

DOI: 10.12731/2658-6649-2025-17-2-1105

EDN: BRAOCI

УДК 619:616.9:579.82186:791.8:636.04



Научная статья

ФЕНО-ГЕНОТИПИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ЭНТЕРОМИКРОБИОТЫ ДИКИХ И ЗООПАРКОВЫХ ЖИВОТНЫХ КАК ПРИРОДНОГО РЕЗЕРВУАРА АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНЫХ ШТАММОВ МИКРООРГАНИЗМОВ

В.И. Плешакова, Н.А. Лещёва, Т.И. Лоренгель

Аннотация

Обоснование. Повышенное внимание ученых вызывает увеличение количества случаев обнаружения бактерий с антимикробной резистентностью в дикой природе. Дикие животные участвуют в передаче антибиотикорезистентных микроорганизмов. Генетические детерминанты устойчивости возникли в микроорганизмах окружающей среды, поэтому необходим тщательный анализ их мест обитания для прогнозирования процессов эволюции и распространения данного феномена.

Цель – изучение фено-генотипического профиля антибиотикорезистентности микроорганизмов, выделенных из энтеромикробиоты диких и содержащихся в неволе (зоопарковых) животных.

Материалы и методы. Для идентификации микроорганизмов использовали бактериологический метод и времяпролетную масс-спектрометрию. Детекцию генетических детерминант антибиотикорезистентности осуществляли методом ПЦР.

Результаты. Установлено, что микробиота пищеварительного тракта диких и содержащихся в зоопарках животных, представлена 5 семействами, в частности Streptococcaceae, Enterobacteriaceae, Bacillaceae, Staphylococcaceae и Pseudomonadaceae. Определена высокая резистентность некоторых видов бактерий (*E. coli*, *Klebsiella pneumonia*, *Enterococcus faecalis* и др.) к препаратам группы биосинтетических пенициллинов и ингибиторам β-лактамаз. У половины изолятов *E. coli* обнаружен ген blaCTX-M, кодирующий β-лактамазу расширенного спектра действия, у 15,2% *E. coli* – ген blaOXA10, который кодирует β-лактамазу класса D.

Закключение. Анализ фактических данных микробиологического и молекулярно-генетического мониторинга может служить важной и эффективной оценкой распространения клинически значимой микрофлоры, устойчивой к антимикробным препаратам среди диких животных.

Ключевые слова: дикие и зоопарковые животные; энтеромикробиота; антибиотикорезистентность; гены резистентности

Для цитирования. Плешакова, В. И., Лещёва, Н. А., & Лоренгель, Т. И. (2025). Фено-генотипическая характеристика энтеромикробиоты диких и зоопарковых животных как природного резервуара антибиотикорезистентных штаммов микроорганизмов. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 17(2), 553-569. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2025-17-2-1105>

Original article

PHENO-GENOTYPIC CHARACTERIZATION OF THE ENTEROMICROBIOTA OF WILD AND ZOO ANIMALS AS A NATURAL RESERVOIR OF ANTIBIOTIC-RESISTANT MICROBIAL STRAINS

V.I. Pleshakova, N.A. Lescheva, T.I. Lorengel

Abstract

Background. Currently, there is increasing attention to the rise in the number of cases of bacteria with multiple antimicrobial resistance found in the environment, including in wildlife. Wild animals may play a significant role in the transmission of antibiotic resistance on the local and global levels. The genetic determinants of antibiotic resistance originated in environmental microorganisms, thus a thorough analysis of habitats is necessary to predict the processes of evolution and spread of antibiotic resistance.

There is increasing attention of cases of antimicrobial-resistant bacteria being detected in wildlife is attracting increased attention from scientists. Wild animals are involved in the transmission of antibiotic resistance in microorganisms. The genetic determinants of resistance arose in environmental microorganisms, so a thorough analysis of their habitats is necessary to predict the processes of evolution and spread of this phenomenon.

Purpose. The objective of the study is to examine the pheno-genotypic profile of antibiotic resistance in microorganisms isolated from the enteromicrobiota of wild and captive (zoo) animals.

Materials and methods. Microorganisms were identified using bacteriological methods and time-of-flight mass spectrometry. The detection of genetic determinants of antibiotic resistance was performed using PCR.

Results. The studies have shown that the microbiota of the digestive tract of wild and zoo animals is represented by five families: Streptococcaceae, Enterobacteriaceae, Bacillaceae, Staphylococcaceae, and Pseudomonadaceae. A high resistance of certain bacterial species (*E. coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Enterococcus faecalis*, and others) to antimicrobial agents of the biosynthetic penicillin group and β -lactamase inhibitors has been established. Additionally, half of the *E. coli* isolates were found to carry the blaCTX-M gene, which encodes an extended-spectrum β -lactamase. The blaOXA10 gene, encoding class D β -lactamases, was detected in 15.2% of *E. coli* cultures.

Conclusion. The analysis of actual data from microbiological and molecular-genetic monitoring can serve as an important and effective assessment of the dissemination of clinically significant antimicrobial-resistant microbiota among wild animals.

Keywords: wild and zoo animals; enteromicrobiota; antibiotic resistance; resistance genes

For citation. Pleshakova, V. I., Lescheva, N. A., & Lorengel, T. I. (2025). Phenogenotypic characterization of the enteromicrobiota of wild and zoo animals as a natural reservoir of antibiotic-resistant microbial strains. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 17(2), 553-569. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2025-17-2-1105>

Введение

Всесторонний анализ имеющегося фактического материала, основанного на многочисленных прикладных исследованиях ученых, показывает, что к важным предпосылкам глобального распространения феномена антибиотикорезистентности можно отнести: чрезмерное, не всегда оптимальное использование антибиотических препаратов в сельском хозяйстве, в клинической медицинской и ветеринарной практике; неблагоприятную санитарно-эпидемиологическую и эпизоотическую ситуацию в развивающихся странах, что приводит к попаданию в окружающую среду неметаболизированных антибиотиков [1; 2; 5-7; 9-11; 18; 20].

Кроме того, Всемирное экономическое сообщество рассматривает проблему антибиотикорезистентности в разрезе глобальной экологической катастрофы, требующей как срочных, так и долгосрочных исследований [11].

Особую обеспокоенность вызывает увеличение случаев обнаружения бактерий с множественной антибиотической устойчивостью в окружающей среде, в том числе и дикой природе. В последние годы возросло ко-

личество опубликованных научных работ, посвященных исследованию диких животных, как переносчиков и вторичных источников микроорганизмов, резистентных к антибиотическим препаратам, для человека и сельскохозяйственных животных [13-17]. Большинство исследователей считают, что феномен антибиотикорезистентности необходимо рассматривать с одной стороны, как приобретенное свойство в процессе воздействия на микробную клетку антимикробных препаратов, а с другой стороны, как природно-обусловленную характеристику, сформировавшуюся в процессе эволюции бактерий в виде защиты от природных антибиотиков [10; 18; 20].

Существует, по меньшей мере, несколько объяснений устойчивости микроорганизмов к противомикробным препаратам в нормальной микробиоте диких животных. Во-первых, устойчивость может развиваться в результате спонтанных мутаций, во-вторых, может быть приобретенной путем горизонтального переноса генов от других бактерий. Многие микробы и грибы являются естественными источниками генов лекарственной устойчивости и могут служить резервуарами в окружающей среде. В третьих, бактерии с устойчивостью к противомикробным препаратам могут быть занесены в регион либо перелетными птицами, либо мигрирующими животными [3; 4; 8]. Данный феномен подчеркивает уникальную природу адаптации бактерий и сложность механизмов распространения устойчивости к противомикробным препаратам. Дикая природа является не только своеобразным маркером загрязнения окружающей среды антибиотикорезистентными микроорганизмами, но и может служить их естественным резервуаром, а так же играть определенную роль в возникновении и горизонтальном распространении устойчивости к антибиотикам среди бактерий. Так же дикая природа, в том числе животные, могут играть важную роль в передаче антибиотикорезистентности на двух уровнях: локальном и глобальном [12; 19]. С учетом того, что генетические детерминанты устойчивости к антибиотикам возникли в микроорганизмах окружающей среды, необходим тщательный анализ их как клинических, так и в особенности неклинических (экологических) мест обитания для понимания и прогнозирования процессов эволюции и распространения антибиотикорезистентности [5; 14]. При этом, по нашему мнению, особое внимание следует уделять поиску генетических детерминант, связанных с устойчивостью к антибиотикам среди животного мира в дикой природе. С учетом вышеизложенного, расшифровка механизмов природной (естественной) устойчивости микроорганизмов к антибактериальным препаратам является важной и актуальной задачей как ветеринарной, так и гуманитарной медицины.

Целью настоящего исследования явилось изучение фено-генотипического профиля антибиотикорезистентности микроорганизмов, выделенных из энтеромикробиоты диких и содержащихся в неволе (зоопарковых) животных.

Материалы и методы исследования

Материалом для бактериологических исследований служили культуры микроорганизмов, изолированные из проб фекалий диких животных, обитающих в неволе (Большереченский зоопарк им. Соломатина В.Д., городской детский экологический центр), а так же в дикой природе (охотничьи угодья ряда районов Омской области) в весенне-летний период (2023-2024 гг.). Выделение и идентификацию культур бактерий осуществляли с учетом нормативных инструкций по применению унифицированных бактериологических методов исследования в диагностических лабораториях, по лабораторной диагностике эшерихиоза, стафилококкоза сельскохозяйственных животных. Также, идентификацию выделенных из фекальных проб микроорганизмов осуществляли методом времяпролетной масс-спектрометрии с матрично ассоциированной лазерной десорбцией/ионизацией (MALDI-TOF MS) с использованием системы VITEK MS и программного обеспечения «Biotyper RTC» (ФРГ). Рекомендуемое значение Score $\geq 2,0$ использовали для оптимальной идентификации. Для определения устойчивости/чувствительности выделенных культур бактерий использовали диско-диффузионный метод. Интерпретацию результатов чувствительности отдельных культур бактерий осуществляли с учетом рекомендаций EUCAST (версия 8,0, январь, 2020). Учитывали пограничные значения диаметров зон подавления роста, калиброванные по отношению к гармонизированным европейским пограничным значениям (<http://www.eucast.org>).

Наличие в генах выделенных штаммов микроорганизмов *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Streptococcus* spp. генетических детерминант устойчивости к антибиотическим препаратам определяли методом ПЦР с использованием специфических праймеров. Выделение ДНК бактерий осуществляли из 11 чистых культур *Escherichia coli*, 8 - *Klebsiella pneumoniae*, 16 - *Streptococcus* spp. с использованием пакета-набора «ДНК - сорбент ВЕТ» (производство ООО НПФ «Литех», РФ). Для выявления в пробах специфического участка ДНК бактериальных клеток (*E. coli*, *K. pneumoniae*, *Streptococcus* spp.) применяли наборы реагентов тест-систем «Резистом. ESB_L- *E. coli*», «Резистом. CRE – *Klebsiella*» и «РЕЗИСТОМ.ЕгмВ» (производство ООО НПФ «Литех», РФ). ПЦР-ис-

следования осуществляли в режиме реального времени с применением анализатора CFX-96 производства BIO-RAD. ПЦР-детекцию генетических детерминант (маркеров) антибиотикорезистентности blaKPC, blaOXA-18, blaCTX-M, blaOXA 10, blaNDM, blaDHA, ermB осуществляли с использованием наборов ООО НПФ «Литех», РФ.

Статистическую обработку полученного цифрового материала проводили с использованием программного пакета Statistica v. 12 (Stat Soft). Оценку статистической значимости показателей и различий между исследуемыми группами проводили с учетом критерия Стьюдента при уровне значений $P \leq 0,05$.

Результаты исследования и их обсуждение

Нами впервые в региональном масштабе установлена персистенция антибиотикорезистентных штаммов ряда микроорганизмов в микробиоте кишечного тракта диких животных.

Проведенные исследования показали, что микробиота пищеварительного тракта диких и содержащихся в неволе животных была представлена 5 семействами, а именно: Streptococcaceae, Enterobacteriaceae, Bacillaceae, Staphylococcaceae, Pseudomonadaceae. Установлено, что наибольшим видовым разнообразием характеризовалось семейство Streptococcaceae (4 вида), несколько меньшим семейство Bacillaceae (3 вида). Затем с одинаковым количественным разнообразием следовали семейства Enterobacteriaceae и Staphylococcaceae (по 2 вида). Семейство Pseudomonadaceae было представлено только одним видом *Pseudomonas fragi* (табл. 1).

Таблица 1.

Состав сочленов энтеробактериоценоза диких и зоопарковых животных в Омском Прииртышье

Вид животного	Количество особей	Место локации	Выделенные микроорганизмы
Лиса (лат. <i>Vulpes</i>)	4	Охотничьи угодья	<i>Streptococcus infantarius</i> , <i>Enterococcus faecalis</i> , <i>Bacillus pumilus</i>
Косуля (лат. <i>Capreolus</i>)	8	Охотничьи угодья	<i>Streptococcus gallolyticus</i> , <i>Bacillus pumilus</i> , <i>Bacillus cereus</i> , <i>Escherichia coli</i> , <i>Pantoea agglomerans</i> , <i>Bacillus licheniformis</i>
Зелёная мартышка (лат. <i>Chlorocebus sabaeus</i>)	3	Экопарк	<i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Candida nivariensis</i>

Сурок (лат. <i>Marmota</i>)	3	Экопарк	<i>Escherichia coli</i> , <i>Candida albicans</i> , <i>Bacillus altitudinis</i>
Лемур (лат. <i>Lemuridae</i>)	2	Экопарк	<i>Escherichia coli</i> , <i>Enterococcus hirae</i> , <i>Candida albicans</i>
Кенгуру (лат. <i>Macropus</i>)	2	Экопарк	<i>Escherichia coli</i>
Дикобраз (лат. <i>Hystriidae</i>)	2	Экопарк	<i>Escherichia coli</i>
Гуанако (лат. <i>Lama guanicoe</i>)	2	Экопарк	<i>Escherichia coli</i> , <i>Staphylococcus succinus</i>
Енот (лат. <i>Procyon</i>)	2	Экопарк	<i>Escherichia coli</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Staphylococcus delphini</i> , <i>Candida albicans</i>
Песец (лат. <i>Vulpes lagopus</i>)	3	Экопарк	<i>Escherichia coli</i> , <i>Enterococcus faecium</i> , <i>Bacillus licheniformis</i> , <i>Staphylococcus equorum</i> , <i>Pseudomonas fragi</i>
Дикий кабан (лат. <i>Sus scrofa</i>)	3	Охотничьи угодья	<i>Escherichia coli</i> , <i>Bacillus licheniformis</i> ,
Дальневосточный лесной кот (лат. <i>Prionailurus bengalensis euptilurus</i>)	2	Экопарк	<i>Enterococcus faecium</i> , <i>Bacillus pumilus</i> , <i>Lactococcus garvieae</i>

Необходимо отметить, что какой либо достоверной связи между видом животного и таксономической принадлежностью микроорганизмов не установлено. В тоже время, наиболее часто в исследованных пробах фекалий диких и содержащихся в неволе животных выделяли микроорганизмы вида *Escherichia coli* - 75%. Несколько реже бактерии рода *Bacillus* - 66,6%, затем *Staphylococcus* - 33,3% и в единичных случаях представителей рода *Streptococcus*, *Pseudomonas*. Кроме того в 33,3% проб были изолированы культуры грибов *Candida albicans*. Нами установлено, что в подавляющем большинстве случаев (83,5%) вышеперечисленные микроорганизмы были изолированы в ассоциациях. При этом наиболее часто встречались энтеромикробиоценозы состоящие из трех сочленов, и в частности *E. coli* + *Enterococcus* spp. + *Bacillus* spp.. В единичных случаях фекальный микробиоценоз был представлен 4 и более бактериями, в частности: *E. coli*, *Streptococcus* spp., *Klebsiella pneumoniae*, *Candida albicans*, *Bacillus* spp., *Lactococcus garvieae*.

Анализ таксономического разнообразия фекальной энтеромикробиоты не показал какой-либо достоверной взаимосвязи между локацией обитания животных (в условиях дикой природы или в зоопарках) и выделенными микроорганизмами.

Проведенные исследования показали, что профиль фенотипической антибиотикоустойчивости изолированных из проб фекалий бактерий представлен в достаточно широком диапазоне. Установлено, что 100%-ную антибиотикорезистентность к трем тестируемым антимикробным препаратам показали культуры следующих микроорганизмов: *Streptococcus infantarius* и *E. coli* (табл. 2, 5).

Таблица 2.

Антибиотикорезистентность микроорганизмов семейства Streptococcaceae, выделенных из проб фекалий диких и зоопарковых животных

Антибиотические препараты	Streptococcus infantarius (n=6)			Enterococcus faecalis (n=7)			Streptococcus gallolyticus (n=10)			Lactococcus garvieae (n=9)		
	R (%)	I (%)	S (%)	R (%)	I (%)	S (%)	R (%)	I (%)	S (%)	R (%)	I (%)	S (%)
Бензилпенициллин	100	-	-	100	-	-	-	-	100	-	-	100
Амоксициллин	100	-	-	14,2	-	85,8	-	-	100	100	-	-
Ампициллин	100	-	-	-	-	100	-	-	100	100	-	-
Клиндамицин	66,7	33,3	-	-	-	100	-	20,0	80,0		33,3	66,7
Линкомицин	83,4	16,6	-		14,2	85,8	-	10,0	90,0	22,2	-	77,8
Норфлоксацин	16,6	-	83,4	-	-	100		30,0	70,0	11,1	-	88,9
Гентамицин	-	-	100	-	-	100	-	-	100	-	11,1	88,9
Эритромицин	-	50,0	50,0	-	-	100	-	-	100	-	-	100
Сульбактам	-	-	100	-	-	100	-	-	100	-	33,3	66,7
Цифрофлоксацин	-	-	100	-	42,8	57,2		20,0	80,0	-	-	100
Левоефлоксацин		33,3	66,7	-	42,8	57,2	-	40,0	60,0		44,4	55,6
Тетрациклин	-	-	100	-	-	100	-	-	100	11,1	-	88,9
Рокситрамицин	-	-	100	14,2	-	85,8	-	-	100	-	-	100
Азитромицин		33,3	66,7	-	-	100	-	-	100	1		
Офлоксацин	-	-	100	-	-	100	-	-	100	-	-	100
Кларитромицин	16,6	33,3	50,0	-	-	100	-	-	100		4	

Условные обозначения: R - резистентные культуры; I – умеренно-чувствительные культуры; S - чувствительные культуры

Причем, данные культуры микроорганизмов в двух случаях проявили 100% резистентность к амоксицилину и ампициллину, относящимся к фармакологической группе биосинтетических пенициллинов. Кроме того, 100% устойчивость к бензилпенициллину отмечена у культур бактерий рода *Staphylococcus* (табл. 3).

Таблица 3.

Антибиотикорезистентность микроорганизмов семейства Staphylococcaceae, выделенных из проб фекалий диких и содержащихся в неволе животных

Антибиотические препараты	Staphylococcus succinus (n=7)			Staphylococcus hominis (n=9)		
	R (%)	I (%)	S (%)	R (%)	I (%)	S (%)
Бензилпенициллин	100	-	-	100	-	-
Амоксициллин	-	-	100	-	11,1	88,9
Ампициллин	-	-	100	-	11,1	89,9
Клиндамицин	-	-	100	-	-	100
Линкомицин	-	-	100	100	-	-
Норфлоксацин	-	14,2	85,8	-	22,2	77,8
Гентамицин	-	-	100	-	-	100
Эритромицин	-	-	100	-	-	100
Сульбактам	-	14,2	85,8	-	22,2	77,8
Ципрофлоксацин	-	-	100	-	-	100
Левифлоксацин	-	28,5	71,5	-	33,3	66,7
Тетрациклин	-	-	100	-	-	100
Рокситрамицин	-	14,2	85,8	-	-	100
Азитромицин	-	-	100	-	-	100
Офлоксацин	-	14,2	85,8	-	-	100
Кларитромицин	-	14,2	85,8	-	-	100
Клавулоновая кислота	100	-	-	88,9	-	11,1

Условные обозначения: R - резистентные культуры; I – умеренно-чувствительные культуры; S - чувствительные культуры

В двух случаях отмечена высокая (более 50%) резистентность культур *Streptococcus infatarius* к клиндамицину (66,7%) и линкомицину (83,4%). Отмечено, что все выделенные культуры *Lactococcus garvillae* демонстрировали высокую устойчивость к амоксициллину и ампициллину. Вместе с тем, проведенный нами анализ профиля фенотипической антибиотикорезистентности выделенных культур энтеромикробиоты диких и содержащихся в неволе животных позволил выявить антибиотические препараты, обладающие высокой антибиотической и бактерицидной способностью к выделенным микроорганизмам. Так, подавляющее большинство выделенных культур обладали 100% чувствительностью к гентамицину, эритромицину, офлоксацину, левофлоксацину, тетрациклину. Установлено, что выделенные микроорганизмы семейств Staphylococcaceae и Bacillaceae показали высокую резистентность (более 50%) к препарату относящемуся к фармакологической группе ингибиторов бета-лактамаз, а именно клавулоновой кислоте (табл. 3,4).

Таблица 4.

Антибиотикорезистентность микроорганизмов семейства Bacillaceae, выделенных из проб фекалий диких и содержащихся в неволе животных

Антибиотические препараты	Bacillus pumilus (n=5)			Bacillus cereus (n=6)			Bacillus licheniformis (n=5)		
	R (%)	I (%)	S (%)	R (%)	I (%)	S (%)	R (%)	I (%)	S (%)
Бензилпенициллин	-	-	100	-	-	100	-	-	100
Амоксициллин	-	-	100	-	-	100	-	-	100
Ампициллин	-	-	100	-	-	100	-	-	100
Клиндамицин	-	-	100	-	-	100	-	-	100
Линкомицин	-	-	100	-	-	100	-	-	100
Норфлоксацин	-	-	100	-	-	100	-	-	100
Гентамицин	-	20,0	80,0	-	-	100	-	-	100
Эритромицин	-	-	100	-	-	100	-	-	100
Сульбактам	-	-	100	-	-	100	-	-	100
Ципрофлоксацин	-	20,0	80,0		20,0	80,0	-	40,0	60,0
Левоефлоксацин	-	-	100		40,0	60,0		20,0	80,0
Тетрациклин	-	40,0	60,0		20,0	80,0			
Рокситрамицин	-	-	100					20,0	80,0
Азитромицин	-	-	100		20,0	80,0	-	-	100
Офлоксацин		40,0	60,0	-	-	100	-	20,0	80,0
Кларитромицин		20,0	80,0	-	-	100	-	40,0	60,0
Клавулоновая кислота	80,0	-	20,0	80,0	20,0	-	20,0	80,0	-

Условные обозначения: R - резистентные культуры; I – умеренно-чувствительные культуры; S - чувствительные культуры

Так же обнаружено, что 100% культур микроорганизмов *E. coli* и *Klebsiella pneumonia*, относящихся к семейству Enterobacteriaceae, проявили резистентность к препарату сульбактам, входящему в группу ингибиторов β -лактамаз (табл. 5).

Таблица 5.

Антибиотикорезистентность микроорганизмов семейства Enterobacteriaceae, выделенных из проб фекалий диких и содержащихся в неволе животных

Антибиотические препараты	Escherichia coli (n=11)			Klebsiella pneumoniae (n=8)		
	R (%)	I (%)	S (%)	R (%)	I (%)	S (%)
Бензилпенициллин	-	-	100			
Амоксициллин	100	-	-	100	-	-
Ампициллин	100	-	-	100	-	-
Клиндамицин	-	-	100	-	-	100

Линкомицин	-	27,2	72,8	-	12,5	87,5
Норфлоксацин		9,0	91,0	-	-	100
Гентамицин	-	-	100	-	-	100
Эритромицин	-	36,3	63,7	-	12,5	87,5
Сульбактам	100	-	-	100	-	-
Ципрофлоксацин	-	30,0	70,0	-	25,0	75,0
Левифлоксацин	-	-	100	-	-	100
Тетрациклин	-	-	100	-	-	100
Рокситрамицин	-	-	100	-	-	100
Азитромицин	-	-	100	-	-	100
Офлоксацин	-	18,1	81,9		12,5	87,5
Кларитромицин	-	-	100		12,5	87,5

Условные обозначения: R - резистентные культуры; I – умеренно-чувствительные культуры; S - чувствительные культуры

Проведенные молекулярно-генетические исследования показали, что среди культур *E. coli*, выделенных из проб фекалий диких животных, в 67,30% были выявлены гены *blaCTX-M*, в 15,20% *blaOXA 10* в 5,16% *blaDHA*, кодирующие β-лактамазы. Установлено, что у 28,31% культур *K. pneumoniae* обнаружены гены резистентности к карбопенемам *blaOXA-18*. В то же время у 26,31% культур *K. pneumoniae* генов резистентности к карбопенемам *blaKPC*, *blaNDM* и *blaDHA* не выявлено. Среди культур *Streptococcus spp.* ген *ermB* был выявлен у 48,53% изолятов.

Заключение

Проведенные исследования показали, что энтеромикробиота диких животных, обитающих на территории Западно-Сибирского региона, представлена 5 семействами, при этом в подавляющем количестве случаев они встречались в ассоциациях. Установлена высокая резистентность некоторых видов бактерий (*E. coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Enterococcus faecalis* и др.) к антибиотическим препаратам относящимся к фармакологическим группам биосинтетических пенициллинов, ингибиторам β-лактамаз.

Молекулярно-генетическими тестами установлено, что более чем у половины штаммов *E. coli* выявлен ген *blaCTX-M*, кодирующий β-лактамазу расширенного спектра действия, опосредующую резистентность к β-лактамным антибиотикам. У 15,20% *E. coli* обнаружен ген *blaOXA10*, который кодирует β-лактамазы класса D. Данные тенденции можно объяснить достаточно широким распространением гена *blaCTX-M* и отражает селек-

тивное давление на фоне часто используемых β -лактамных антибиотиков в ветеринарной практике.

Полученные нами данные свидетельствуют о достаточно широком распространении антибиотикорезистентных бактерий в составе энтеромикробиоты диких животных, которые вероятно, не подвергались воздействию антибиотических препаратов. Следовательно, анализ фактических данных микробиологического и молекулярно-генетического мониторинга может служить важной и эффективной количественной и качественной оценкой распространения резистентности клинически значимой микрофлоры к антимикробным препаратам, что позволит получить новую научную информацию о циркуляции антибиотикоустойчивых микроорганизмов среди диких животных на региональном и глобальном уровнях.

Кроме того, результаты исследований позволяют констатировать, что важными звеньями по предупреждению развития и распространения антибиотикорезистентности должны являться мероприятия, направленные на оптимальное использование антибиотиков, проведение целенаправленного эпидемиологического и эпизоотологического надзора, соблюдение принципов изоляции возбудителей инфекций, использование альтернативных антибиотикам препаратов (пробиотики, иммуномодуляторы и т.п.)

Информация о спонсорстве. Работа выполнена в рамках гранта Российского научного фонда (соглашение № 23-26-00118 от 13.01.2023).

Sponsorship information. This work was supported by the Russian Science Foundation grant (Agreement No. 23-26-00118 dated January 13, 2023).

Список литературы

1. Ерещенко, М. И., Денисенко, Т. Е., & Болтунов, А. Н. (2019). Биологические свойства микроорганизмов, выделенных от атлантического моржа. В *Актуальные проблемы ветеринарной медицины, зоотехнии и биотехнологии: Сборник трудов*, 453-454. EDN: <https://elibrary.ru/vcxlox>
2. Землянко, О. М., Рогоза, Т. М., & Журавлева, Г. А. (2018). Механизмы множественной устойчивости бактерий к антибиотикам. *Экологическая генетика*, 16(3), 4-17. <https://doi.org/10.17816/ecogen1634-17> EDN: <https://elibrary.ru/ynfkb>
3. Лях, Ю. Г., Гринёк, А. Н., Сухоцкая, Е. А., & Солодкий, М. А. (2019). Значение диагностики, анализ носительства возбудителей бактериальных инфекций у охотничьих водоплавающих птиц Беларуси. В *Зоологические*

- чтения - 2019: Сборник статей международной научно-практической конференции, 172-174.
4. Калашникова, В. А., & Демерчян, А. В. (2018). Антибиотикорезистентность бактерий, выделенных у обезьян при кишечных инфекциях. *Ветеринарная клиника*, (7), 12-15. EDN: <https://elibrary.ru/rkmbvk>
 5. Киселева, С. В., & Денисенко, Т. Е. (2017). Индикация антибиотикорезистентности штаммов стафилококков у различных видов домашних и диких животных. В *Тезисы докладов 70-й Всероссийской конференции*, 81-102. EDN: <https://elibrary.ru/ysmkvk>
 6. Ларцева, Л. В., & Истелюева, А. А. (2011). Геоэкологические особенности антибиотикорезистентности микрофлоры внутренних водотоков г. Астрахани. *Геология, география и глобальная энергия*, (3), 180-186. EDN: <https://elibrary.ru/nykzkh>
 7. Лыков, И. Н., & Битков, М. П. (2022). Антибиотикорезистентность микрофлоры кузнечиков. *Международный научно-исследовательский журнал*, (11), 11. <https://doi.org/10.23670/IRJ.2022.125.107> EDN: <https://elibrary.ru/wmdhsm>
 8. Обухова, О. В., & Ларцева, Л. В. (2014). Особенности антибиотикорезистентности энтеробактерий в дельте р. Волги. *Гигиена и санитария*, (3), 21-23. EDN: <https://elibrary.ru/sjsxoh>
 9. Давидович, Н. В., Кукалевская, Н. Н., Башилова, Е. Н., & Бажукова, Т. А. (2020). Основные принципы эволюции антибиотикорезистентности у бактерий. *Клиническая лабораторная диагностика*, 65(6), 387-393. <https://doi.org/10.18821/0869-2084-2020-65-6-387-393> EDN: <https://elibrary.ru/ejuexx>
 10. Манжурина, О. А., Скогорева, А. М., Ромашов, Б. В., & Ромашова, Н. Б. (2017). Современные тенденции антибиотикорезистентности микробиоты домашних и диких животных. *Вестник Воронежского государственного аграрного университета*, (1), 41-45. <https://doi.org/10.17238/issn2071-2243.2017.1.41> EDN: <https://elibrary.ru/yqunuv>
 11. Устойчивость к противомикробным препаратам [Электронный ресурс]. Всемирная организация здравоохранения. URL: <https://www.who.int/ru/health-topics/antimicrobial-resistance> (дата обращения: 11.06.2024).
 12. Martinez, J. L., Fajardo, A., Garmendia, L., Hernandez, A., Linares, J. F., Martinez-Solano, L., & Sanchez, M. B. (n.d.). A global view of antibiotic resistance. *FEMS Microbiol. Rev.*, 33, 44-65.
 13. Baquero, F., Alvarez-Ortega, C., & Martinez, J. L. (2009). Ecology and evolution of antibiotic resistance. *Environ Microbiol Rep*, 1(6), 469-476.
 14. Bonnedahl, J., & Järhult, J. D. (2014). Antibiotic resistance in wild birds. *Ups J Med Sci*, 119(2), 113-116.

15. Koeck, R., Daniels-Haardt, I., Becker, K., Mellmann, A., Friedrich, A. W., Mevius, D., & Schwarz, S., Jurke, A. (2018). Carbapenem-resistant Enterobacteriaceae in wildlife, food-producing, and companion animals: a systematic review. *Clin Microbiol Infect*, 10, 441-449.
16. Dolejska, M., & Literak, I. (2019). Wildlife is overlooked in the epidemiology of medically important antibiotic-resistant bacteria. *Antimicrob Agents Chemother*, 63(8), 142-151.
17. Guenther, S., Ewers, C., & Wieler, L. H. (2011). Extended-spectrum beta-lactamases producing *E. coli* in wildlife, yet another form of environmental pollution? *Front Microbiol*, 128-158.
18. Martínez, J. L. (2012). Natural antibiotic resistance and contamination by antibiotic resistance determinants: the two ages in the evolution of resistance to antimicrobials. *Front Microbiol*, 1-3.
19. Wellington, E. M., Boxall, A. B., Cross, P., Feil, E. J., Gaze, W. H., Hawkey, P. M. et al. (2013). The role of the natural environment in the emergence of antibiotic resistance in gram-negative bacteria. *Lancet Infect Dis*, 13(2), 155-165.
20. Furness, L. E., Campbell, A., Zhang, L., Gaze, W. H., & McDonald, R. A. (2017). Wild small mammals as sentinels for the environmental transmission of antimicrobial resistance. *Environ Res*, 3, 1121-1129.

References

1. Ereschenko, M. I., Denisenko, T. E., & Boltunov, A. N. (2019). Biological properties of microorganisms isolated from Atlantic walrus. In *Actual problems of veterinary medicine, animal husbandry and biotechnology: Proceedings* (pp. 453-454). EDN: <https://elibrary.ru/vcxlox>
2. Zemlyanko, O. M., Rogoza, T. M., & Zhuravleva, G. A. (2018). Mechanisms of multiple antibiotic resistance in bacteria. *Ecological Genetics*, 16(3), 4-17. <https://doi.org/10.17816/ecogen1634-17> EDN: <https://elibrary.ru/ynfkb>
3. Lyakh, Yu. G., Grinek, A. N., Sukotskaya, E. A., & Solodkyi, M. A. (2019). Importance of diagnostics, analysis of carriage of bacterial infection pathogens in hunting waterfowl of Belarus. In *Zoological readings - 2019: Proceedings of the International Scientific and Practical Conference* (pp. 172-174).
4. Kalashnikova, V. A., & Demerchyan, A. V. (2018). Antibiotic resistance of bacteria isolated from monkeys with intestinal infections. *Veterinary Clinic*, (7), 12-15. EDN: <https://elibrary.ru/rkmbvk>
5. Kiseleva, S. V., & Denisenko, T. E. (2017). Indication of antibiotic resistance of staphylococcus strains in various species of domestic and wild animals. In *Ab-*

- stracts of the 70th All-Russian Conference* (pp. 81-102). EDN: <https://elibrary.ru/ysmkvk>
6. Lartseva, L. V., & Isteleva, A. A. (2011). Geoecological features of antibiotic resistance of microflora of internal waterways of Astrakhan. *Geology, Geography and Global Energy*, (3), 180-186. EDN: <https://elibrary.ru/nykzkh>
 7. Lykov, I. N., & Bitkov, M. P. (2022). Antibiotic resistance of grasshopper microflora. *International Research Journal*, (11), 11. <https://doi.org/10.23670/IRJ.2022.125.107> EDN: <https://elibrary.ru/wmdhsm>
 8. Obukhova, O. V., & Lartseva, L. V. (2014). Features of antibiotic resistance of enterobacteria in the Volga Delta. *Hygiene and Sanitation*, (3), 21-23. EDN: <https://elibrary.ru/sjsxoh>
 9. Davidovich, N. V., Kukalevskaya, N. N., Bashilova, E. N., & Bazhukova, T. A. (2020). Main principles of evolution of antibiotic resistance in bacteria. *Clinical Laboratory Diagnostics*, 65(6), 387-393. <https://doi.org/10.18821/0869-2084-2020-65-6-387-393> EDN: <https://elibrary.ru/ejuexx>
 10. Manzhurina, O. A., Skogoreva, A. M., Romashov, B. V., & Romashova, N. B. (2017). Current trends in antibiotic resistance of microbiota of domestic and wild animals. *Bulletin of Voronezh State Agrarian University*, (1), 41-45. <https://doi.org/10.17238/issn2071-2243.2017.1.41> EDN: <https://elibrary.ru/yqunuv>
 11. Antimicrobial resistance. (2024). World Health Organization. Retrieved from <https://www.who.int/ru/health-topics/antimicrobial-resistance> (Accessed: June 11, 2024)
 12. Martinez, J. L., Fajardo, A., Garmendia, L., Hernandez, A., Linares, J. F., Martinez-Solano, L., & Sanchez, M. B. (n.d.). A global view of antibiotic resistance. *FEMS Microbiol. Rev.*, 33, 44-65.
 13. Baquero, F., Alvarez-Ortega, C., & Martinez, J. L. (2009). Ecology and evolution of antibiotic resistance. *Environ Microbiol Rep*, 1(6), 469-476.
 14. Bonnedahl, J., & Järhult, J. D. (2014). Antibiotic resistance in wild birds. *Ups J Med Sci*, 119(2), 113-116.
 15. Koeck, R., Daniels-Haardt, I., Becker, K., Mellmann, A., Friedrich, A. W., Mevius, D., & Schwarz, S., Jurke, A. (2018). Carbapenem-resistant Enterobacteriaceae in wildlife, food-producing, and companion animals: a systematic review. *Clin Microbiol Infect*, 10, 441-449.
 16. Dolejska, M., & Literak, I. (2019). Wildlife is overlooked in the epidemiology of medically important antibiotic-resistant bacteria. *Antimicrob Agents Chemother*, 63(8), 142-151.
 17. Guenther, S., Ewers, C., & Wieler, L. H. (2011). Extended-spectrum beta-lactamases producing *E. coli* in wildlife, yet another form of environmental pollution? *Front Microbiol*, 128-158.

18. Martínez, J. L. (2012). Natural antibiotic resistance and contamination by antibiotic resistance determinants: the two ages in the evolution of resistance to antimicrobials. *Front Microbiol*, 1-3.
19. Wellington, E. M., Boxall, A. B., Cross, P., Feil, E. J., Gaze, W. H., Hawkey, P. M. et al. (2013). The role of the natural environment in the emergence of antibiotic resistance in gram-negative bacteria. *Lancet Infect Dis*, 13(2), 155-165.
20. Furness, L. E., Campbell, A., Zhang, L., Gaze, W. H., & McDonald, R. A. (2017). Wild small mammals as sentinels for the environmental transmission of antimicrobial resistance. *Environ Res*, 3, 1121-1129.

ДАННЫЕ ОБ АВТОРАХ

Плешакова Валентина Ивановна, профессор, доктор ветеринарных наук, профессор
ФГБОУ ВО Омский ГАУ
Институтская площадь, 1, г. Омск, 644008, Российская Федерация
vi.pleshakova@omgau.org

Лещёва Надежда Алексеевна, зав. кафедрой, кандидат ветеринарных наук, доцент
ФГБОУ ВО Омский ГАУ
Институтская площадь, 1, г. Омск, 644008, Российская Федерация
na.lescheva@omgau.org

Лоренгель Татьяна Иосифовна, доцент, кандидат ветеринарных наук
ФГБОУ ВО Омский ГАУ
Институтская площадь, 1, г. Омск, 644008, Российская Федерация
ti.lorengeel@omgau.org

DATA ABOUT THE AUTHORS

Valentina I. Pleshakova, Doctor of Veterinary Sciences, Professor
Omsk State Agrarian University named after P.A. Stolypin
1, Institutskaya Sq., Omsk, 644008, Russian Federation
vi.pleshakova@omgau.org
SPIN-code: 4372-5742
ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7896-2339>
ResearcherID: ABG-9332-2021
Scopus Author ID: 57214335417

Nadezhda A. Leshcheva, Head of the Department, Candidate of Veterinary Sciences, Associate Professor

*Omsk State Agrarian University named after P.A. Stolypin
1, Institutskaya Sq., Omsk, 644008, Russian Federation
na.lescheva@omgau.org*

SPIN-code: 1482-8172

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6334-0422>

ResearcherID: AIF-2193-22

Scopus Author ID: 57223669914

Tatyana I. Lorengel, Associate Professor, Candidate of Veterinary Sciences

*Omsk State Agrarian University named after P.A. Stolypin
1, Institutskaya Sq., Omsk, 644008, Russian Federation
ti.lorengel@omgau.org*

SPIN-code: 4352-5240

Scopus Author ID: 57214329921

Поступила 05.07.2024

После рецензирования 14.09.2024

Принята 16.10.2024

Received 05.07.2024

Revised 14.09.2024

Accepted 16.10.2024