

Kent Academic Repository

Full text document (pdf)

Citation for published version

Laptev, Georgi Yu., Ilyina, L A, Nikonov, I N, Kochish, Ivan I., Romanov, Michael N, Smolensky, Vladimir I., Panin, A N, Yildirim, Elena A., Novikova, Natalia I., Filippova, Valentina A. and others (2017) [Determination of intestinal microbiocenoses of chickens of the Hisex breed by the T-RFLP method in ontogenesis] «» T-RFLP .

DOI

Link to record in KAR

<https://kar.kent.ac.uk/89535/>

Document Version

Publisher pdf

Copyright & reuse

Content in the Kent Academic Repository is made available for research purposes. Unless otherwise stated all content is protected by copyright and in the absence of an open licence (eg Creative Commons), permissions for further reuse of content should be sought from the publisher, author or other copyright holder.

Versions of research

The version in the Kent Academic Repository may differ from the final published version.

Users are advised to check <http://kar.kent.ac.uk> for the status of the paper. **Users should always cite the published version of record.**

Enquiries

For any further enquiries regarding the licence status of this document, please contact:

researchsupport@kent.ac.uk

If you believe this document infringes copyright then please contact the KAR admin team with the take-down information provided at <http://kar.kent.ac.uk/contact.html>

Сибирское отделение Российской академии наук
Институт химической биологии и фундаментальной медицины

II Всероссийская конференция
с международным участием
**«Высокопроизводительное секвенирование
в геномике»**

18-23 июня 2017 г.

Новосибирск

ПРОГРАММНЫЙ КОМИТЕТ КОНФЕРЕНЦИИ

чл.-корр. Пышный Дмитрий Владимирович
(Сопредседатель конференции)
Институт химической биологии и
фундаментальной медицины СО РАН

ак. Говорун Вадим Маркович
(Сопредседатель конференции)
НИИ физико-химической медицины ФМБА

к.б.н. Кабилов Марсель Расимович
(Ответственный секретарь)
Институт химической биологии и
фундаментальной медицины СО РАН,
ЦКП «Геномика» СО РАН

ак. Власов Валентин Викторович
Институт химической биологии и
фундаментальной медицины СО РАН

ак. Габибов Александр Габибович
Институт биоорганической химии РАН

ак. Лисица Андрей Валерьевич
Институт биомедицинской химии РАН

чл.-корр. Степанов Вадим Анатольевич
НИИ медицинской генетики

чл.-корр. Кочетов Алексей Владимирович
ФИЦ «Институт Цитологии и Генетики СО
РАН»

д.х.н. Карпова Галина Гергиевна
Институт химической биологии и
фундаментальной медицины СО РАН

д.б.н. Фаворова Ольга Олеговна
Российский национальный исследовательский
медицинский университет имени Н.И. Пирогова,
Российский кардиологический научно-
производственный комплекс Минздрава РФ

д.б.н. Графодатский Александр Сергеевич
Институт молекулярной и клеточной биологии
СО РАН, Новосибирский государственный
университет

д.б.н. Равин Николай Викторович
ФИЦ «Фундаментальные основы
биотехнологии» РАН

д.б.н. Прохорчук Егор Борисович
ФИЦ «Фундаментальные основы
биотехнологии» РАН

к.б.н. Трифонов Владимир Александрович
Институт молекулярной и клеточной биологии
СО РАН, Новосибирский государственный
университет

к.б.н. Лapidус Алла Львовна
Центр Алгоритмической биотехнологии, Санкт-
Петербургский государственный университет

к.б.н. Андронов Евгений Евгеньевич
Всероссийский НИИ сельскохозяйственной
микробиологии РАСХН

к.б.н. Максютков Ринат Амирович
Государственный научный центр вирусологии
и биотехнологии «Вектор»

СОДЕРЖАНИЕ

ОРГКОМИТЕТ	2
ОРГАНИЗАТОРЫ	3
СПОНСОРЫ	4

Белок-НК, НК-НК взаимодействия и трансляция

РИБОСОМНЫЙ ПРОФАЙЛИНГ - УНИВЕРСАЛЬНЫЙ ИНСТРУМЕНТ ИЗУЧЕНИЯ РЕГУЛЯЦИИ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ	13
Андреев Д.Е., Шатский И.Н.	
РАЗРУШАТЬ, ЧТОБЫ ЖИТЬ: ОСОБЕННОСТИ КРУГОВОРОТА УБИКВИТИНА В ДИНАМИКЕ	13
Белогуров А.А., Кудряева А.А.	
КЛЕТОЧНЫЕ мЯРНК, УЧАСТВУЮЩИЕ В СПЛАЙСИНГЕ, – ПАРТНЕРЫ РИБОСОМНОГО БЕЛКА eS1 ЧЕЛОВЕКА, ВЫЯВЛЕННЫЕ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МЕТОДА PAR-CLIP ..	14
Гопаненко А.В., Малыгин А.А., Тупикин А.Е., Лактионов П.П., Кабилов М.Р., Карпова Г.Г.	
РЕГИОНЫ ХРОМАТИНА, АССОЦИИРОВАННЫЕ С ЯДРЫШКОМ, – МИШЕНИ РИБОСОМНОГО БЕЛКА uS3, ВЫЯВЛЕННЫЕ С ПОМОЩЬЮ МЕТОДА ChIP-seq.	14
Грошева А.С., Жарков Д.О., Гопаненко А.В., Тупикин А.Е., Кабилов М.Р., Грайфер Д.М., Карпова Г.Г.	
СЕЛЕКЦИЯ IN VITRO 2'-F-МОДИФИЦИРОВАННЫХ РНК-АПТАМЕРОВ, СВЯЗЫВАЮЩИХ БИОЛЮМИНЕСЦЕНТНЫЙ ФОТОПРОТЕИН ОБЕЛИН.	15
Давыдова А.С., Воробьева М.А., Красицкая В.В., Тупикин А.Е., Воробьев П.Е., Кабилов М.Р., Франк Л.А., Веняминова А.Г.	
ИЗУЧЕНИЕ ВНУТРИКЛЕТОЧНОГО МЕТАБОЛИЗМА ПОЛИУБИКВИТИНОВЫХ ЦЕПЕЙ РАЗНОГО ТИПА ВЕТВЛЕНИЯ	15
Кудряева А.А., Тупикин А.Е., Кабилов М.Р., Белогуров А.А.	
ИССЛЕДОВАНИЕ ФУНКЦИЙ РИБОСОМНЫХ БЕЛКОВ ЧЕЛОВЕКА В РЕГУЛЯЦИИ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ НА УРОВНЕ ТРАНСЛЯЦИИ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ РИБОСОМНОГО ПРОФАЙЛИНГА	16
Малыгин А.А., Гопаненко А.В., Антропов Д.Н., Мелентьев В.С., Бартули Ю.С., Тупикин А.Е., Кабилов М.Р., Карпова Г.Г.	
ПРИМЕНЕНИЕ МЕТОДА FLOWSEQ ДЛЯ АНАЛИЗА ЭФФЕКТИВНОСТИ ТРАНСЛЯЦИИ БИБЛИОТЕК БАКТЕРИАЛЬНЫХ мРНК	16
Сергиев П.В., Евфратов С.А., И.А. Остерман, Е.С. Комарова, А.М. Погорельская, М.П. Рубцова, Е.С. Кострюкова, М.Р. Кабилов, Е. Бурнаев, М.С. Гельфанд, В.М. Говорун, А.А. Богданов, О.А. Донцова	
SINGLE-NUCLEUS HI-C REVEALS UNIQUE CHROMATIN REORGANIZATION AT OOCYTE-TO-ZYGOTE TRANSITION.	17
Flyamer IM, Gassler J, Imakaev M, Brandão HB, Ulianov SV, Abdennur N, Razin SV, Mirmir LM, Tachibana-Konwalski K	
A NOVEL CROSSLINKING AND IMMUNOPRECIPITATION METHOD REVEALS THE FUNCTION OF CSTF2TAU IN ALTERNATIVE PROCESSING OF SNRNAs	17
Kargarolova Y., Levin M., Danckwardt S.	
THE CHICKEN HI-C DATA REVEAL THE RELATIONS BETWEEN THE LOCAL GENOME PROPERTIES AND THE CHROMOSOME ARCHITECTURE.	18
Nuriddinov M.A., Fishman V.S., Battulin N.R., Maslova A.V., Serov O.L., Krasikova A.V.	

NGS и анализ данных

ПРОЦЕДУРА ТРИММИНГА МЕТАГЕНОМНЫХ ДАННЫХ, ПОЛУЧЕННЫХ ПУТЕМ ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ АМПЛИКОНОВ	19
Букин Ю.С., Галачянц Ю.П.	
ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНАЯ ЭКСПРЕССИЯ И АЛЬТЕРНАТИВНЫЙ СПЛАЙСИНГ В КУЛЬТУРАХ КЛЕТОК ГЛИОМ ПО ДАННЫМ RNA-SEQ.	19
Губанова Н.В., Брагин А.О., Бабенко В.Н., Гайтан А.С., Кривошапкин А.Л., Ю.Л. Орлов	
МЕТОД ВСЕСТОРОННЕГО АНАЛИЗА РЕПЕРТУАРА Т-КЛЕТОЧНЫХ РЕЦЕПТОРОВ. ..	20
Израельсон М., Наконечная Т.О., Шугай М., Британова О.В.	
«МУЛЬТИОМИКС» ДЛЯ ИССЛЕДОВАНИЯ ГЕТЕРОГЕННОСТИ ПРОТЕОМА.	20
Киселева О.И., Поверенная Е.В.	
МОЛЕКУЛЯРНОЕ БАРКОДИРОВАНИЕ КАК СРЕДСТВО БЕЗОШИБОЧНОГО АНАЛИЗА РЕПЕРТУАРА АНТИТЕЛ	21
Лебедин М.Ю., Турчанинова М.А., Давыдов А.Н., Чудаков Д.М.	
СТАТИСТИЧЕСКИЕ ОЦЕНКИ ОШИБОК КОРОТКИХ ПРОЧТЕНИЙ ДНК ПРИ ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНОМ СЕКВЕНИРОВАНИИ.	21
Васильев Г.В., Орлова Н.Г., Абнизова И.И., те Боекхорст Р., Орлов Ю.Л.	
СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ МЕТОДОВ ПРЕДСКАЗАНИЯ G-КВАДРУПЛЕКСНЫХ СТРУКТУР НА ОСНОВЕ ДАННЫХ ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ГЕНОМА ЧЕЛОВЕКА.	22
Пузанов М.А., Бениаминов А.Д., Щелкина А.К., Лившиц М.А., Каложный Д.Н.	
АНАЛИЗ ГЕНОМНЫХ ПОЛИМОРФИЗМОВ В ПОПУЛЯЦИЯХ С ПОМОЩЬЮ СЕКВЕНИРОВАНИЯ НА ПРИМЕРЕ ВЫБОРКИ МОНГОЛОВ КИТАЯ	22
Табаханова Л.Э., Чен М., Бай Х., Осипова Л.П., Орлов Ю.Л.	

МЕТОД НОРМАЛИЗАЦИИ ГЕНОМНОЙ ДНК С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ДУПЛЕКС-СПЕЦИФИЧЕСКОЙ НУКЛЕАЗЫ КАМЧАТСКОГО КРАБА.	23
Шагин Д.А., Шагина И.А.	
ГЕНОМ-ЦЕНТРИРОВАННАЯ ИНФОРМАЦИОННАЯ СИСТЕМА АНАЛИЗА И ИНТЕРПРЕТАЦИИ ОМИКНСКИХ ДАННЫХ ЧЕЛОВЕКА	23
Шлихт А.Г., Краморенко Н.В.	
ANALYSIS OF 3D CHROMOSOME CONTACTS USING SEQUENCING TECHNOLOGIES. ..	24
Thierry O., Dergilev A.I., Orlov Y.L.	
BIODICA: AN ADVANCED METHODOLOGY FOR ANALYSIS OF CANCER TRANSCRIPTOME PROFILES FROM GENOMIC PLATFORMS.	24
Kairov U.Ye., Molkenov A.B., Kalykbergenov Ye.M., Zinoviyev A.Yu.	
GTRD: A DATABASE OF TRANSCRIPTION FACTOR BINDING SITES IDENTIFIED BY CHIP-SEQ EXPERIMENTS	25
Yevshin I.S., Sharipov R.N., Valeev T.F., Kel A.E., Kolpakov F.A.	
START CODONS AND MRNA TRANSLATION EFFICIENCY PREDICTION USING RIBOSEQ-BASED WEIGHT MATRICES	25
Kondrakhin Yu. V., Sharipov R. N., Volkova O. A.	
TASK DRIVEN CONVERSION OF THE SPAdes GENOME ASSEMBLER INTO A FAMILY OF SPAdes TOOLS	26
Lapidus A., Korobeynikov A., Antipov D., Bankevich A., Bushmanova E., Gurevich A., Meleshko D., Mikheenko A., Nurk S., Pribelski A., Safonova Y., Saveliev V., Pevzner P.	
METHOD OF LIBRARY PREPARATION FOR HIGH SENSITIVE DNA SEQUENCING.	26
Pisareva E.E., Gornostaeva E.V., Shamanin V.A., Kovalenko S.P.	
USING MACHINE LEARNING APPROACH TO IMPROVE BASE CALLING IN NEXT GENERATION SEQUENCING DATA	27
N.E. Russkikh, D.V. Antonets	
RIBO-SEQ DB – A REPOSITORY OF SELECTED HUMAN AND MOUSE RIBO-SEQ AND RNA-SEQ DATA.	27
Sharipov R.N., Yevshin I.S., Kondrakhin Yu.V., Volkova O.A.	
ANALYSIS OF GENE EXPRESSION RELATED TO AGGRESSIVE BEHAVIOR ON ANIMAL MODELS	28
Tabanyuhov K.A., Mazurina E.P., Chadaeva I.V., Kozhemyakina R.V., Orlov Y.L.	
ASSESSMENT OF TRANSLATION EFFICIENCY FROM RIBO-SEQ AND MRNA-SEQ DATA ..	28
Yevshin I.S., Sharipov R.N., Volkova O.A.,	

Метагеномика

ЭВОЛЮЦИОННЫЙ И АДАПТАЦИОННЫЙ ПОТЕНЦИАЛ ПОЧВЕННОГО МИКРОБИОМА.	29
Андронов Е.Е., Иголкина А.А., Проворов Н.А.	
ТАКСОНОМИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ПРОТЕОБАКТЕРИЙ В ХОЛОДНОМ ИСТОЧНИКЕ БУКСЫХЕН-СЕРДЕЧНЫЙ (БУРЯТИЯ)	29
Банзаракцаева Т.Г., Дамбинова Е.Ц.	
СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ БАКТЕРИАЛЬНЫХ СООБЩЕСТВ ОЗЕРА БАЙКАЛ В ПОДЛЕДНЫЙ ПЕРИОД И ПЕРИОД ОТКРЫТОЙ ВОДЫ	30
Башенхаева М.В., Захарова Ю.Р., Галачянц Ю.П., Ханаев И.В., Лихошвай Е.В.	
МЕТАГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ БАКТЕРИАЛЬНЫХ СООБЩЕСТВ БАЙКАЛЬСКИХ ГУБОК ВЫЯВИЛ НОВЫЕ СВОЙСТВА СООБЩЕСТВА, АССОЦИИРОВАННЫХ С ВАКАЛОСПОНГИА INTERMEDIA СЕВЕРНОГО БАЙКАЛА.	30
Галачянц Ю.П., Бельи О.И., Кабилов М.Р., Тимошкин О.А., акад. Грачев М.А.	
ИЗУЧЕНИЕ МОЛЕКУЛЯРНЫХ МЕХАНИЗМОВ УСТОЙЧИВОСТИ ГРИБА РОДА <i>PENICILLIUM</i> К ВЫСОКИМ КОНЦЕНТРАЦИЯМ МЫШЬЯКА И МЕДИ.	31
Глухова Л.Б., Груздев Е.В., Белецкий А.В., Стрелкова Е.В., Карначук О.В., Равин Н.В., Марданов А.В.	
СТРУКТУРА МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА ПРИБРЕЖНОЙ ВОДЫ ОЗЕРА БАЙКАЛ ..	31
Дагурова О.П., Зайцева С.В., Гаранкина В.П., Батурина О.А., Кабилов М.Р.	
ИЗМЕНЕНИЕ СОСТАВА МИКРОБИОТЫ КИШЕЧНИКА ПРИ ФОРМИРОВАНИИ УСТОЙЧИВОСТИ НАСЕКОМЫХ К ЭНТОМОПАТОГЕННЫМ БАКТЕРИЯМ	32
Гризанова Е.В., Поленогова О.В., Аликина Т.Ю., Кабилов М.Р., Дубовский И.М.	
ИЗУЧЕНИЕ ЗАВИСИМОСТЕЙ МЕЖДУ СТРУКТУРОЙ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ КИШЕЧНИКА И АКТИВНОСТЬЮ ПИЩЕВАРИТЕЛЬНЫХ ФЕРМЕНТОВ ОРГАНИЗМА ПТИЦЫ.	32
Егоров И.А., Ильина Л.А., Никонов И.Н., Лаптев Г.Ю., Ленцова Т.Н., Манукян В.А., Ильдирым Е.А., Новикова Н.И., Филиппова В.А., Грозина А.А., Вертипрахов В.Г., Егорова Т.А.,	
МЕТАГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ ДЛЯ ИССЛЕДОВАНИЯ ЦИКЛА МЕТАНА В ОЗЕРЕ БАЙКАЛ.	33
Земская Т.И., Ломакина А.В., Захаренко А.С., Хальзов И.А., Чернищина С.М., Шубенкова О.В., Павлова О.Н., Букин С.В., Галачянц Ю.П., Морозов И.В.	
ОПРЕДЕЛЕНИЕ МИКРОБИОЦЕНОЗОВ КИШЕЧНИКА КУР ПОРОДЫ «ХАЙСЕК» МЕТОДОМ T-RFLP В ОНТОГЕНЕЗЕ.	33
Лаптев Г.Ю., Ильина Л.А., Никонов И.Н., Кочич И.И., Романов М.Н., Смоленский В.И., Панин А.Н., Ильдирым Е.А., Новикова Н.И., Филиппова В.А., Дубровин А.В.	

МЕТАГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ ДЛЯ ИССЛЕДОВАНИЯ ЦИКЛА МЕТАНА В ОЗЕРЕ БАЙКАЛ

Земская Т.И.^{1*}, Ломакина А.В.¹, Захаренко А.С.¹, Хальзов И.А.¹, Черницына С.М.¹, Шубенкова О.В.¹, Павлова О.Н.¹, Букин С.В.¹, Галачьянц Ю.П.¹, Морозов И.В.^{2,3}

1 Лимнологический институт СО РАН, Иркутск

2 Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, Новосибирск

3 Новосибирский государственный университет

*e-mail: tzema@lin.irk.ru

С помощью платформ высокопроизводительного секвенирования Roche 454 и Illumina (ЦКП «Геномика» СО РАН) исследовано разнообразие микробных сообществ донных осадков и водной толщи озера Байкал и их участие в цикле метана. На основе анализа последовательностей генов 16S рРНК в сообществах всех районов озера Байкал идентифицированы аэробные метанотрофные бактерии разного типа, относящиеся к классам гамма- и альфапротеобактериям, а также неклассифицированные представители филума *Verrucomicrobia*. Разнообразие микроорганизмов определялось составом поступающих углеводов, а в водной толще – поступающей со стоком рек автохтонной микрофлорой. Филогенетический анализ последовательностей генов 16S рРНК и функциональных генов *pmoA* и *mxaF* свидетельствует о наличии специфичных для оз. Байкал кластеров, образующих отдельные группы, включающие некультивируемых гомологов с неустановленным метаболизмом. Оценка разнообразия бактерий в сообществах по последовательностям генов 16S рРНК дает более широкий спектр потенциально метанотрофных бактерий, чем выявляется по последовательностям функциональных генов *pmoA* и *mxaF*. В

осадках озера Байкал установлено наличие широкого спектра архей, в том числе анаэробных метанотрофов группы ANME-2d. Представители этой группы могут осуществлять анаэробное окисление метана (АОМ) за счет обратного метаногенеза при участии нитрата в качестве акцептора электронов [1]. Археи «байкальских линий» [2] отмечены только в районах разгрузок газосодержащих флюидов. Наиболее представленные последовательности кластера Baikal-1 отнесены к Group C3 (*Thaumarchaeota*), кластера Baikal-2 к порядку *Desulfurococcales*, для которых показано участие в ферментации органического вещества до ацетата и водорода. Основные процессы окисления метана в аэробных и анаэробных условиях подтверждены экспериментами *in vitro*.

Работа выполнена при поддержке Интеграционного проекта 4.1.1 ИИЦ СО РАН и Гос. задания 0345-2016-0007.

1. M.F. Haroon, S. Hu, Y. Shi, M. Imelfort, J. Keller, P. Hugenholtz et al. (2013). Anaerobic oxidation of methane coupled to nitrate reduction in a novel archaeal lineage. *Nature*, **500**: 567–570.
2. V.V. Kadnikov, A.V. Mardanov, A.V. Beletsky, O.V. Shubenkova, T.V. Pogodaeva, T.I. Zemskaya et al. (2012). Microbial community structure in methane hydrate-bearing sediments of freshwater Lake Baikal, *FEMS Microbiol. Ecol.*, **79**:348–358.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ МИКРОБИОЦЕНОЗОВ КИШЕЧНИКА КУР ПОРОДЫ «ХАЙСЕК» МЕТОДОМ T-RFLP В ОНТОГЕНЕЗЕ.

Лаптев Г.Ю.^{1*}, Ильина Л.А.¹, Никонов И.Н.¹, Кочиш И.И.², Романов М.Н.², Смоленский В.И.², Панин А.Н.², Йылдырым Е.А.¹, Новикова Н.И.¹, Филиппова В.А.¹, Дубровин А.В.¹

1 Общество с ограниченной ответственностью «БИОТРОФ+», Санкт-Петербург 1

2 ФГБОУ ВО МГАВМиБ – Московская ветеринарная академия им. К.И. Скрябина, Москва

*e-mail: ilina@biotrof.ru

Цель работы: выявление структуры и таксономического состава микроорганизмов слепых отростков ЖКТ кур породы «Хайсек» в онтогенезе с применением комплекса молекулярно-генетических методов.

Исследования состава бактериального сообщества слепых отростков кишечника 40-, 155- и 315-суточных кур-несушек (по 3 из каждой группы) проводили молекулярно-генетическими методами (T-RFLP и ПЦР в реальном времени).

У исследуемой птицы в онтогенезе происходило развитие микробного сообщества ЖКТ, изменение содержания и появление новых микроорганизмов. Отмечено, что спектр выявляемых бактерий был выше у 40- и 155-суточной птицы (221±11 и 258±9 филотипов соответственно) по сравнению с 315-суточными курами-несушками (178±8 филотипов). Также у 315-суточной птицы выявлено наименьшее содержание неидентифицированных филотипов.

В слепых отростках ЖКТ взрослой птицы выявлено изменение доминирующих таксономических групп микроорганизмов – более высокая доля бактерий кислот-утилизи-

рующих бактерий класса *Negativicutes*, целлюлозолитиков класса *Clostridia*. Обратная тенденция наблюдалась в отношении бактерий классов *Bifidobacteriales*, *Bacillales*. Больше содержание лактобактерий порядка *Lactobacillales* наблюдалась у 315-суточных кур-несушек (33,15±1,05%) по сравнению с 40- (5,13±0,23%) и 155-суточной (24,58±0,86%) птицей.

Разнообразие и количество бактерий в слепых отростках ЖКТ, которых традиционно относят к возбудителям различных заболеваний птицы, из родов *Enterobacter*, *Pantoea*, *Listeria*, *Acinetobacter*, *Mycoplasma*, семейств *Campylobacteraceae*, *Pasteurellaceae*, филума *Fusobacteria* увеличивается с возрастом птицы.

Таким образом, в ходе молекулярно-генетических исследований был определен видовой состав микробиоценозов слепых отростков ЖКТ кур яичной породы «Хайсек» в онтогенезе.

Исследования выполнены при поддержке Министерства образования и науки Российской Федерации, Договор №14.W03.31.0013 от 20.02.2017 г.

АВТОРСКИЙ АЛФАВИТНЫЙ УКАЗАТЕЛЬ

Лаптев Г.Ю.	32, 33, 38	Попова К.И.	59	Ульянцев В.И.	38
Ларин А.К.	46	Попова К.О.	72	Фадеев А.В.	51
Лебедев И.Н.	86–87, 90	Посух О.Л.	91	Федорова М.С.	59
Лебедин М.Ю.	21	Потапов С.А.	48	Федорова С.А.	91
Лемза А.Е.	46	Проворов Н.А.	29	Федосеева Л.А.	75
Ленкова Т.Н.	32, 38	Прокопов Д.Ю.	78, 79, 80	Федотова А.В.	60
Леонов С.В.	51	Проскура А.Л.	91	Феранчук С.И.	35, 63
Лившиц М.А.	22	Прохорчук Е.Б.	73, 82	Филипенко М.Л.	72
Лисицина Е.С.	46	Птицын А.Б.	37	Филипова В.А.	32–33, 38
Литовка Н.П.	88	Пузанов Г.А.	85, 89	Филошин М.А.	65
Лихошвай Е.В.	30, 36	Пузанов М.А.	22	Фисунов Г.Ю.	50
Логачева М.Д.	49, 53, 60, 63	Пузырев В.П.	83	Фишман В.С.	84, 87
Ломакина А.В.	33	Путинцева Ю.А.	63	Флегонтов П.Н.	49
Мазур А.М.	82	Равин Н.В.	31, 34, 36, 39, 41, 64–65	Франк Л.А.	15
Майкова О.О.	35	Раднагуруева А.А.	35, 39, 41	Хальзов И.А.	33
Макеева О.А.	82	Ратушняк А.С.	91	Ханаев И.В.	30, 35
Макеев В.Ю.	53	Рахимова С.Е.	87	Хафизов К.Ф.	60
Маколов С.В.	63	Рихтер В.А.	77, 86, 88, 90	Храмсева Е.Е.	74
Максютов Р.А.	46	Рожмина Т.А.	62	Хуснутдинова Э.К.	91
Макунин А.И.	71–72, 75–76, 78–80	Романенко С.А.	75, 79–80	Цыбин А.Н.	63
Мальгин А.А.	14, 16	Романов Г.П.	91	Чен М.	22
Малярчук Б.А.	88	Романов М.Н.	33	Чердынцева Н.В.	83
Манолов А.И.	46	Рубцова М.П.	16	Черкасова М.Е.	48, 52
Манукян В.А.	32, 38	Рубцов Н.Б.	77	Черницына С.М.	33
Марданов А.В.	31, 36, 39, 41, 64–65	Руденская Ю.А.	49	Чернов А.С.	44
Марков А.В.	83	Руднева Л.В.	40	Чикаев Н.А.	76
Мартинек П.	59	Румянцева М.Л.	48, 49, 52, 62	Чудаков Д.М.	21
Марусин А.В.	82	Савельева А.В.	88, 90	Шагина И.А.	23
Матюгина Е.Б.	37	Савиновская Ю.И.	90	Шагин Д.А.	23
Мелентьев В.С.	16	Сазонов Н.Н.	91	Шаров В.В.	63
Мельникова Н.В.	59, 61–62, 85	Саксаганская А.С.	49, 62	Шартл М.	80
Мензоров А. Г.	84	Самаров Н.И.	47	Шаршов К.А.	45, 50–52
Метспалу М.	91	Семашко Т.А.	46, 50	Шаталов А.А.	53
Метспалу Э.	91	Семенов Д.В.	77, 86, 88, 90	Шатский И.Н.	13
Минчева Е.В.	37	Сенченко В.Н.	89	Швалов А.Н.	46
Мирджамалова Н.А.	44	Сергиев П.В.	16	Шеленков А.А.	64
Мирошников К.А.	47	Сердюкова Н.А.	75, 78, 80	Шендер В.О.	77, 86
Мирошников К.К.	47	Серов О.Л.	87	Шестопапов А.М.	45, 50–52
Молкенов А.Б.	87	Симаров Б.В.	62	Шимов И.В.	40
Морозов И.В.	33	Скрябин К.Г.	64–65, 73	Шипулин Г.А.	60
Мунтян А.Н.	62	Скрябин Н.А.	86–87, 90	Шлихт А.Г.	23
Мунтян В.С.	48–49, 52, 62	Славохотова А.А.	64	Шнайдер Т.А.	84
Муравенко О.В.	59, 61	Слепцов А.А.	83, 87	Шнейдер М.М.	47
Мурашкина Т.А.	45, 51–52	Смоленский В.И.	33	Штратникова В.Ю.	49, 53
Назаренко М.С.	83	Снежкина А.В.	59, 85	Шубенкова О.В.	33
Назаркина Ж.К.	89	Соболев И.А.	45, 50–52	Шугай М.	20
Наконечная Т.О.	20, 85	Соловьев А.В.	91	Шульга О.А.	64–65
Небесных И.А.	35	Сорокоумов Е.Д.	91	Шуныков М.В.	71
Недолужко А.В.	73	Сперанская А.С.	60, 61	Щелканов М.Ю.	50, 52
Николаев А.Ю.	36	Старикова Е.В.	40	Щелкина А.К.	22
Никонов И.Н.	32, 33, 38	Старков А.И.	40	Щелкунов М.И.	49, 53
Новиков А.Д.	53	Степанова Алёна О.	79	Щелкунов С.Н.	46
Новикова Н.И.	32–33, 38	Степанова С.А.	44	Щенникова А.В.	64–65
Новикова О.А.	89	Степанов В.А.	82	Щербаков Д.Ю.	37
Нуштаева А.А.	77, 86	Степанов Г.А.	77, 86	Щербаков П.Л.	46
Оводов Н.Д.	71–72	Стефанова Н.А.	80	Эльдаров М.А.	41
Одинцова Т.И.	64	Стрелкова Е.В.	31	Эрдынеева Е.Б.	41
Олехнович Е.И.	38	Табиханова Л.Э.	22	Юрлов А.К.	51
Орешкова Н.В.	63	Танащук Т.Н.	41	Яненко А.С.	53
Орлова Н.Г.	21	Таранин А.В.	76	Abdennur N	17
Орлов Ю.Л.	19, 21–22	Татарнинова Т.В.	73	Adonina I.G.	69
Осипова Л.П.	22	Таширева Л.А.	84	Afonnikov D.A.	65, 70
Остерман И.А.	16	Тимошкин О.А.	30	Aisina D.E.	92
Павлова О.Н.	33	Тихонова М.А.	75	Aksenova E.I.	53–54
Панин А.Н.	33	Тишкин А.А.	71–72	Alborova I.E.	74
Пенин А.А.	60, 63	Толмачева Е.Н.	90	Alekseev B.Y.	95
Перельмутер В.М.	83–84	Толстых Н.А.	51	Alexyuk M.S.	42–43
Пименов Н.В.	34, 36	Тотменин А.В.	44–45	Alexyuk P.G.	42–43
Побегуц О.В.	46	Тоцаков С.В.	47	Alikina T.Y.	42, 57
Побединцева М.А.	78, 80	Трегубчак Т.В.	46	Allanson E.	81
Поверенная Е.В.	20	Трифонов В.А.	71–72, 75–76, 78–80	Anisimenko M.S.	95
Погорельская А.М.	16	Тушикин А.Е.14–16, 34, 37, 44–45, 48, 58, 77		Antipov D.	26
Покушалов Е.А.	89	Турчанинова М.А.	21	Antonets D.V.	27
Поленогова О.В.	32	Тяхт А.В.	38	Bankevich A.	26

Издатель ООО «Парк-медиа»
119234, г. Москва, Ленинские горы, д. 1 стр. 75Г
Тел. +7 (495) 930 88 50
www.strf.ru
email: info@strf.ru
Тираж 200 экз
Типография «Печатных Дел Мастер»
Подписано в печать 05.06.2017

ISBN 978-5-9902238-5-1



9 785990 22385 1