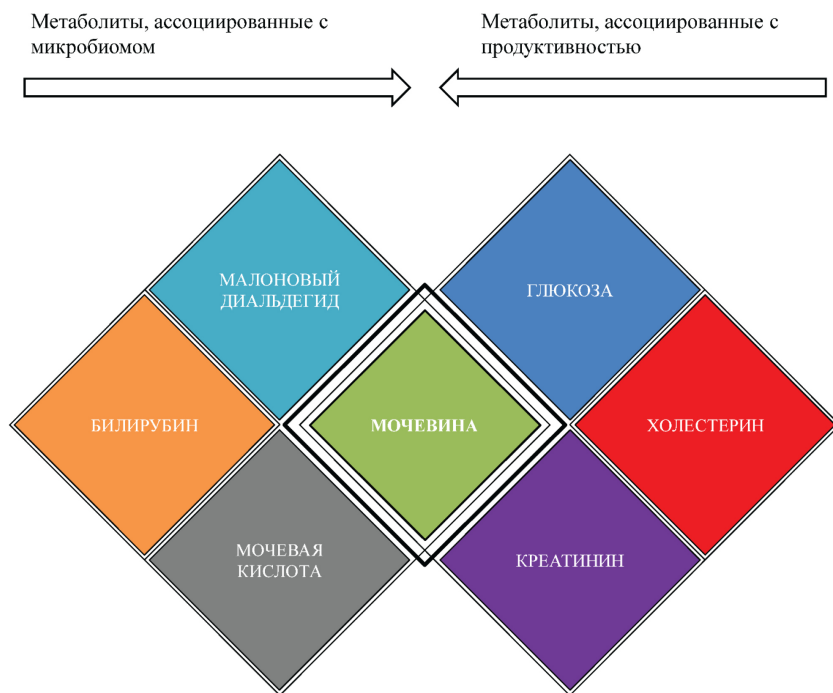


Рис. 3. Метаболические параметры крови цыплят-бройлеров кросса Arbor Acres, контролируемые составом их кишечного микробиома (слева) и ассоциированные с показателями сельскохозяйственной продуктивности (справа).

Fig. 3. Metabolic parameters in the blood of Arbor Acres crossbred broiler chickens, influenced by the composition of their gut microbiome (left) and associated with indicators of agricultural productivity (right).

На этом фоне обнаружение значимых ассоциаций между бактериальным сообществом кишечника цыплят-бройлеров и сывороточным содержанием некоторых маркеров (малоновый диальдегид, билирубин, мочевины и мочевая кислота) развивает представления о микробиоме как новом «органе», существенно расширяющем метаболический потенциал организма птицы за пределы его генетических возможностей [21]. При этом в обсуждаемом контексте наиболее принципиальным представляется ведущее участие микробиома в определении сывороточного уровня мочевины, являющейся одним из ключевых метаболитов белкового обмена и за счет этого ассоциированной с хозяйственно-полезными показателями продуктивности (рис. 3).

Отдельный практически-ориентированный результат проведенного исследования заключается в позиционировании мочевины как перспективного источника небелкового азота в птицеводстве [20], а базирующиеся на этом рекомендации предполагают два основных пути реализации. Во-первых, позитивные эффекты могут быть достигнуты при прямом введении мочевины и содержащих её субстратов в рационы цыплят-бройлеров [45], особенно, в случаях их нахождения на диетах, обедненных белком. Альтернативный подход заключается во включении в кормовые рационы малых молекул растительного происхождения, которые сами по себе не являются источником азота, но изменяют баланс микробиома кишечника птицы в благоприятном направлении. В частности, существенная стимуляция аммонифицирующего сообщества в пищеварительном тракте цыплят-бройлеров кросса Arbor Acres с соответствующим повышением уровня сывороточной мочевины и следующей за этим сельскохозяйственной продуктивности достигалась с использованием ванилина, 7-гидроксикумарина (умбеллиферона) и их сочетаний [23].

Заключение комитета по этике. Протокол исследования одобрен Комитетом по этике животных ФГБНУ ФНЦ БСТ РАН (Постановление № 1/2019 от 25 марта 2019 г. и Постановление № 2/2022 от 28 марта 2022 г.).

Информация о спонсорстве. Экспериментальные группы, получавшие химически синтезированные аналоги молекул растительного происхождения (гамма-октанолактон, производное кумарина, ванилин/ванилиновая кислота, гексилрезорцин, кверцетин) были проанализированы при поддержке гранта Российского научного фонда № 22-16-00036-П. Экспериментальные группы, рацион которых включал пробиотические добавки или антибиотик хлортетрациклин, были исследованы в соответ-

ствии с планом НИР ФГБНУ ФНЦ БСТ РАН FNWZ-2025-0003 (ранее FNWZ-2022-0010).

Благодарности. Коллектив авторов выражает благодарность Центру коллективного пользования научным оборудованием «Персистенция микроорганизмов» (<https://ikvs.info/institut/laboratorii/czkip>) за техническую помощь в проведении анализа микробиома кишечника цыплят-бройлеров.

Список литературы

1. Андреева, Л. И., Кожемякин, Л. А., & Кишкун, А. А. (1988). Модификация метода определения перекисей липидов в тесте с тиобарбитуровой кислотой. *Лабораторное дело*, (11), 41–43. EDN: <https://elibrary.ru/SKGPQJ>
2. Боголюбова, Н. В., Некрасов, Р. В., Зеленченкова, А. А., Рыков, Р. А., Колесник, Н. С., Волкова, Н. А., & Ветох, А. Н. (2022). Биохимический профиль организма кур разного направления продуктивности. *Ветеринария и кормление*, (6), 11–15. <https://doi.org/10.30917/ATT-VK-1814-9588-2022-6-3>. EDN: <https://elibrary.ru/BHDHWV>
3. Вертипрахов, В. Г., Ксенофонтов, Д. А., Колесник, Е. А., & Овчинникова, Н. В. (2022). *Морфо-биохимические исследования крови у сельскохозяйственной птицы* [Учебное пособие]. РГАУ-МСХА имени К. А. Тимирязева. ISBN: 978-5-9675-1938-3. EDN: <https://elibrary.ru/RIUBDQ>
4. Дусакаев, Г. К., Рахматуллин, Ш. Г., Косян, Д. Б., Русакова, Е. А., Кван, О. В., & Левахин, Г. И. (2022). Влияние совместного использования гамма-окталактона и хлортетрациклина в рационе бройлеров: живая масса, эффективность использования корма и микробиом слепого кишечника. *Аграрная наука*, (9), 47–53. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2022-362-9-47-53>. EDN: <https://elibrary.ru/FSEANC>
5. Дусакаев, Г. К., Лазебник, К. С., & Климова, Т. А. (2022). Оценка микробного разнообразия слепого отдела кишечника цыплят-бройлеров при введении ку-марина и кормового антибиотика в рацион. *Вестник Российского университета дружбы народов. Серия: Агрономия и животноводство*, 17(4), 555–566. <https://doi.org/10.22363/2312-797X-2022-17-4-555-566>. EDN: <https://elibrary.ru/FUJJBX>
6. Дусакаев, Г. К., Русакова, Е. А., & Дерябин, Д. Г. (2022). Использование гамма-октанолактона в рационе бройлеров: микробиом кишечника. *Международный вестник ветеринарии*, (4), 152–158. <https://doi.org/10.52419/issn2072-2419.2022.4.152>. EDN: <https://elibrary.ru/XGADAX>
7. Дусакаев, Г. К., Власенко, Л. В., Косян, Д. Б., & Курилкина, М. Я. (2023). Влияние малых молекул растительного происхождения на микробное разнообразие

- слепого отдела кишечника цыплят-бройлеров. *Птицеводство*, (4), 46–51. <https://doi.org/10.33845/0033-3239-2023-72-4-46-51>. EDN: <https://elibrary.ru/SASHWF>
8. Еримбетов, К. Т., Обвинцева, О. В., & Михайлов, В. В. (2018). Особенности метаболизма и формирования мясной продуктивности у свиней разных генотипов. *Проблемы биологии продуктивных животных*, (1), 51–63. <https://doi.org/10.25687/1996-6733.prodanimbiol.2018.1.51-63>. EDN: <https://elibrary.ru/YRPEPF>
 9. Загарин, А. Ю. (2024). Характеристика корреляционных связей между биохимическими показателями крови и морфологическими особенностями цыплят-бройлеров. *Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии*, (4), 140–153. <https://doi.org/10.26897/0021-342X-2024-4-140-153>. EDN: <https://elibrary.ru/IXDVXC>
 10. Кулебякин, К. Ю., Акопян, Ж. А., Кочегура, Т. Н., & Пеньков, Д. Н. (2016). Механизмы транскрипционного контроля обмена глюкозы в печени. *Сахарный диабет*, 19(3), 190–198. <https://doi.org/10.14341/DM2003436-40>. EDN: <https://elibrary.ru/WKBQLJ>
 11. Aviagen. *Нормативные показатели бройлерного поголовья Arbor Acres Plus*. Получено из <https://fermer.ru/files/v2/forum/152289/17a-aa-broiler-po.pdf>
 12. Пикулик, А. А., Бабичева, И. А., & Сенько, А. Я. (2018). Влияние сочетанного применения тетралактобактерина и йодида калия на концентрацию общего белка и мочевины в сыворотке крови цыплят-бройлеров. *Известия Оренбургского государственного аграрного университета*, (5), 271–273. EDN: <https://elibrary.ru/YNDPZZ>
 13. Стандартинформ. (2010). *Принципы надлежащей лабораторной практики*.
 14. Риган, В. Д., Сандерс, Т. Г., & Деникола, Д. Б. (2008). *Атлас ветеринарной гематологии* (Е. Махиянова, Пер.). Аквариум-Принт. ISBN: 978-5-98435-930-6. EDN: <https://elibrary.ru/QKZJZJ>
 15. Салеева, И. П., Лысенко, В. П., Шоль, В. Г., и др. (2015). *Методика проведения исследований по технологии производства яиц и мяса птицы* (В. С. Лукашенко & А. Ш. Кавтарашвили, Ред.). ВНИТИП. ISBN: 978-5-98020-154-8
 16. Aviagen. (2022). *Спецификации бройлерных рационов корма Arbor Acres*. Получено из https://aviagen.com/assets/Tech_Center/BB_Foreign_Language_Docs/RUS_TechDocs/AA_BroilerNutritionSpecifications2022_RU.pdf
 17. Arzour-Lakehal, N., & Boudebza, A. (2021). Biochemical reference intervals in broiler chickens according to age and strain. *Agricultural Science and Technology*, 13(4), 357–364. <https://doi.org/10.15547/ast.2021.04.058>. EDN: <https://elibrary.ru/WAELGP>
 18. Beauclercq, S., Nadal-Desbarats, L., Hennequet-Antier, C., Collin, A., Tesseraud, S., Bourin, M., Le Bihan-Duval, E., & Berri, C. (2016). Serum and muscle metabolom-

- ics for the prediction of ultimate pH, a key factor for chicken-meat quality. *Journal of Proteome Research*, 15(4), 1168–1178. <https://doi.org/10.1021/acs.jproteome.5b01050>
19. Chen, Y., Wang, J., Yu, L., Xu, T., & Zhu, N. (2020). Microbiota and metabolome responses in the cecum and serum of broiler chickens fed with plant essential oils or virginiamycin. *Scientific Reports*, 10. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-60135-x>. EDN: <https://elibrary.ru/WYYZXP>
20. Chowdhury, S. D., Roy, C. R., & Sarker, A. K. (1996). Urea in poultry nutrition — Review. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 9(3), 241–245. <https://doi.org/10.5713/ajas.1996.241>
21. Cox, T. O., Lundgren, P., Nath, K., & Thaiss, C. A. (2022). Metabolic control by the microbiome. *Genome Medicine*, 14(80). <https://doi.org/10.1186/s13073-022-01092-0>. EDN: <https://elibrary.ru/PUTJNY>
22. Das, S., & Aminul Islam, M. (2023). Comparative growth, meat yield and blood lipid profiles of Arbor Acres, Cobb 500 and Lohmann broiler strains. *International Journal of Agriculture Environment and Bioresearch*, 8(3), 55–63. <https://doi.org/10.35410/IJAEB.2023.5828>. EDN: <https://elibrary.ru/ZRZQDP>
23. Deryabin, D. G., Kosyan, D. B., Inchagova, K. S., & Duskaev, G. K. (2023). Plant-derived quorum sensing inhibitors (quercetin, vanillin and umbelliferon) modulate cecal microbiome, reduces inflammation and affect production efficiency in broiler chickens. *Microorganisms*, 11, 1326. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11051326>. EDN: <https://elibrary.ru/DTQURZ>
24. Duskaev, G., Kvan, O., Kosyan, D., Rakhmatullin, S., & Levakhin, G. (2021). Coumarin derivative and *Bacillus cereus* change live weight and cecal ecology in broilers. *AIMS Agriculture and Food*, 6(1), 360–380. <https://doi.org/10.3934/agr-food.2021022>. EDN: <https://elibrary.ru/NBMBIY>
25. Fonknechten, N., Chaussonnerie, S., Tricot, S., Lajus, A., Andreesen, J. R., Perchat, N., Pelletier, E., Gouyvenoux, M., Barbe, V., Salanoubat, M., Le Paslier, D., Weissenbach, J., Cohen, G. N., & Kreimeyer, A. (2010). *Clostridium sticklandii*, a specialist in amino acid degradation: revisiting its metabolism through its genome sequence. *BMC Genomics*, 11(555). <https://doi.org/10.1186/1471-2164-11-555>. EDN: <https://elibrary.ru/NYOTGD>
26. Friedrichs, K. R., Harr, K. E., Freeman, K. P., Szladovits, B., Walton, R. M., Barnhart, K. F., & Blanco-Chavez, J. (2012). ASVCP reference interval guidelines: determination of de novo reference intervals in veterinary species and other related topics. *Veterinary Clinical Pathology*, 41(4), 441–453. <https://doi.org/10.1111/vcp.12006>
27. Fujisaka, S., Watanabe, Y., & Tobe, K. (2023). The gut microbiome: A core regulator of metabolism. *Journal of Endocrinology*, 256(3), e220111. <https://doi.org/10.1530/JOE-22-0111>. EDN: <https://elibrary.ru/FCNYKY>

28. Gerritsen, J., Hornung, B., Ritari, J., Paulin, L., Rijkers, G., Schaap, P. J., De Vos, W. M., & Smidt, H. (2019). A comparative and functional genomics analysis of the genus *Romboutsia* provides insight into adaptation to an intestinal lifestyle. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/845511>
29. Hall, B., Levy, S., Dufault-Thompson, K., Arp, G., Zhong, A., Ndjite, G. M., Weiss, A., Braccia, D., Jenkins, C., Grant, M. R., Abeysinghe, S., Yang, Y., Jermain, M. D., Wu, C. H., Ma, B., & Jiang, X. (2024). BilR is a gut microbial enzyme that reduces bilirubin to urobilinogen. *Nature Microbiology*, 9, 173–184. <https://doi.org/10.1038/s41564-023-01549-x>. EDN: <https://elibrary.ru/UFYZMZ>
30. Hu, W., He, Z., Du, L., Zhang, L., Li, J., Ma, Y., & Bi, S. (2023). Biomarkers of oxidative stress in broiler chickens attacked by lipopolysaccharide: A systematic review and meta-analysis. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 266, 115606. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2023.115606>. EDN: <https://elibrary.ru/QZXKYJ>
31. Indriani, S., Srisakultiew, N., Yuliana, N. D., Yongsawatdigul, J., Benjakul, S., & Pongsetkul, J. (2024). Metabolomic profiles and compositional differences involved in flavor characteristics of raw breast meat from slow- and fast-growing chickens in Thailand. *Poultry Science*, 103(11), 104230. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104230>. EDN: <https://elibrary.ru/IKXEXW>
32. Karasawa, Y. (1989). Ammonia production from uric acid, urea, and amino acids and its absorption from the ceca of the cockerel. *Journal of Experimental Zoology Supplement*, 75–80. <https://doi.org/10.1002/jez.1402520513>
33. Karisa, B. K., Thomson, J., Wang, Z., Li, C., Montanholi, Y. R., Miller, S. P., Moore, S. S., & Plastow, G. S. (2014). Plasma metabolites associated with residual feed intake and other productivity performance traits in beef cattle. *Livestock Science*, 165, 200–211. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.03.002>
34. Kırbaş, A., Kaman, R., Merhan, O., Bozukluhan, K., Değirmençay, S., & Sertaç, M. (2021). Evaluation of acute phase response and oxidative damage in sheep naturally infected with *Streptococcus Pluranimalium* using haptoglobin, nitric oxide, and malondialdehyde levels. *Firat University Veterinary Journal of Health Sciences*, 35(3), 145–150.
35. Krasnodebska-Depta, A., & Koncicki, A. (2000). Physiological values of selected serum biochemical indices in broiler chickens. *Medycyna Weterynaryjna*, 56(7), 456–460.
36. Lee, D. J. (1977). Urease activity in the digestive tract of the chick and its role in the utilisation of urea as a source of non-amino nitrogen. *British Poultry Science*, 18(4), 449–458. <https://doi.org/10.1080/00071667708416385>
37. Li, J., Akanno, E. C., Valente, T. S., Abo-Ismael, M., Karisa, B. K., Wang, Z., & Plastow, G. S. (2020). Genomic heritability and genome-wide association studies

- of plasma metabolites in crossbred beef cattle. *Frontiers in Genetics*, 11. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.538600>. EDN: <https://elibrary.ru/CNXOGS>
38. Lichtenberg, S., Trifonova, O. P., Maslov, D. L., Balashova, E. E., & Lokhov, P. G. (2021). Metabolomic laboratory-developed tests: current status and perspectives. *Metabolites*, 11(7), 423. <https://doi.org/10.3390/metabo11070423>. EDN: <https://elibrary.ru/RETLGK>
39. Lin, T.-C., Soorneedi, A., Guan, Y., Tang, Y., Shi, E., Moore, M. D., & Liu, Z. (2023). Turicibacter fermentation enhances the inhibitory effects of Antrodia camphorata supplementation on tumorigenic serotonin and Wnt pathways and promotes ROS-mediated apoptosis of Caco-2 cells. *Frontiers in Pharmacology*, 14, 1203087. <https://doi.org/10.3389/fphar.2023.1203087>. EDN: <https://elibrary.ru/WSUGZQ>
40. Liu, T., Ruan, S., Mo, Q., Zhao, M., Wang, J., Ye, Z., Chen, L., & Feng, F. (2023). Integrated serum metabolome and gut microbiome to decipher chicken amino acid improvements induced by medium-chain monoglycerides. *Metabolites*, 13(2), 208. <https://doi.org/10.3390/metabo13020208>. EDN: <https://elibrary.ru/IWIRMD>
41. Lu, G., Li, Y., Mao, K., Zang, Y., Zhao, X., Qiu, Q., Qu, M., & Ouyang, K. (2022). Effects of rumen-protected creatine pyruvate on meat quality, hepatic gluconeogenesis, and muscle energy metabolism of long-distance transported beef cattle. *Frontiers in Animal Science*, 3, 904503. <https://doi.org/10.3389/fanim.2022.904503>. EDN: <https://elibrary.ru/ZASGRZ>
42. Marciano, D. P., & Snyder, M. P. (2019). Personalized metabolomics. B: D'Alessandro, A. (Ed.), *High-Throughput Metabolomics* (Methods in Molecular Biology, Vol. 1978). Humana. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9236-2_27
43. Matthies, C., Evers, S., Ludwig, W., & Schink, B. (2000). Anaerovorax odorimutans gen. nov., sp. nov., a putrescine-fermenting, strictly anaerobic bacterium. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 50, 1591–1594. <https://doi.org/10.1099/00207713-50-4-1591>
44. Miao, X., Wu, T., Pan, H., Zhang, Y., Liu, J., Fan, Y., Du, L., Gong, Y., Li, L., Huang, T., & Ning, Z. (2024). Integrative analysis of the ovarian metabolome and transcriptome of the Yaoshan chicken and its improved hybrids. *Frontiers in Genetics*, 15, 1416283. <https://doi.org/10.3389/fgene.2024.1416283>. EDN: <https://elibrary.ru/DUMSNG>
45. Nagalakshmi, D., Sastry, V. R., Katiyar, R. C., Agrawal, D. K., & Verma, S. V. (1999). Performance of broiler chicks fed on diets containing urea ammoniated neem (*Azadirachta indica*) kernel cake. *British Poultry Science*, 40(1), 77–83. <https://doi.org/10.1080/00071669987863>
46. Noecker, C., Sanchez, J., Bisanz, J. E., Escalante, V., Alexander, M., Trepka, K., Heinken, A., Liu, Y., Dodd, D., Thiele, I., DeFelice, B. C., & Turnbaugh, P. J. (2023).

- Systems biology elucidates the distinctive metabolic niche filled by the human gut microbe *Eggerthella lenta*. *PLoS Biology*, 21(5), e3002125. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3002125>. EDN: <https://elibrary.ru/AFXFVY>
47. Qaid, M. M., Al-Mufarrej, S. I., Azzam, M. M., Al-Garadi, M. A., Albaadani, H. H., Alhidary, I. A., & Aljumaah, R. S. (2021). Growth performance, serum biochemical indices, duodenal histomorphology, and cecal microbiota of broiler chickens fed on diets supplemented with cinnamon bark powder at prestarter and starter phases. *Animals*, 11(1), 94. <https://doi.org/10.3390/ani11010094>. EDN: <https://elibrary.ru/AZMFVB>
48. Shajahmetova, E., Deryabin, D., & Duskaev, G. (2021). Gamma lactone and vanillic acid change the microbiome of broiler blind appendage. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 35(S1), S74. EDN: <https://elibrary.ru/NMEVGQ>
49. Tian, J., Zhu, X., Wu, H., Wang, Y., & Hu, X. (2023). Serum metabolic profile and metabolome genome-wide association study in chicken. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 14(69). <https://doi.org/10.1186/s40104-023-00868-7>. EDN: <https://elibrary.ru/RTBIPI>
50. Vitek, L., & Tiribelli, C. (2025). Gut microbiota and bilirubin metabolism: unveiling new pathways in health and disease. *Trends in Molecular Medicine*. <https://doi.org/10.1016/j.molmed.2024.12.007>. EDN: <https://elibrary.ru/BIATBM>
51. Wu, M., Zuo, S., Maiorano, G., Kosobucki, P., & Stadnicka, K. (2022). How to employ metabolomic analysis to research on functions of prebiotics and probiotics in poultry gut health? *Frontiers in Microbiology*, 13, 1040434. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1040434>. EDN: <https://elibrary.ru/BPXNOX>
52. Wuthier, P. R., & Stratton, P. O. (1957). The creatinine level of blood serum as an indicator of carcass composition. *Journal of Animal Science*, 16(4), 961–966. <https://doi.org/10.2527/jas1957.164961x>
53. Yang, S., Yang, Y., Long, X., Li, H., Zhang, F., & Wang, Z. (2023). Integrated analysis of the effects of cecal microbiota and serum metabolome on market weights of Chinese native chickens. *Animals*, 13(19), 3034. <https://doi.org/10.3390/ani13193034>. EDN: <https://elibrary.ru/BPLPAE>

References

1. Andreeva, L. I., Kozhemyakin, L. A., & Kishkun, A. A. (1988). Modification of the method for determining lipid peroxides in the thiobarbituric acid test. *Laboratornoe delo*, (11), 41–43. EDN: <https://elibrary.ru/SKGPQJ>
2. Bogolyubova, N. V., Nekrasov, R. V., Zelenchenkova, A. A., Rykov, R. A., Kolesnik, N. S., Volkova, N. A., & Vetokh, A. N. (2022). Biochemical profile of the body of chickens of different productivity directions. *Veterinariya i kormlenie*, (6), 11–15.

- <https://doi.org/10.30917/ATT-VK-1814-9588-2022-6-3>. EDN: <https://elibrary.ru/BHDHWV>
3. Vertiprakhov, V. G., Ksenofontov, D. A., Kolesnik, E. A., & Ovchinnikova, N. V. (2022). *Morpho-biochemical blood studies in agricultural poultry* [Textbook]. Russian State Agrarian University — Moscow Timiryazev Agricultural Academy. ISBN: 978-5-9675-1938-3. EDN: <https://elibrary.ru/RIUBDQ>
 4. Duskaev, G. K., Rakhmatullin, Sh. G., Kosyan, D. B., Rusakova, E. A., Kvan, O. V., & Levakhin, G. I. (2022). Effect of combined use of gamma-octalactone and chlortetracycline in the broiler diet: Live weight, feed utilization efficiency, and cecum microbiome. *Agrarnaya nauka*, (9), 47–53. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2022-362-9-47-53>. EDN: <https://elibrary.ru/FSEANC>
 5. Duskaev, G. K., Lazebnik, K. S., & Klimova, T. A. (2022). Assessment of microbial diversity in the cecum of broiler chickens when introducing coumarin and a feed antibiotic into the diet. *Vestnik of the Peoples' Friendship University of Russia. Series: Agronomy and Animal Husbandry*, 17(4), 555–566. <https://doi.org/10.22363/2312-797X-2022-17-4-555-566>. EDN: <https://elibrary.ru/FUHJBX>
 6. Duskaev, G. K., Rusakova, E. A., & Deryabin, D. G. (2022). Use of gamma-octalactone in the broiler diet: Intestinal microbiome. *Mezhdunarodnyy vestnik veterinarii*, (4), 152–158. <https://doi.org/10.52419/issn2072-2419.2022.4.152>. EDN: <https://elibrary.ru/XGADAX>
 7. Duskaev, G. K., Vlasenko, L. V., Kosyan, D. B., & Kurilkina, M. Ya. (2023). Effect of small plant-derived molecules on the microbial diversity of the cecum in broiler chickens. *Ptitsevodstvo*, (4), 46–51. <https://doi.org/10.33845/0033-3239-2023-72-4-46-51>. EDN: <https://elibrary.ru/SASHWF>
 8. Erimbetov, K. T., Obvintseva, O. V., & Mikhailov, V. V. (2018). Features of metabolism and formation of meat productivity in pigs of different genotypes. *Problemy biologii produktivnykh zhivotnykh*, (1), 51–63. <https://doi.org/10.25687/1996-6733.prodanimbiol.2018.1.51-63>. EDN: <https://elibrary.ru/YRPEPF>
 9. Zagarin, A. Yu. (2024). Characteristics of correlation relationships between biochemical blood parameters and morphological features of broiler chickens. *Izvestiya of the Timiryazev Agricultural Academy*, (4), 140–153. <https://doi.org/10.26897/0021-342X-2024-4-140-153>. EDN: <https://elibrary.ru/IXDVXC>
 10. Kulebyakin, K. Yu., Akopyan, Zh. A., Kochegura, T. N., & Penkov, D. N. (2016). Mechanisms of transcriptional control of glucose metabolism in the liver. *Sakhar-nyy diabet*, 19(3), 190–198. <https://doi.org/10.14341/DM2003436-40>. EDN: <https://elibrary.ru/WKBQLJ>
 11. Aviagen. *Normative indicators for Arbor Acres Plus broiler stock*. Retrieved from <https://fermer.ru/files/v2/forum/152289/17a-aa-broiler-po.pdf>

12. Pikulik, A. A., Babicheva, I. A., & Senko, A. Ya. (2018). Effect of the combined use of tetralactobacterin and potassium iodide on the concentration of total protein and urea in the blood serum of broiler chickens. *Izvestiya of the Orenburg State Agrarian University*, (5), 271–273. EDN: <https://elibrary.ru/YNDPZZ>
13. Standartinform. (2010). *Principles of good laboratory practice*.
14. Regan, V. D., Sanders, T. G., & Denicola, D. B. (2008). *Atlas of veterinary hematology* (E. Makhyanova, Trans.). Aquarium Print. ISBN: 978-5-98435-930-6. EDN: <https://elibrary.ru/QKZJZJ>
15. Saleeva, I. P., Lysenko, V. P., Shol, V. G., et al. (2015). *Methodology for conducting research on the technology of egg and poultry meat production* (V. S. Lukashenko & A. Sh. Kavtarashvili, Eds.). All-Russian Research and Technological Institute of Poultry. ISBN: 978-5-98020-154-8.
16. Aviagen. (2022). *Arbor Acres broiler feed ration specifications*. Retrieved from https://aviagen.com/assets/Tech_Center/BB_Foreign_Language_Docs/RUS_Tech-Docs/AA_BroilerNutritionSpecifications2022_RU.pdf
17. Arzour-Lakehal, N., & Boudebza, A. (2021). Biochemical reference intervals in broiler chickens according to age and strain. *Agricultural Science and Technology*, 13(4), 357–364. <https://doi.org/10.15547/ast.2021.04.058>. EDN: <https://elibrary.ru/WAELGP>
18. Beauclercq, S., Nadal-Desbarats, L., Hennequet-Antier, C., Collin, A., Tesseraud, S., Bourin, M., Le Bihan-Duval, E., & Berri, C. (2016). Serum and muscle metabolomics for the prediction of ultimate pH, a key factor for chicken-meat quality. *Journal of Proteome Research*, 15(4), 1168–1178. <https://doi.org/10.1021/acs.jproteome.5b01050>
19. Chen, Y., Wang, J., Yu, L., Xu, T., & Zhu, N. (2020). Microbiota and metabolome responses in the cecum and serum of broiler chickens fed with plant essential oils or virginiamycin. *Scientific Reports*, 10. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-60135-x>. EDN: <https://elibrary.ru/WYYZXP>
20. Chowdhury, S. D., Roy, C. R., & Sarker, A. K. (1996). Urea in poultry nutrition — Review. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 9(3), 241–245. <https://doi.org/10.5713/ajas.1996.241>
21. Cox, T. O., Lundgren, P., Nath, K., & Thaiss, C. A. (2022). Metabolic control by the microbiome. *Genome Medicine*, 14(80). <https://doi.org/10.1186/s13073-022-01092-0>. EDN: <https://elibrary.ru/PUTJNY>
22. Das, S., & Aminul Islam, M. (2023). Comparative growth, meat yield and blood lipid profiles of Arbor Acres, Cobb 500 and Lohmann broiler strains. *International Journal of Agriculture Environment and Bioresearch*, 8(3), 55–63. <https://doi.org/10.35410/IJAEB.2023.5828>. EDN: <https://elibrary.ru/ZRZQDP>

23. Deryabin, D. G., Kosyan, D. B., Inchagova, K. S., & Duskaev, G. K. (2023). Plant-derived quorum sensing inhibitors (quercetin, vanillin and umbelliferon) modulate cecal microbiome, reduces inflammation and affect production efficiency in broiler chickens. *Microorganisms*, 11, 1326. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11051326>. EDN: <https://elibrary.ru/DTQURZ>
24. Duskaev, G., Kvan, O., Kosyan, D., Rakhmatullin, S., & Levakhin, G. (2021). Coumarin derivative and *Bacillus cereus* change live weight and cecal ecology in broilers. *AIMS Agriculture and Food*, 6(1), 360–380. <https://doi.org/10.3934/agr-food.2021022>. EDN: <https://elibrary.ru/NBMBIY>
25. Fonknechten, N., Chaussonnerie, S., Tricot, S., Lajus, A., Andreesen, J. R., Perchat, N., Pelletier, E., Gouyvenoux, M., Barbe, V., Salanoubat, M., Le Paslier, D., Weissenbach, J., Cohen, G. N., & Kreimeyer, A. (2010). *Clostridium sticklandii*, a specialist in amino acid degradation: revisiting its metabolism through its genome sequence. *BMC Genomics*, 11(555). <https://doi.org/10.1186/1471-2164-11-555>. EDN: <https://elibrary.ru/NYOTGD>
26. Friedrichs, K. R., Harr, K. E., Freeman, K. P., Szladovits, B., Walton, R. M., Barnhart, K. F., & Blanco-Chavez, J. (2012). ASVCP reference interval guidelines: determination of de novo reference intervals in veterinary species and other related topics. *Veterinary Clinical Pathology*, 41(4), 441–453. <https://doi.org/10.1111/vcp.12006>
27. Fujisaka, S., Watanabe, Y., & Tobe, K. (2023). The gut microbiome: A core regulator of metabolism. *Journal of Endocrinology*, 256(3), e220111. <https://doi.org/10.1530/JOE-22-0111>. EDN: <https://elibrary.ru/FCNYKY>
28. Gerritsen, J., Hornung, B., Ritari, J., Paulin, L., Rijkers, G., Schaap, P. J., De Vos, W. M., & Smidt, H. (2019). A comparative and functional genomics analysis of the genus *Romboutsia* provides insight into adaptation to an intestinal lifestyle. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/845511>
29. Hall, B., Levy, S., Dufault-Thompson, K., Arp, G., Zhong, A., Ndjite, G. M., Weiss, A., Braccia, D., Jenkins, C., Grant, M. R., Abeyasinghe, S., Yang, Y., Jermain, M. D., Wu, C. H., Ma, B., & Jiang, X. (2024). BilR is a gut microbial enzyme that reduces bilirubin to urobilinogen. *Nature Microbiology*, 9, 173–184. <https://doi.org/10.1038/s41564-023-01549-x>. EDN: <https://elibrary.ru/UFYZMZ>
30. Hu, W., He, Z., Du, L., Zhang, L., Li, J., Ma, Y., & Bi, S. (2023). Biomarkers of oxidative stress in broiler chickens attacked by lipopolysaccharide: A systematic review and meta-analysis. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 266, 115606. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2023.115606>. EDN: <https://elibrary.ru/QZXKYJ>
31. Indriani, S., Srisakultiew, N., Yuliana, N. D., Yongsawatdigul, J., Benjakul, S., & Pongsetkul, J. (2024). Metabolomic profiles and compositional differences involved in flavor characteristics of raw breast meat from slow- and fast-growing

- chickens in Thailand. *Poultry Science*, 103(11), 104230. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104230>. EDN: <https://elibrary.ru/IKXEXW>
32. Karasawa, Y. (1989). Ammonia production from uric acid, urea, and amino acids and its absorption from the ceca of the cockerel. *Journal of Experimental Zoology Supplement*, 75–80. <https://doi.org/10.1002/jez.1402520513>
33. Karisa, B. K., Thomson, J., Wang, Z., Li, C., Montanholi, Y. R., Miller, S. P., Moore, S. S., & Plastow, G. S. (2014). Plasma metabolites associated with residual feed intake and other productivity performance traits in beef cattle. *Livestock Science*, 165, 200–211. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.03.002>
34. Kırbaş, A., Kaman, R., Merhan, O., Bozukluhan, K., Değirmençay, S., & Sertaç, M. (2021). Evaluation of acute phase response and oxidative damage in sheep naturally infected with *Streptococcus Pluranimalium* using haptoglobin, nitric oxide, and malondialdehyde levels. *Firat University Veterinary Journal of Health Sciences*, 35(3), 145–150.
35. Krasnodebska-Depta, A., & Koncicki, A. (2000). Physiological values of selected serum biochemical indices in broiler chickens. *Medycyna Weterynaryjna*, 56(7), 456–460.
36. Lee, D. J. (1977). Urease activity in the digestive tract of the chick and its role in the utilisation of urea as a source of non-amino nitrogen. *British Poultry Science*, 18(4), 449–458. <https://doi.org/10.1080/00071667708416385>
37. Li, J., Akanno, E. C., Valente, T. S., Abo-Ismael, M., Karisa, B. K., Wang, Z., & Plastow, G. S. (2020). Genomic heritability and genome-wide association studies of plasma metabolites in crossbred beef cattle. *Frontiers in Genetics*, 11. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.538600>. EDN: <https://elibrary.ru/CNXOGS>
38. Lichtenberg, S., Trifonova, O. P., Maslov, D. L., Balashova, E. E., & Lokhov, P. G. (2021). Metabolomic laboratory-developed tests: current status and perspectives. *Metabolites*, 11(7), 423. <https://doi.org/10.3390/metabo11070423>. EDN: <https://elibrary.ru/RETLGK>
39. Lin, T.-C., Soorneedi, A., Guan, Y., Tang, Y., Shi, E., Moore, M. D., & Liu, Z. (2023). Turicibacter fermentation enhances the inhibitory effects of Antrodia camphorata supplementation on tumorigenic serotonin and Wnt pathways and promotes ROS-mediated apoptosis of Caco-2 cells. *Frontiers in Pharmacology*, 14, 1203087. <https://doi.org/10.3389/fphar.2023.1203087>. EDN: <https://elibrary.ru/WSUGZQ>
40. Liu, T., Ruan, S., Mo, Q., Zhao, M., Wang, J., Ye, Z., Chen, L., & Feng, F. (2023). Integrated serum metabolome and gut microbiome to decipher chicken amino acid improvements induced by medium-chain monoglycerides. *Metabolites*, 13(2), 208. <https://doi.org/10.3390/metabo13020208>. EDN: <https://elibrary.ru/IWIRMD>
41. Lu, G., Li, Y., Mao, K., Zang, Y., Zhao, X., Qiu, Q., Qu, M., & Ouyang, K. (2022). Effects of rumen-protected creatine pyruvate on meat quality, hepatic gluconeogene-

- sis, and muscle energy metabolism of long-distance transported beef cattle. *Frontiers in Animal Science*, 3, 904503. <https://doi.org/10.3389/fanim.2022.904503>. EDN: <https://elibrary.ru/ZASGRZ>
42. Marciano, D. P., & Snyder, M. P. (2019). Personalized metabolomics. B: D'Alessandro, A. (Ed.), *High-Throughput Metabolomics* (Methods in Molecular Biology, Vol. 1978). Humana. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9236-2_27
43. Matthies, C., Evers, S., Ludwig, W., & Schink, B. (2000). *Anaerovorax odorimutans* gen. nov., sp. nov., a putrescine-fermenting, strictly anaerobic bacterium. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 50, 1591–1594. <https://doi.org/10.1099/00207713-50-4-1591>
44. Miao, X., Wu, T., Pan, H., Zhang, Y., Liu, J., Fan, Y., Du, L., Gong, Y., Li, L., Huang, T., & Ning, Z. (2024). Integrative analysis of the ovarian metabolome and transcriptome of the Yaoshan chicken and its improved hybrids. *Frontiers in Genetics*, 15, 1416283. <https://doi.org/10.3389/fgene.2024.1416283>. EDN: <https://elibrary.ru/DUMSNG>
45. Nagalakshmi, D., Sastry, V. R., Katiyar, R. C., Agrawal, D. K., & Verma, S. V. (1999). Performance of broiler chicks fed on diets containing urea ammoniated neem (*Azadirachta indica*) kernel cake. *British Poultry Science*, 40(1), 77–83. <https://doi.org/10.1080/00071669987863>
46. Noecker, C., Sanchez, J., Bisanz, J. E., Escalante, V., Alexander, M., Trepka, K., Heinken, A., Liu, Y., Dodd, D., Thiele, I., DeFelice, B. C., & Turnbaugh, P. J. (2023). Systems biology elucidates the distinctive metabolic niche filled by the human gut microbe *Eggerthella lenta*. *PLoS Biology*, 21(5), e3002125. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3002125>. EDN: <https://elibrary.ru/AFXFVY>
47. Qaid, M. M., Al-Mufarrej, S. I., Azzam, M. M., Al-Garadi, M. A., Albaadani, H. H., Alhidary, I. A., & Aljumaah, R. S. (2021). Growth performance, serum biochemical indices, duodenal histomorphology, and cecal microbiota of broiler chickens fed on diets supplemented with cinnamon bark powder at prestarter and starter phases. *Animals*, 11(1), 94. <https://doi.org/10.3390/ani11010094>. EDN: <https://elibrary.ru/AZMFVB>
48. Shajahmetova, E., Deryabin, D., & Duskaev, G. (2021). Gamma lactone and vanillic acid change the microbiome of broiler blind appendage. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 35(S1), S74. EDN: <https://elibrary.ru/NMEVGQ>
49. Tian, J., Zhu, X., Wu, H., Wang, Y., & Hu, X. (2023). Serum metabolic profile and metabolome genome-wide association study in chicken. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 14(69). <https://doi.org/10.1186/s40104-023-00868-7>. EDN: <https://elibrary.ru/RTBIPI>
50. Vitek, L., & Tiribelli, C. (2025). Gut microbiota and bilirubin metabolism: unveiling new pathways in health and disease. *Trends in Molecular Medicine*. <https://doi.org/10.1016/j.molmed.2024.12.007>. EDN: <https://elibrary.ru/BIATBM>

51. Wu, M., Zuo, S., Maiorano, G., Kosobucki, P., & Stadnicka, K. (2022). How to employ metabolomic analysis to research on functions of prebiotics and probiotics in poultry gut health? *Frontiers in Microbiology*, 13, 1040434. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1040434>. EDN: <https://elibrary.ru/BPXNOX>
52. Wuthier, P. R., & Stratton, P. O. (1957). The creatinine level of blood serum as an indicator of carcass composition. *Journal of Animal Science*, 16(4), 961–966. <https://doi.org/10.2527/jas1957.164961x>
53. Yang, S., Yang, Y., Long, X., Li, H., Zhang, F., & Wang, Z. (2023). Integrated analysis of the effects of cecal microbiota and serum metabolome on market weights of Chinese native chickens. *Animals*, 13(19), 3034. <https://doi.org/10.3390/ani13193034>. EDN: <https://elibrary.ru/BPLPAE>

ВКЛАД АВТОРОВ

Дерябин Д.Г.: разработка концепции научной работы, подготовка рукописи.

Власенко Л.В.: сбор и анализ данных, оформление рукописи по правилам журнала.

Каримов И.Ф.: статистическая обработка, подготовка графического материала.

Дускаев Г.К.: общее руководство проектом.

AUTHOR CONTRIBUTIONS

Dmitry G. Deryabin: study conception and design, drafting of the manuscript.

Ludmila V. Vlasenko: data collection and analysis, design according to the journal rules.

Ilshat F. Karimov: statistical data analysis, preparation of graphic material.

Galimzhan K. Duskaev: overall project management.

ДАННЫЕ ОБ АВТОРАХ

Дерябин Дмитрий Геннадьевич, д-р мед. наук, профессор, ведущий научный сотрудник лаборатории селекционно-генетических исследований в животноводстве *Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий» Российской академии наук*
ул. 9 января, 29, г. Оренбург, 460000, Российская Федерация
dgderyabin@yandex.ru

Власенко Людмила Викторовна, канд. биол. наук, научный сотрудник лаборатории селекционно-генетических исследований в животноводстве *Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий» Российской академии наук*

ул. 9 января, 29, г. Оренбург, 460000, Российская Федерация
lv.efremova@yandex.ru

Каримов Ильшат Файзелгаянович, канд. биол. наук, научный сотрудник лаборатории селекционно-генетических исследований в животноводстве; доцент кафедры эпидемиологии и инфекционных болезней

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий» Российской академии наук; Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Оренбургский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации

ул. 9 января, 29, г. Оренбург, 460000, Российская Федерация; ул. Советская, 6, г. Оренбург, 460014, Российская Федерация
ifkarimov@yandex.ru

Дускаев Галимжан Калиханович, д-р биол. наук, профессор РАН, ведущий научный сотрудник отдела кормления сельскохозяйственных животных и технологии кормов им. С.Г. Леушина

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий» Российской академии наук

ул. 9 января, 29, г. Оренбург, 460000, Российская Федерация
gduskaev@mail.ru

DATA ABOUT THE AUTHORS

Dmitry G. Deryabin, Doctor of Medical Sciences, Professor, Leading Research Assistant, Laboratory of Breeding and Genetic Research in Animal Husbandry
Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences

29, 9 Yanvarya Str., Orenburg, 460000, Russian Federation

dgderyabin@yandex.ru

SPIN-code: 8243-2537

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9578-7947>

ResearcherID: K-5335-2012

Scopus Author ID: 57218145388

Ludmila V. Vlasenko, Candidate of Biological Sciences, Research Assistant, Laboratory of Breeding and Genetic Research in Animal Husbandry

Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences

29, 9 Yanvarya Str., Orenburg, 460000, Russian Federation

lv.efremova@yandex.ru

SPIN-code: 2484-2215

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3790-2783>

ResearcherID: E-8547-2017

Scopus Author ID: 55344908600

Ilshat F. Karimov, Candidate of Biological Sciences, Research Assistant, Laboratory of Breeding and Genetic Research in Animal Husbandry; Associate Professor, Department of Epidemiology and Infectious Diseases

Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences; Orenburg State Medical University of the Ministry of Health of Russia

29, 9 Yanvarya Str., Orenburg, 460000, Russian Federation; 6, Sovetskaya Str., Orenburg, 460014, Russian Federation

ifkarimov@yandex.ru

SPIN-code: 2898-9150

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6853-4242>

ResearcherID: F-2041-2015

Scopus Author ID: 26650061100

Galimzhan K. Duskaev, Doctor of Biological Sciences, Professor RAS, Leading Research Assistant, Department of Feeding for Farm Animals and Feed Technology named after S.G. Leushin

Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences

29, 9 Yanvarya Str., Orenburg, 460000, Russian Federation

gduskaev@mail.ru

SPIN-code: 7297-3319

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9015-8367>

ResearcherID: N-4454-2014

Scopus Author ID: 56192764700

Поступила 05.07.2025

После рецензирования 01.08.2025

Принята 05.08.2025

Received 05.07.2025

Revised 01.08.2025

Accepted 05.08.2025