

ВЕТЕРИНАРИЯ И ЗООТЕХНИЯ

Научная статья

УДК 636.52/.58

doi: 10.47737/2307-2873_2021_36_92

ФРАКТАЛЬНАЯ МАТЕМАТИЧЕСКАЯ МОДЕЛЬ БИОСИСТЕМНОЙ КОНСОЛИДАЦИИ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ КИШЕЧНИКА ПТИЦ

© 2021. Николай Иванович Воробьев¹, Марина Викторовна Селина^{2✉}

¹Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия, 196608

²Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологии – МВА имени К.И. Скрябина, Москва, Россия, 109472

¹ik.IvanVorobyov@yandex.ru, ²selina.marinav@gmail.com

Аннотация. Целью исследования являлась разработка фрактальной математической модели биосистемной консолидации микробных сообществ кишечника птиц. Для решения задачи был поставлен опыт на курах-несушках и петушках (кросс «Хайсекс Коричневый»). Опыт проводился на петушках и курочках в 36-дневном возрасте. Были выбраны группы микроорганизмов для определения спектров ОТЕ микрофлоры кишечника птиц, полученные методом NGS-секвенирования. Было выявлено, что воздействие пробиотика Целлобактерин-Т на микробиологическое переваривание растительной клетчатки в кишечниках птиц проявляется в более масштабной организационной биосистемной форме деструктивных процессов. Определено активное участие в биосистемных деструктивных процессах некультивируемых микроорганизмов.

Ключевые слова: индекс биосистемной консолидации микрофлоры кишечника бройлеров, пробиотик Целлобактерин, фрактально-топологический анализ фрактальных портретов микрофлоры

Введение. Микрофлора, колонизирующая пищеварительный тракт птиц, проявляет нестабильность по составу доминирующих генотипов в зависимости от условий содержания, рационов питания птиц и воздействию антибиотиков и пробиотиков [1, 2, 3, 4]. Количественные и качественные изменения структуры микрофлоры кишечника птиц находят свое отражение в молекулярно-генетических спектрах оперативно таксономических единиц (ОТЕ). Расшифровка спектров ОТЕ и выделение микробных генотипов,

образующих деструктивные биосистемы, может дать важную информацию о процессах переваривания в кишечниках птиц растительной клетчатки.

Современные молекулярно-генетические методы анализа микробных сообществ, в том числе и микрофлоры кишечника птиц, позволяют получать с высоким разрешением подробные частотно-таксономические спектры ОТЕ [5]. Этими методами в кишечниках птиц удастся выделять по гену 16S рРНК до 140 родов бакте-

рий, среди которых только 10% идентифицируются по международным информационным базам, а остальные выделяются впервые и представляют собой новые виды и даже роды [6, 7, 8]. Полученное таким образом множество разнообразных фрагментов ДНК значительно расширяет представления о культивируемых и некультивируемых, минорных и мажорных представителях микрофлоры кишечника птиц.

При образовании деструктивных микробных биосистем в кишечниках птиц занимают активную позицию только те микробные генотипы, которые наиболее эффективно и с наименьшими энергетическими и ресурсными затратами способны выполнить требуемые биохимические реакции и преобразовать целевые растительные субстраты [9]. В составе деструктивной биосистемы микроорганизмы удается выполнять в определенной последовательности все необходимые биохимические преобразования органических субстратов и регулируют в реальном масштабе времени интенсивность выделения микроорганизмами необходимых ферментов. В результате, биосистема микроорганизмов выполняет деструкцию органических субстратов организовано, поэтапно и с наименьшими энергетическими и ресурсными затратами со стороны микробного сообщества.

Для оценки масштабов консолидации микроорганизмов в биосистемы и для оценки результативности совместной деятельности микробных биосистемных партнеров предлагается воспользоваться фрактальной математической моделью деструкции растительных субстратов (ФМД-моделью). По результатам сопоставления реальных деструктивных микробиологических процессов с ФМД-моделью предполагается находить в микробиологическом сообществе генотипы микроорганизмов, которые совместно осуществляют деструкцию органических субстратов.

Методика. ФМД-модель функционально и количественно описывает трехэтап-

ные процессы деструкции молекул органических субстратов.

Этап деструкции №1. На первом этапе деструкции предполагается, что каждая бактериальная клетка генотипа №1 осуществляет биохимическое деление на две части только одной молекулы органического субстрата. Поэтому на этапе деструкции №1 количество клеток микробного генотипа №1 (N_1) должно равняться числу молекул органического субстрата и должно быть в два раза меньше, чем количество образующихся фрагментов молекул ($2 \cdot N_1$).

Этап деструкции №2. На втором этапе деструкции предполагается, что каждая бактериальная клетка генотипа №2 осуществляет биохимическое деление на две части только одного фрагмента молекул органического субстрата из ($2 \cdot N_1$) фрагментов, образованных на этапе деструкции №1. Поэтому на этапе деструкции №2 общее количество клеток микробного генотипа №2 (N_2) должно быть равно количеству фрагментов молекул органического субстрата ($N_2 = 2 \cdot N_1$), образованных на этапе деструкции №1, и должно быть в два раза меньше, чем количество фрагментов молекул ($2 \cdot N_2 = 2^2 \cdot N_1$), образующихся на этапе деструкции №2.

Этап деструкции №3. На третьем заключительном этапе деструкции предполагается, что каждая бактериальная клетка генотипа №3 осуществляет биохимическое деление на две части только одного фрагмента молекул органического субстрата из ($2 \cdot N_2 = 2^2 \cdot N_1$) фрагментов, образованных на этапе деструкции №2. Поэтому на этапе деструкции №3 общее количество клеток микробного генотипа №3 (N_3) должно быть равно количеству фрагментов молекул ($N_3 = 2 \cdot N_2 = 2^2 \cdot N_1$), образованных на этапе деструкции №2, и должно быть в два раза меньше, чем количество фрагментов молекул ($2 \cdot N_3 = 2^2 \cdot N_2 = 2^3 \cdot N_1$), образующихся на этапе деструкции №3.

ФМД-модель задает однозначное соот-

ветствие между количествами фрагментов молекул, образующихся на каждом этапе деструкции, и количествами клеток микробных генотипов, осуществляющих деструкцию на трех этапах. Однозначное соответствие численностей микроорганизмов и численностей образующихся фрагментов молекул проистекает из естественных принципов необходимости и достаточности преобразования органических субстратов: (1) минимизация энергетических и ресурсных затрат со стороны микрофлоры кишечника птиц на деструкцию растительных субстратов (достаточная ферментативная активность микроорганизмов) и (2) максимизация эффективности микробной преобразовательной деятельности в составе деструктивной биосистемы (один фермент – одна микробная клетка – один разрыв молекул субстрата).

ФМД-модель может быть применена для описания деструкции органических молекул, например, молекул целлюлозы – полисахарида, содержащего глюкозидные остатки, соединенные 1,4-β-глюкозидными связями.

Этап деструкции целлюлозы №1. На этом этапе число клеток микробного генотипа №1 (N_1) устанавливается равным произведению числа молекул целлюлозы (L) на число глюкозидных связей в молекулах целлюлозы (M) – $N_1=L \cdot M$. В результате на этапе №1 образуется $L \cdot M$ фрагментов молекул целлюлозы, представляющих собой одинаковые глюкозидные остатки.

Этап деструкции целлюлозы №2. На этом этапе число клеток микробного генотипа №2 (N_2) должно равняться $N_2=L \cdot M \cdot 2=N_1 \cdot 2$, так как эти микроорганизмы должны выделять ферменты для разрыва двух связей кислорода в глюкозидных остатках целлюлозы. На этапе деструкции целлюлозы №2 изменяется пространственная и химическая структура глюкозидных остатков, но не меняется их число.

Этап деструкции целлюлозы №3. На этом заключительном этапе число клеток

микробного генотипа №3 (N_3) должно равняться $N_3=L \cdot M \cdot 4=N_2 \cdot 2=N_1 \cdot 4$, так как эти микроорганизмы должны выделять ферменты для отрыва четырех молекул воды в глюкозидных остатках целлюлозы.

Таким образом, ФМД-модель деструкции органических субстратов может быть распространена на широкий класс деструктивных процессов в биохимических преобразованиях органических субстратов.

Численности клеток микробных генотипов №1, 2 и 3 $p_i \in \{2^0 \cdot N_1 : 2^1 \cdot N_1 : 2^2 \cdot N_1\}$, где $i \in \{1, 2, 3\}$, согласно ФМД-модели деструкции растительных субстратов, должны образовывать следующий степенной ряд [10]: $p_i/p_{\max} \in \{0.5^2, 0.5^1, 0.5^0\}$, который получается после деления численностей трех генотипов на число клеток генотипа №3, имеющего максимальную численность (p_{\max}). Наличие степенного ряда чисел в частотно-таксономических спектрах ОТЕ микрофлоры кишечника птиц и является индикатором соответствия трех микробных генотипов деструктивной биосистемы. Полученные количественные соотношения численностей клеток микробных генотипов, осуществляющих деструкцию органических молекул по схеме, описываемой ФМД-моделью, позволяют сформулировать два необходимых и достаточных условия соответствия численностей трех микробных генотипов ФМД-модели деструкции органических субстратов.

Условие №1 – если значения логарифмов нормированных численностей трех микробных генотипов образуют арифметический ряд: $\log_2(p_i/p_{\max}) \in \{\log_2(0.5^2)=-2.0; \log_2(0.5^1)=-1.0; \log_2(0.5^0)=0.0\}$, то эти три микробных генотипа соответствуют ФМД-модели деструкции органических субстратов (при одновременном выполнении условия №2).

Условие №2 – если целые части значений логарифмов численностей трех генотипов микроорганизмов различаются по величине $Int(\log_2(p_i/p_{\max})) \in \{Int(\log_2(0.5^2))=-2; Int(\log_2(0.5^1))=-1; Int(\log_2(0.5^0))=0\}$, то эти три

микробных генотипа соответствуют ФМД-модели деструкции органических субстратов (при одновременном выполнении условия №1).

Рассмотренные математические свойства ФМД-модели деструкции органических субстратов и два условия соответствия численностей микроорганизмов ФМД-модели предоставляют уникальную возможность поиска по молекулярно-генетическим данным сообществ микроорганизмов, образующих деструктивные микробные биосистемы, и определять количественный и качественный состав этих биосистем.

Для оценки масштабов консолидации микробных генотипов в биосистемы с помощью ФМД-модели необходимо предварительно построить двумерный фрактальный портрет трех микробных генотипов, соответствующих ФМД-модели. Фрактальный портрет представляет собой координатную плоскость, на которой микробные генотипы пред-

ставлены точками с координатами, вычисляемые, исходя из частот встречаемости соответствующих генотипов [11, 12]. При этом на X-оси откладывается дробная часть $\log_2(p_i/p_{\max})$, а на Y-оси – полное значение $\log_2(p_i/p_{\max})$.

На рисунке 1 представлен фрактальный портрет трех микробных генотипов, соответствующих ФМД-модели деструкции органических субстратов. Так как эти три точки располагаются на одной прямой (на вертикальной Y-оси), то условие №1 соответствия численностей микробных генотипов ФМД-модели может быть модифицировано.

Условие №1А – если три точки на фрактальном портрете, соответствующие трем микробным генотипам, располагаются на одной прямой, то эти микробные генотипы соответствуют ФМД-модели деструкции органических субстратов (только при одновременном выполнении условия №2).

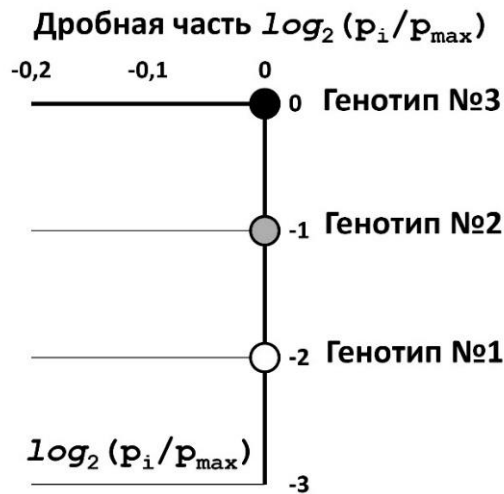


Рис. 1. Фрактальный портрет микробной биосистемы, образованной тремя микробными генотипами, образовавшие деструктивную биосистему в соответствии с ФМД-моделью

Fig. 1. Fractal portrait of the microbial biosystem, formed by three microbial genotypes, forming a destructive biosystem according to the FMD model

Результаты. Для построения фрактального портрета микрофлоры кишечника птиц были определены три варианта рационов кормления бройлеров: контрольный ва-

риант и два опытных. Период выращивания: старт (6-21 день) и финиш (22-36 дней), состав комбикормов: кукуруза; пшеница; соевый шрот; кукурузный глютен; мука рыбная;

шрот подсолнечный; масло подсолнечное; известняк; монокальцийфосфат; монохлоргидрат лизина; DL-метионин; треонин; соль; целлюлоза; премикс. Опыт проводился на петушках и курочках в 36-дневном возрасте. Группы микроорганизмов для определения спектров ОТЕ микрофлоры кишечника птиц, полученные методом NGS-секвенирования: бациллы, лактобациллы, бифидобактерии, вейлионеллы, цел.лагноспиры, цел.руминокки, цел.кlostридии, цел.бактероиды, цел.эубактерии, энтеробактерии, актиномицеты, фузобактерии, листерии, стафилококки, кампилобактер, пат. кlostидии, пастереллы, пептококки, псевдомонады, вирукумикробия, археи, ТМ7, протеобактерии, тенебрикуты, эриписелотрихи, некультивируемые.

Вначале спектры ОТЕ были упорядочены (ранжированы) по убыванию частот встречаемости ОТЕ. Для построения фрактального портрета по спектру ОТЕ необходимо было нормировать и логарифмировать спектры ОТЕ.

По полученным данным построено три фрактальных портрета микрофлоры кишечника птиц по спектрам ОТЕ, полученных в трех вариантах опыта (рис. 2). Фрактальные портреты представляют собой координатные плоскости, на которых пики спектров ОТЕ представляются точками с координатами, определяемыми значениями логарифмов нормированных частот встречаемости соответствующих ОТЕ. По X-оси откладываются дробные части значений логарифмов, а по Y-оси – полные значения логарифмов.

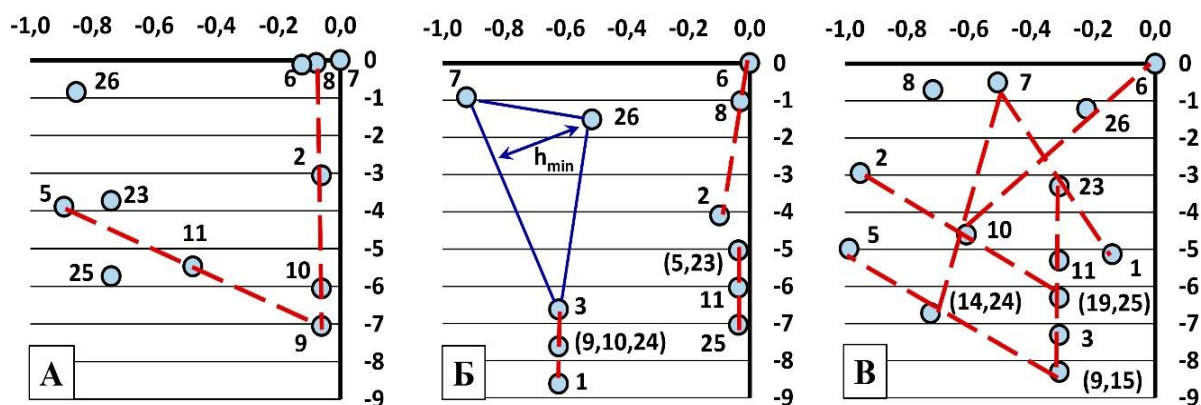


Рис. 2. Фрактальные портреты микрофлоры кишечника птиц для всех вариантов опыта
 Fig. 2. Fractal portraits of the intestinal microflora of birds for all variants of the experiment

Полученные данные фрактально-топологического анализа расположения точек ОТЕ на фрактальном портрете микрофлоры

кишечника птиц позволяют вычислить индекс биосистемной консолидации сообщества микроорганизмов.

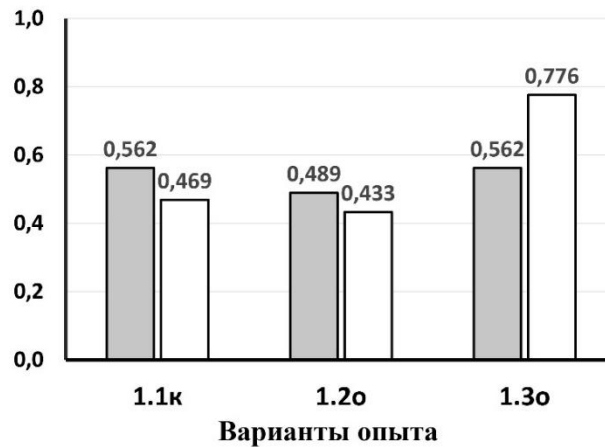
$$Ind = \sqrt{\frac{N_F \cdot \log_2(N_F)}{N_S \cdot [\log_2(h_{min,E}) - V]}} \tag{1}$$

где N_S – общее число точек ОТЕ; N_F – число разнотипных ОТЕ, расположенных в вершинах треугольников, отвечающих условиям №1Б и 2 ФМД-модели деструкции органических субстратов; V – верхняя граница логарифмов минимальных высот треугольников (согласно таблице 7, $V = -5,3$); $h_{min,E}$ – минимальная высота треугольника, построенного на фрактальном портрете в соответствии с условием №2 и который находится на последнем месте в ранжированном по возрастанию h_{min} ряду треугольников (на рис. 2В можно построить 284 треугольника, и для последнего треугольника $\log_2(h_{min,284}) = -0.2$).

Значения индекса биосистемной консолидации микробного сообщества меняются в промежутке $Ind \in [0...1]$. Единичное значение Ind означает, что все микроорганизмы данного сообщества образовали деструктивную биосистему, а нулевое значение Ind – в

данном микробном сообществе биосистема не образована.

Результаты вычисления индекса биосистемной консолидации по формуле (1) и по вариантам опытов представлены на рисунке 3.



- финальная масса бройлеров на 1 кг комбикорма;
- индекс биосистемной консолидации микрофлоры кишечника птиц.

Рис. 3. Индексы биосистемной консолидации микрофлоры кишечника птиц и весами бройлеров, приходящихся на 1 кг использованного корма

Fig. 3. Indices of biosystem consolidation of the intestinal microflora of birds and the weights of broilers per 1 kg of feed used

По нашему мнению, индекс биосистемной консолидации количественно отражает не только масштабы совместного участия микробных генотипов кишечника птиц в процессах деструкции растительных субстратов, но и отражает эффективность переваривания растительной клетчатки в кишечниках птиц. Это подтверждается соответствием значений индекса биосистемной консолидации похожему изменению относительных весов бройлеров на 1 кг корма по вариантам опыта (рис. 3).

Выводы. Разработанная фрактальная математическая модель деструкции растительных субстратов микрофлорой кишечника птиц позволила выделить в микробных сообществах микробные генотипы, образующие деструктивные биосистемы, и опреде-

лить особенности их таксономического состава (наличие полезной микрофлоры и патогенных микроорганизмов).

Воздействие пробиотика Целлобактерин-Т на микробиологическое переваривание растительной клетчатки в кишечниках птиц проявляется в более масштабной организационной биосистемной форме деструктивных процессов, так как в варианте опыта №1.3о в состав деструктивной биосистемы вошло наибольшее число ОТЕ, чем в остальных вариантах опыта. Обращает на себя внимание активное участие в биосистемных деструктивных процессах некультивируемых микроорганизмов (рис. 2В). Роль этих микроорганизмов в деструктивных процессах требует специальных исследований, и некоторые из них могут быть в составе новых пробиотиков.

Список источников

1. Biggs, P., Parsons, C.M., & Fahey, G.C. The effects of several oligosaccharides on growth performance, nutrient digestibilities, and cecal microbial populations in young chicks. *Poultry science*. 2007. № 86(11), pp. 2327-2336. <https://doi.org/10.3382/ps.2007-00427>
2. Chichlowski, M., Croom, W.J., McBride, B.W., Qiu, R., Chiang, C.C., Daniel, L.R., Havenstein, G.B. and Koci, M.D. Micro-architecture and spatial relationship between bacteria and ileal, cecal and colonic epithelium in chicks fed a direct-fed microbial and salinomycin. *Poultry Science*. 2007. № 86. pp. 1121-1132.
3. Stanley D., Hughes R.J., Moore R.J. Microbiota of the chicken gastrointestinal tract: influence on health, productivity and disease // *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 2014. V. 98. P. 4301-4310.
4. Фисинин В.И. Влияние структуры комбикормов на микрофлору кишечника бройлеров // *Комбикорма*. 2016. №12. С. 94-96.
5. Брюханов А.Л., Рыбак К.В., Нетрусов А.И. Молекулярная биология // М.: Издательство Московского университета, 2012. 480 с.
6. Gong J., Forster R.J., Yu H., Chambers J.R., Sabour P.M., Wheatcroft R., Chen S. Diversity and phylogenetic analysis of bacteria in the mucosa of chicken ceca and comparison with bacteria in the cecal lumen. *FEMS Microbiol. Lett.*, 2002, 208: 1-7.
7. Amit-Romach E, Sklan D, Uni Z (2004) Microflora ecology of the chicken intestine using 16S ribosomal DNA primers. *Poult Sci* 83:1093–1098.
8. Apajalahti J, Kettunen A, Graham H (2004) Characteristics of the gastrointestinal microbial communities, with special reference to the chicken. *Worlds Poultry Sci J* 60: 223–232. doi: 10.1079/wps20040017
9. Young I.M., Crawford J.W. Interactions and self-organization in the soil-microbe complex / *Science*, 2004, 304: 1634-1637 (doi: 10.1126/science.1097394).
10. Шредер М. Фракталы, хаос, степенные ряды. 2001. Ижевск: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», 528 с.
11. Воробьев Н.И., Проворов Н.А., Свиридова О.В., Пищик В.Н., Семенов А.М., Никонов И.Н. Фрактально-таксономический портрет и индекс сетевой организации почвенных микробных сообществ // *Материалы всероссийского симпозиума с международным участием «Современные проблемы физиологии, экологии и биотехнологии микроорганизмов»*. М.: МАКС Пресс, 2014. С. 55.
12. Воробьев Н.И., Свиридова О.В., Патыка Н.В., Думова В.А., Мазиров М.А., Круглов Ю.В. Фрактально-таксономический портрет микробного сообщества как биодиагностический индикатор вида почвенных деструктивных процессов // *Материалы международной конференции «Биодиагностика в экологической оценке почв и сопредельных сред»*. М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2013. С. 38.

FRactal mathematical model of biosystemic consolidation of microbial communities in the intestine of birds

© 2021. Nikolay I. Vorobyov¹, Marina V. Selina²✉

¹All-Russian Research Institute of Agricultural Microbiology, St. Petersburg, Russia, 196608

²Moscow State Academy of Veterinary Medicine and Biotechnology – M.I. Scriabin, Moscow, Russia, 109472

¹ik.IvanVorobyov@yandex.ru, ²selina.marinav@gmail.com

Abstract. The aim of the study was to develop a fractal mathematical model of the biosystem consolidation of microbial communities in the intestine of birds. To solve the problem, an experiment was set on laying hens and cockerels (cross "Hisex Brown"). The experiment was carried out on males and hens at the age of 36 days. Groups of microorganisms to determine the OTU spectra of the microflora of avian intestines obtained by NGS-sequencing were selected. It was revealed that the effect of the probiotic Cellobacterin-T on the microbiological digestion of plant cellulose in the intestines of birds is manifested in a larger-scale organizational biosystem form of destructive processes. The active participation of uncultivated microorganisms in biosystem destructive processes was determined.

Key words: index of biosystem consolidation of broiler intestinal microflora, probiotic Cellobacterin, fractal-topological analysis of fractal microflora portraits

References

1. Biggs, P., Parsons, C.M., & Fahey, G.C. The effects of several oligosaccharides on growth performance, nutrient digestibilities, and cecal microbial populations in young chicks. *Poultry science*, 2007, No. 86(11), pp. 2327-2336. <https://doi.org/10.3382/ps.2007-00427>
2. Chichlowski, M., Croom, W.J., McBride, B.W., Qiu, R., Chiang, C.C., Daniel, L.R., Havenstein, G.B. and Koci, M.D. Micro-architecture and spatial relationship between bacteria and ileal, cecal and colonic epithelium in chicks fed a direct-fed microbial and salinomycin. *Poultry Science*, 2007, No. 86, pp. 1121-1132.
3. Stanley D., Hughes R.J., Moore R.J. Microbiota of the chicken gastrointestinal tract: influence on health, productivity and disease // *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 2014, V. 98, pp. 4301-4310.
4. Fisinin V.I. Vlijanie struktury kombikormov na mikrofloru kishechnika brojlerov (Influence of the structure of compound feeds on the intestinal microflora of broilers), *Kombikorma*, 2016, No. 12, pp. 94-96.
5. Brjuhanov A.L., Rybak K.V., Netrusov A.I. *Molekuljarnaja biologija (Molecular biology)*, M.: Izdatel'stvo Moskovskogo universiteta, 2012, 480 p.
6. Gong J., Forster R.J., Yu H., Chambers J.R., Sabour P.M., Wheatcroft R., Chen S. Diversity and phylogenetic analysis of bacteria in the mucosa of chicken ceca and comparison with bacteria in the cecal lumen. *FEMS Microbiol. Lett.*, 2002, 208: 1-7.
7. Amit-Romach E, Sklan D, Uni Z (2004) Microflora ecology of the chicken intestine using 16S ribosomal DNA primers. *Poult Sci* 83:1093–1098.
8. Apajalahti J, Kettunen A, Graham H (2004) Characteristics of the gastrointestinal microbial communities, with special reference to the chicken. *Worlds Poultry Sci J* 60: 223–232. doi: 10.1079/wps20040017
9. Young I.M., Crawford J.W. Interactions and self-organization in the soil-microbe complex, *Science*, 2004, 304: 1634-1637 (doi: 10.1126/science.1097394).
10. Shreder M. *Fraktaly, haos, stepennye rjady (Fractals, chaos, power series)*, Izhevsk: NIC «Reguljarnaja i haoticheskaja dinamika», 2001, 528 p.
11. Vorob'ev N.I., Provorov N.A., Sviridova O.V., Pishhik V.N., Semenov A.M., Nikonov I.N. *Fraktal'no-taksonomicheskij portret i indeks setevoj organizacii pochvennyh mikrobnih soobshhestv (Fractal-taxonomic portrait and index of the network organization of soil microbial communities)*, *Materialy vsrossijskogo simpoziuma s mezhdunarodnym uchastiem «Sovremennye problemy fiziologii, jekologii i biotekhnologii mikroorganizmov»*, M.: MAKS Press, 2014, pp. 55.
12. Vorob'ev N.I., Sviridova O.V., Patyka N.V., Dumova V.A., Mazirov M.A., Kruglov Ju.V. *Fraktal'no-taksonomicheskij portret mikrobnogo soobshhestva kak biondikator vida pochvennyh destruktivnyh processov (Fractal-taxonomic portrait of the microbial community as a biondicator of the type of soil destructive processes)*, *Materialy mezhdunarodnoj konferencii «Biodiagnostika v jekologicheskoj ocenke pochv i sopredel'nyh sred»*, M. BINOM. Laboratorija znanij, 2013, p. 38.

Сведения об авторах

Н.И. Воробьев¹ – канд. тех. наук, ведущий научный сотрудник;

¹Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, ш. Подбельского, 3, Санкт-Петербург, Россия, 196608

М.В. Селина^{2✉} – канд. пед. наук, доцент, руководитель сектора управления проектами НИО, доцент кафедры экономики и цифровых технологий АПК.

²Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологии – МВА имени К.И. Скрябина, ул. Академика Скрябина, д. 23, Москва, Россия, 109472

¹ik.IvanVorobyov@yandex.ru, ²selina.marinav@gmail.com

Information about the authors

N.I. Vorobiev¹ – Cand. Tech. Sci., Leading Researcher;

M.V. Selina^{2✉} – Cand. Ped. Sci., Associate Professor, Head of the Project Management Sector of the Research and Development Institute, Associate Professor of the Department of Economics and Digital Technologies of the Agro-Industrial Complex.

¹All-Russian Research Institute of Agricultural Microbiology, 3, sh. Podbelskogo Shosse Street, St. Petersburg, Russia, 196608

²Moscow State Academy of Veterinary Medicine and Biotechnology – M.I. Scriabin, st. Academician Skryabin, 23, Moscow, Russia, 109472

¹ik.IvanVorobyov@yandex.ru, ²selina.marinav@gmail.com

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Authors' contributions: the authors declare that they have no conflicts of interest.

Статья поступила в редакцию 19.11.2021; одобрена после рецензирования 21.11.2021; принята к публикации 02.12.2021. The article was submitted 19.11.2021; approved after reviewing 21.11.2021; accepted for publication 02.12.2021.