

збереження стабільності ферментів під впливом високих температур під час гранулювання кормів. Крім того, існує гостра потреба у суворій сертифікації штамів-деструкторів для підтвердження їх безпечності та отримання статусу GRAS (Generally Recognized as Safe).

Висновки. Біотехнологічний контроль мікотоксинів на сьогодні є найбільш перспективним та екологічно обґрунтованим інструментом забезпечення безпечності продукції тваринництва. Впровадження інтегрованого підходу, що поєднує методи прецизійної експрес-діагностики з технологіями спрямованої ферментативної деградації, дозволяє не лише мінімізувати ризики для здоров'я та продуктивності тварин, а й гарантувати повну відповідність кінцевих харчових продуктів суворим міжнародним стандартам якості.

Література

1. Daou R., Joubrane K., Maroun R.G., Khabbaz L.R., Ismail A. Mycotoxins: Factors influencing production and control strategies. *AIMS Agric. Food.* 2021, Vol. 6, P. 416–447. doi: 10.3934/agrfood.2021025
2. Escrivá L., Oueslati S., Font G., Manyes L. *Alternaria Mycotoxins in Food and Feed: An Overview.* *J. Food Quality.* 2017. Vol. 5. P. 1-20. DOI: 10.1155/2017/1569748
3. Eskola M., Kos G., Elliott C.T., Hajšlová J., Mayar S., Krska R. Worldwide contamination of food-crops with mycotoxins: Validity of the widely cited 'FAO estimate' of 25%. *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.* 2020. Vol. 60, No 16. P. 2773–2789. <https://doi.org/10.1080/10408398.2019.1658570>
4. Luo S., Du H., Kebede H., Liu Y., Xing F. Contamination status of major mycotoxins in agricultural product and foodstuff in Europe. *Food Control.* 2021. Vol. 127. DOI: 10.1016/j.foodcont.2021.108120
5. Matumba L., Namaumbo S., Ngoma T., Meleke N., De Boevre M., Logrieco A.F., De Saeger S. Five keys to prevention and control of mycotoxins in grains: A proposal. *Glob. Food Secur.* 2021. Vol. 30(2). DOI: 10.1016/j.gfs.2021.100562
6. Santos Pereira C., Cunha C.S., Fernandes J.O. Prevalent Mycotoxins in Animal Feed: Occurrence and Analytical Methods. *Toxins.* 2019. Vol. 11. P. 290. <https://doi.org/10.3390/toxins11050290>
7. Zdravec M., Markov K., Lešić T., Frece J., Petrović D., & Pleadin J. Biocontrol Methods in Avoidance and Downsizing of Mycotoxin Contamination of Food Crops. *Processes.* 2022. Vol. 10(4). P. 655. <https://doi.org/10.3390/pr10040655>

АНАЛІЗ ФЕКАЛЬНОЇ МІКРОБІОТИ СВИНЕЙ ЗА МОДУЛЮЮЧОГО ВПЛИВУ БУТИРАТУ

Муквич В. В., Шаталов С. А., Недзвецкий В. С., Масюк Д. М.

*Дніпровський державний аграрно-економічний університет, м. Дніпро, Україна
mukvichv@ukr.net*

Вступ. Упродовж останніх років кишковий мікробіом розглядається як складна метаболічна екосистема, що відіграє фундаментальну роль у підтриманні гомеостазу організму господаря. В свиней мікробна спільнота кишечника бере участь у регуляції процесів травлення, синтезі біологічно активних метаболітів, формуванні імунної відповіді та підтриманні цілісності епітеліального бар'єра. Взаємодія між мікробіотою та організмом господаря реалізується через складну систему метаболічних сигналів, що формують так звану microbiome–host metabolic crosstalk – інтегровану мережу обміну сигналами між мікробними та клітинними метаболічними шляхами [1].

Одним з ключових механізмів цієї взаємодії є продукція мікробіотою коротколанцюгових жирних кислот (SCFA), які утворюються внаслідок анаеробної ферментації складних вуглеводів. До основних SCFA належать ацетат, пропіонат і бутират, що відіграють важливу роль у регуляції енергетичного метаболізму, імунної відповіді та функціонального стану слизової оболонки кишечника. Серед них особливе значення має бутират, який є основним енергетичним субстратом для колонізаторів і бере участь у підтриманні бар'єрної функції кишечника шляхом регуляції синтезу муцину та білків міжклітинних контактів [2].

Крім метаболічних функцій, бутират здатний модулювати композицію мікробної спільноти, сприяючи зростанню коменсальних бактерій та пригнічуючи розвиток потенційно патогенних мікроорганізмів. У сучасних дослідженнях також показано, що SCFA можуть виступати сигнальними молекулами, які регулюють експресію генів у клітинах господаря, беручи участь у механізмах епігенетичної регуляції.

У свинарстві мікробіом кишечника розглядається як один з ключових факторів, що визначає ефективність використання корму, швидкість росту та загальний стан здоров'я тварин. Зростаюча кількість досліджень демонструє, що модифікація кишкової мікробіоти за допомогою метаболічних або дієтичних факторів може позитивно впливати на продуктивність тварин та їхню метаболічну адаптацію [3].

Важливою характеристикою кишкової мікробної екосистеми є її *functional resilience* – здатність зберігати функціональну стабільність навіть за умови структурних змін у складі мікробної спільноти. Така властивість забезпечує підтримання ключових метаболічних функцій мікробіоти, зокрема ферментації вуглеводів, синтезу коротколанцюгових жирних кислот та метаболізму амінокислот.

У свиней на відгодівлі кишкова мікробіота характеризується більш впорядкованою структурою та високим рівнем функціональної спеціалізації, що створює передумови для оцінки функціональних змін мікробної спільноти під впливом експериментальних факторів. Саме тому аналіз структурних і функціональних характеристик мікробіому в цей період дозволяє оцінити механізми адаптації мікробної спільноти до регуляторних впливів [4].

Попри значний прогрес у дослідженні мікробіому свиней, механізми впливу метаболічних регуляторів, зокрема бутирату, на структурну організацію та функціональний потенціал мікробної спільноти залишаються недостатньо вивченими.

Мета дослідження. Проаналізувати таксономічну структуру та функціональний потенціал фекальної мікробіоти свиней 21-тижневого віку за модулюючого впливу бутирату.

Матеріал і методи дослідження. Досліджували зразки фекалій свиней 21-тижневого віку. Зразки були поділені на контрольну та дослідну групи (по п'ять пулів у кожній групі), при цьому кожен пул формували з п'яти індивідуальних проб.

Для дослідження складу кишкової мікробіоти застосовували 16S рРНК-ампліконне секвенування. Тотальну мікробну ДНК виділяли з фекальних зразків з подальшою підготовкою бібліотек відповідно до протоколу Illumina 16S Metagenomic Sequencing Library Preparation. Секвенування виконували на платформі Illumina MiSeq.

Біоінформатичну обробку даних проводили у середовищі QIIME2 з використанням таксономічної бази SILVA. Для додаткової валідації результатів застосовували алгоритм Kraken2. Візуалізацію та статистичний аналіз виконували за допомогою платформи MicrobiomeAnalyst.

Для оцінки α -різноманіття мікробіоти використовували індекси Chao1, Shannon та Simpson (1-D). Аналіз β -різноманіття проводили з використанням метрики Bray-Curtis та ординації методом PCoA.

Статистичну обробку проводили за допомогою тесту PERMANOVA; статистично значущими вважали відмінності при $p < 0,05$. Диференційні таксони між групами визначали методом LefSe ($LDA > 2,0$; $p < 0,05$). Функціональний потенціал мікробної спільноти прогнозували за допомогою інструменту PICRUST2, що дозволяє реконструювати метаболічні шляхи мікробіоти на основі таксономічного складу.

Результати дослідження. Аналіз фекального мікробіому свиней 21-тижневого віку показав збереження таксономічної та структурної стабільності мікробного співтовариства у контрольній та дослідній групах. У складі кишкової мікробіоти тварин обох груп домінували бактеріальні таксони, характерні для анаеробного ферментативного метаболізму, що беруть участь у деградації складних кормових компонентів, ферментації вуглеводів та утворенні коротколанцюгових жирних кислот. Вираженого збагачення умовно-патогенних або потенційно запальних мікроорганізмів у дослідній групі не виявлено. Виявлені міжгрупові відмінності стосувалися переважно низькоабундантних родів і мали адаптаційний характер, що свідчить про стабілізацію кишкового мікробіому свиней на даному етапі онтогенезу та зниження його чутливості до зовнішніх впливів.

За результатами аналізу α -різноманіття встановлено, що показники індексів Chao1 та Shannon у свиней 21-тижневого віку перебували в близьких діапазонах у контрольній та дослідній групах. Отримані дані свідчать про збереження таксономічного багатства та рівномірності розподілу бактеріальних таксонів у кишковій мікробіоті. Водночас за індексом Simpson (1-D) було виявлено статистично значущі відмінності між групами ($p < 0,05$), що вказує на зміни у представленості окремих таксонів у структурі мікробної спільноти без порушення її загальної екологічної стабільності.

Аналіз β -різноманіття (PCoA, Bray-Curtis) продемонстрував помірне просторове розмежування між контрольною та дослідною групами тварин. Часткове перекриття кластерів свідчить про наявність спільних базових компонентів мікробної екосистеми, тоді як результати PERMANOVA підтвердили статистично значущі міжгрупові відмінності у композиційній структурі мікробіоти (p

< 0,05). Отримані результати свідчать про наявність композиційних зсувів у мікробній спільноті під впливом експериментального чинника при збереженні її загальної структурної організації.

Результати LEfSe-аналізу на рівні родів і видів показали, що міжгрупові відмінності формуються переважно за рахунок коменсальних та ферментативно активних таксонів, залучених до анаеробного метаболізму та міжбактеріальних метаболічних взаємодій. Відсутність збагачення умовно-патогенних або прозапальних мікроорганізмів свідчить про те, що виявлені зсуви мають адаптаційний характер і не супроводжуються розвитком дисбіотичних процесів.

Особливу увагу привертають результати функціонального аналізу мікробіому, виконаного з використанням інструменту PICRUSt2 на основі даних 16S рРНК-секвенування. Прогнозований аналіз метаболічних шляхів показав, що експериментальний вплив супроводжувався перебудовою функціонального потенціалу мікробної спільноти. В дослідній групі спостерігалася тенденція до зниження активності центральних енергетичних шляхів, зокрема гліколізу, глюконеогенезу та пентозофосфатного шляху, а також до зменшення прогнозованої інтенсивності синтезу коротколанцюгових жирних кислот. Одночасно відзначалося зниження активності окремих анаболічних процесів, включаючи біосинтез амінокислот та деяких вітамінів, зокрема біотину.

Сукупність цих змін свідчить про функціональну перебудову метаболічної активності мікробіоти, що може відображати адаптацію мікробної спільноти до дії бутирату та зміну метаболічних взаємодій у системі «мікробіом–господар». Виявлені функціональні зсуви можуть впливати на ефективність ферментації кормових субстратів, метаболізм поживних речовин та загальний енергетичний баланс організму тварин.

Висновки. Застосування бутирату свиням 21-тижневого віку не порушує таксономічної структури фекальної мікробіоти та не супроводжується дисбіотичними змінами. Показники α -різноманіття (Chao1, Shannon) залишалися стабільними, домінуючі анаеробні ферментативні таксони зберігали свою представленість. Водночас, відбулись достовірні зміни індексу Simpson та β -різноманіття (PCoA, PERMANOVA), що вказує на помірну композиційну перебудову мікробіоти.

LEfSe-аналіз виявив, що ці зміни стосуються переважно коменсальних ферментативно активних таксонів без накопичення умовно-патогенних чи прозапальних мікроорганізмів. Найвиразніший модулюючий ефект бутирату спостерігається на функціональному рівні: прогнозовані метаболічні шляхи демонструють переорієнтацію процесів ферментації вуглеводів, синтезу коротколанцюгових жирних кислот, амінокислот та вітамінів.

Отже, бутират виступає фактором функціональної модуляції кишкового мікробіому свиней, який перебудовує метаболічний потенціал мікробної спільноти без порушення її екологічної стабільності, забезпечуючи адаптивну регуляцію ферментації кормових субстратів та підтримання метаболічного гомеостазу організму в період відгодівлі.

Література

1. Fan Z., Liu X. & Chen Y. Dietary fatty acids modulate gut microbiota and intestinal health in weaned piglets. *Frontiers in Microbiology*. 2025. Vol. 16. Article 1558588. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1558588>
2. Liu H., Zhang Y. & Wang Z. Unlocking the power of short-chain fatty acids in intestinal health and host–microbiome interactions. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. 2024. Vol. 14. Article 1449030. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2024.1449030>
3. Tang Q., Li J. & Zhao Y. Unraveling the composition and function of pig gut microbiome and its implications for pig growth performance. *Animal Microbiome*. 2025. Vol. 7. Article 60. <https://doi.org/10.1186/s42523-025-00419-7>
4. Wang J., Tong T., Yu C. & Wu Q. The research progress on the impact of pig gut microbiota on health and production performance. *Frontiers in Veterinary Science*. 2025. Vol. 12. Article 1564519. <https://doi.org/10.3389/fvets.2025.1564519>