



<https://doi.org/10.29326/2304-196X-2025-14-3-294-301>
УДК 619:636.2:579.83:615.331.015.8

Видовое разнообразие микроорганизмов и распространение антибиотикорезистентных энтеробактерий на молочных фермах

В. Д. Зубарева¹, Н. А. Безбородова¹, П. Г. Аминова², А. С. Кривоногова¹, О. В. Соколова¹, И. А. Шкуратова¹, М. Н. Исакова¹

¹ ФГБНУ «Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук» (ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН), ул. Белинского, 112а, г. Екатеринбург, 620142, Россия

² ООО «Квалити Мед», ул. Машинная, 1, г. Екатеринбург, 620142, Россия

РЕЗЮМЕ

Введение. Бактериальные сообщества существенно влияют на общую производительность сельскохозяйственных предприятий, от них зависит здоровье животных, производство молока, качество и безопасность пищевых продуктов. Зоонозные бактерии не только оказывают негативное воздействие на благополучие животных, но и представляют риск для общественного здравоохранения, поэтому мониторинг видового разнообразия микроорганизмов на молочных фермах для определения преобладающих видов возбудителей и профилей антибиотикорезистентности имеет важное значение.

Цель исследования. Изучение видового разнообразия бактериальных сообществ на молочной ферме и мониторинг распространения антибиотикорезистентности у изолятов *Escherichia coli* и *Proteus mirabilis* для своевременной разработки мер по сдерживанию распространения устойчивых к антибактериальным препаратам микроорганизмов.

Материалы и методы. Для достижения поставленной цели проводили идентификацию микроорганизмов методом MALDI-ToF масс-спектрометрии и определяли антибиотикочувствительность выделенных культур с помощью диско-диффузионного метода.

Результаты. Установлено видовое разнообразие микроорганизмов, выделенных из проб экссудата с поверхности ран конечностей крупного рогатого скота, фекалий и образцов корма. Преобладающими микроорганизмами оказались оппортунистические и патогенные *Escherichia coli* и *Proteus mirabilis*, для них определены профили антибиотикорезистентности. Один из изолятов *Escherichia coli* был мультирезистентным, только комбинация амоксициллина и клавулановой кислоты проявила эффективность в подавлении роста данной культуры. Большая доля изолятов *Proteus mirabilis* обладала устойчивостью к препаратам из группы фторхинолонов и чувствительностью ко всем остальным исследованным антибактериальным средствам.

Заключение. Отмечены факторы, влияющие на видовое разнообразие микроорганизмов в раневом экссудате, фекалиях и кормах. Определение профилей антибиотикорезистентности энтеробактерий позволит провести ротацию антибактериальных препаратов в исследованных животноводческих организациях.

Ключевые слова: микробные сообщества, антибиотикорезистентность, видовое разнообразие бактерий, крупный рогатый скот, патогены окружающей среды

Благодарности: Работа выполнена в рамках государственного задания Минобрнауки России по теме 0532-2021-0004 «Разработка методологических подходов к мониторингу, контролю и сдерживанию антибиотикорезистентности оппортунистических микроорганизмов в животноводстве».

Для цитирования: Зубарева В. Д., Безбородова Н. А., Аминова П. Г., Кривоногова А. С., Соколова О. В., Шкуратова И. А., Исакова М. Н. Видовое разнообразие микроорганизмов и распространение антибиотикорезистентных энтеробактерий на молочных фермах. *Ветеринария сегодня*. 2025; 14 (3): 294–301. <https://doi.org/10.29326/2304-196X-2025-14-3-294-301>

Конфликт интересов: Шкуратова И. А. является членом редколлегии, но никакого отношения к решению опубликовать эту статью не имеет. Рукопись прошла принятую в журнале процедуру рецензирования. Об иных конфликтах интересов авторы не заявляли.

Для корреспонденции: Зубарева Владлена Дмитриевна, младший научный сотрудник отдела геномных исследований и селекции животных ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, ул. Белинского, 112а, г. Екатеринбург, 620142, Россия, zzub97@mail.ru

Microbial species diversity and antibiotic-resistant *Enterobacteriaceae* spread on dairy farms

Vladlena D. Zubareva¹, Natalia A. Bezborodova¹, Polina G. Amineva², Anna S. Krivonogova¹, Olga V. Sokolova¹, Irina A. Shkuratova¹, Maria N. Isakova¹

¹ Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 112a Belinsky str., Ekaterinburg 620142, Russia

² Quality Med LLC, 1 Mashinnaya str., Ekaterinburg 620142, Russia

ABSTRACT

Introduction. Bacterial communities significantly affect the overall productivity of agricultural establishments, as animal health, milk production, and food quality and safety depend on them. Zoonotic bacteria not only have a negative impact on animal health, but also pose a risk to public health, so monitoring of the microbial species diversity on dairy farms to determine the predominant pathogen species and antibiotic resistance profiles is essential.

Objective. Study of bacterial species diversity on a dairy farm and monitoring of antibiotic resistance spread in *Escherichia coli* and *Proteus mirabilis* isolates in order to enable timely development of measures containing the spread of antibiotic-resistant microorganisms.

© Зубарева В. Д., Безбородова Н. А., Аминова П. Г., Кривоногова А. С., Соколова О. В., Шкуратова И. А., Исакова М. Н., 2025

Materials and methods. To achieve this goal, microorganisms were identified by MALDI-ToF mass spectrometry and antibiotic susceptibility of the isolated cultures was determined using the disc diffusion test.

Results. The species diversity of microorganisms isolated from samples of cattle limb wound exudates, feces, and feed was established. Opportunistic and pathogenic *Escherichia coli* and *Proteus mirabilis* turned out to be the predominant microorganisms, and their antibiotic resistance profiles were determined. One of the *Escherichia coli* isolates was found to be multi-resistant; only a combination of amoxicillin and clavulanic acid proved effective in inhibiting the growth of this culture. A large proportion of *Proteus mirabilis* isolates were resistant to drugs included in the group of fluoroquinolones and sensitive to all other tested antibacterial agents.

Conclusion. The factors influencing the microbial species diversity in wound exudate, feces and feed were reported. Determination of *Enterobacteriaceae* antibiotic resistance profiles will allow for the rotation of antibacterial drugs on the studied livestock farms.

Keywords: microbial communities, antibiotic resistance, bacterial species diversity, cattle, environmental pathogens

Acknowledgements: The study was conducted under the state assignment of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (Project 0532-2021-0004) "Development of methodological approaches for monitoring, controlling, and containing antimicrobial resistance in opportunistic microorganisms in livestock production".

For citation: Zubareva V. D., Bezborodova N. A., Amineva P. G., Krivonogova A. S., Sokolova O. V., Shkuratova I. A., Isakova M. N. Microbial species diversity and antibiotic-resistant *Enterobacteriaceae* spread on dairy farms. *Veterinary Science Today*. 2025; 14 (3): 294–301. <https://doi.org/10.29326/2304-196X-2025-14-3-294-301>

Conflict of interests: Shkuratova I. A. is a member of the editorial board of the "Veterinary Science Today" journal, but was not involved into the decision making process related to this article publication. The manuscript has passed the review procedure accepted in the journal. The authors did not declare any other conflicts of interests.

For correspondence: Vladlena D. Zubareva, Junior Researcher, Department of Animal Genomics and Selection, Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 112a Belinsky str., Ekaterinburg 620142, Russia, zzub97@mail.ru

ВВЕДЕНИЕ

Бактериальные сообщества, циркулирующие на молочных фермах, оказывают значительное влияние на безопасность пищевых продуктов, качество молочной продукции и здоровье животных [1]. Концепция «Единое здоровье» критически важна для понимания распространения резистентности к антибактериальным средствам, она подразумевает взаимодействие между людьми, животными и окружающей средой, что особенно актуально из-за общей природы устойчивых к противомикробным препаратам бактерий человека и животных [2]. В мире полмиллиарда человек заняты в сфере животноводства и напрямую подвергаются воздействию зоонозных микроорганизмов [3]. Остаточные количества противомикробных препаратов, антибиотикорезистентные патогены часто обнаруживаются в отходах животного происхождения и загрязняют почвенную среду и сточные воды [4]. *Escherichia coli* является резервуаром для многих генетических детерминант резистентности к антибиотикам, которые могут передаваться животным и людям через многочисленные пути: при контакте с животными или продуктами животного происхождения, а также с объектами окружающей среды [4]. *Proteus mirabilis* – условно-патогенный микроорганизм семейства *Enterobacteriaceae*, вызывающий воспалительные заболевания кожи, дыхательных путей, мочевыводящих путей и желудочно-кишечного тракта. После *E. coli* он является наиболее распространенной условно-патогенной и зоонозной бактерией, которую обнаруживают у различных животных, таких как куры, утки, черепахи, крупный рогатый скот и другие домашние животные [5]. *P. mirabilis* встречается в различных средах: сточных водах, почве и желудочно-кишечном тракте животных и человека [6]. Несоблюдение рекомендаций по назначению противомикробных препаратов в животноводстве способствует распространению антибиотикорезистентности.

Актуальность данной работы определяется тем, что изучение состава бактериальных сообществ, циркулирующих

в животноводческих помещениях, позволит определить приоритетные микроорганизмы, влияющие на здоровье животных. Новизна исследований заключается в получении ранее неизвестных данных о составе микробиоты корма, раневого экссудата и фекалий крупного рогатого скота и выявлении степени распространения антибиотикорезистентности энтеробактерий в сельскохозяйственных организациях Свердловской области.

Цель исследования – изучение видового разнообразия бактериальных сообществ, а также проведение мониторинга распространения антибиотикорезистентных энтеробактерий (*E. coli* и *P. mirabilis*) на молочных фермах.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Исследования проводили в 2023–2024 гг. в отделе генетических исследований и селекции животных Уральского научно-исследовательского ветеринарного института – структурного подразделения ФГБНУ «Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук» и лаборатории ООО «Кволити Мед» (г. Екатеринбург). Работа выполнена в 4 сельскохозяйственных организациях Свердловской области, занимающихся разведением крупного рогатого скота голштинской породы. Всего была отобрана 61 проба материала: экссудат с поверхностей ран конечностей (25), фекалии (22) и пробы корма (14).

Сбор проб фекалий от коров проводился зондом-тампоном в пробирки с модифицированной средой Кэри – Блэра, разработанной для транспортировки и сохранения жизнеспособности возбудителей кишечных инфекций (FecalSwab™, Соран, Италия). Пробы остального биоматериала помещали в пробирки с транспортной средой Amies (eSwab®, Соран, Италия).

В лаборатории ООО «Кволити Мед» методом ищущего штриха 10 мкл суспензии биоматериала с помощью стерильной калиброванной петли высевали

на питательные среды: колумбийский агар (Bio-Rad Laboratories, Inc., Франция) с 5% дефибринированной крови барана (E&O Laboratories Ltd., Шотландия); агар Плоскирева (ФБУН «Государственный научный центр прикладной микробиологии и биотехнологии», Россия); ГРМ-агар (ФБУН «Государственный научный центр прикладной микробиологии и биотехнологии», Россия); среда питательная хромогенная UriSelect 4 (Bio-Rad Laboratories, Inc., Франция); агар Сабуро с 2% глюкозы и хлорамфениколом (SIFIN diagnostics GmbH, Германия). Засеянные чашки Петри помещали в термостат при $(37 \pm 1)^\circ\text{C}$ и инкубировали 24 ч.

Выросшие колонии идентифицировали методом MALDI-ToF масс-спектрометрии с помощью прибора Vitek® MS (bioMérieux, Франция). Для этого бактериальную массу наносили на спот слайда, покрывали 1 мкл матрицы (α -циано-3-гидроксикоричная кислота), высушивали при комнатной температуре и считывали прибором масс-спектры рибосомальных белков, сравнивая их с базой данных с помощью программного обеспечения MYLA® (bioMérieux, Франция). Определяли род и вид изолятов в биоматериале с полуколичественной и количественной характеристикой (КОЕ/грамм и КОЕ/образец).

Чувствительность к антибиотикам устанавливали по стандартной методике European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) с использованием агара Мюллера – Хинтона (Bio-Rad Laboratories, Inc., Франция) и дисков (Bio-Rad Laboratories, Inc., Франция), пропитанных препаратами с определенной нагрузкой (табл.). Для считывания антибиотикограмм использовали автоматический анализатор ADAGIO (Bio-Rad Laboratories, Inc., Франция). При интерпретации категорий чувствительности применяли критерии EUCAST (E. A. Elshafie, S. M. Nader, S. M. Dorgham,

D. A. Hamza; версия 12.0, действующая с 01.01.2022). Несмотря на то что, согласно приказу Минсельхоза России от 18 ноября 2021 г. № 771, цефтазидим, цефепим, цефотаксим, цефтриаксон, цефоперазон запрещены к применению в ветеринарных целях, многие из данных антибактериальных веществ ранее входили в состав лекарственных средств, используемых при терапии воспалительных заболеваний крупного рогатого скота, в связи с чем указанные препараты также были включены при оценке профиля антибиотикорезистентности изолятов *E. coli* и *P. mirabilis*.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Всего методом MALDI-ToF идентифицировано 189 изолятов микроорганизмов.

В исследованных пробах раневого экссудата ($n = 86$) среди оппортунистических и патогенных микроорганизмов наибольшую долю занимали (рис. 1): *P. mirabilis* (9,30%), *E. coli* и *Trueperella pyogenes* (по 8,14%), *Bacteroides pyogenes* (6,98%), *Aerococcus viridans* и *Prevotella melaninogenica* (по 5,81%), *Aeromonas hydrophila* и *Candida catenulata* (по 4,65%), *Bacillus altitudinis/pumilus*, *Mannheimia haemolytica*, *Streptococcus agalactiae* (3,49%).

По данным S. C. Liegenfeld et al. [7], в составе микробиоты инфицированных ран наиболее часто обнаруживаются следующие микроорганизмы: грамотрицательные – *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter baumannii*, *Enterobacteriaceae*, *E. coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Serratia marcescens*, *Enterobacter* spp., *Proteus* spp. и *Bacteroides* spp.; грамположительные – *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus* spp., *Enterococcus* spp., *Micrococcus* spp., *Corynebacterium* spp., *Streptococcus pyogenes*, *Corynebacterium diphtheriae* и коагулазоотрицательные стафилококки. Таким образом, представленные авторами сведения о видовом разнообразии раневой микрофлоры отличаются от результатов нашего исследования.

Распространенность *P. mirabilis* в пищевых продуктах животного происхождения и побочных продуктах животноводства недостаточно изучена [8]. Вероятнее всего, обнаружение *P. mirabilis*, как и *E. coli*, в раневом экссудате связано с фекальным загрязнением поверхности ран. Бактерии вида *T. pyogenes* входят в состав микробиоты кожи и слизистых оболочек верхних дыхательных путей, желудочно-кишечного тракта, мочеполовых путей животных и являются условно-патогенными микроорганизмами. Они вызывают различные гнойные инфекции, такие как метрит, мастит, пневмония и абсцессы, которые наносят значительный экономический ущерб животноводству [9]. *B. pyogenes* – представитель микробиоты полости рта кошек и собак, укусы этих животных являются основными факторами риска заражения для человека. Данная бактерия может вызывать ряд воспалительных заболеваний, включая инфекции кожи и мягких тканей, остеомиелит, метрит и абсцессы печени [10, 11]. Обнаруженная в ходе исследований анаэробная бактерия *P. melaninogenica* участвует в развитии и прогрессировании копытной гнили у крупного рогатого скота [12]. Представители филума *Aeromonas* вызывают заболевания, связанные с развитием диареи у поросят и свиней, жеребят и лошадей; аборт и репродуктивные заболевания кобыл, септические артриты жеребят, септицемию собак, маститы коров, полиартриты телят, при этом *A. hydrophila* был определен как единственный источник развития инфекции в ране у коровы [13]. *S. agalactiae* –

Таблица

Антибактериальные препараты для оценки антибиотикочувствительности микроорганизмов

Table
Antibacterial drugs used for assessing the antibiotic susceptibility of microorganisms

Наименование препарата	Группа антибиотиков	Концентрация активного вещества, мкг
Цефиксим	цефалоспорины III поколения	5
Цефподоксим Цефтазидим	цефалоспорины III поколения	10
Цефепим Цефотаксим Цефуроским Цефтриаксон	цефалоспорины II, III, IV поколений	30
Цефоперазон	цефалоспорины III поколения	75
Марбофлоксацин Энрофлоксацин Левифлоксацин Ципрофлоксацин Норфлоксацин	фторхинолоны	5
Гентамицин	аминогликозиды	10
Амоксициллин	полусинтетические пенициллины	30
Амоксициллин / клавулановая кислота	полусинтетические пенициллины / ингибиторы бета-лактамаз	20/10

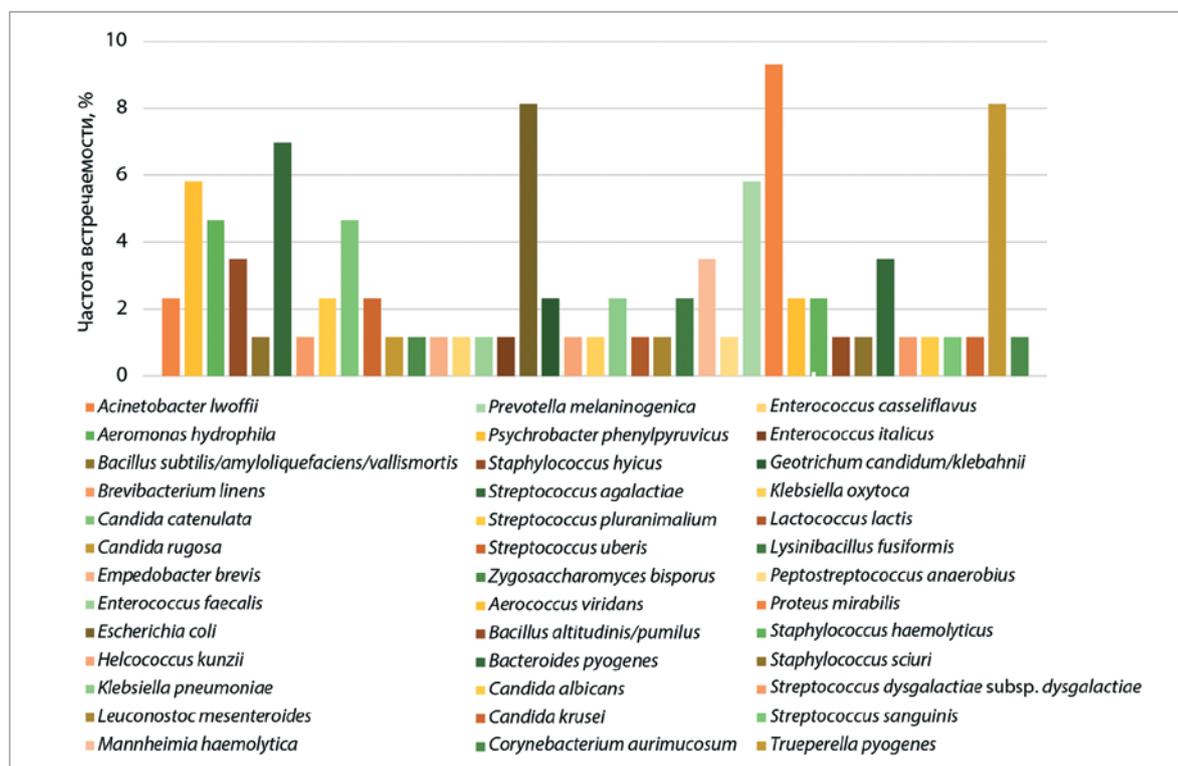


Рис. 1. Видовое разнообразие бактериальных сообществ, выделенных из раневого экссудата крупного рогатого скота (n = 86)

Fig. 1. Species diversity of bacterial communities isolated from wound exudates of cattle (n = 86)

микробактерии, способный индуцировать хронический мастит у коров. Помимо этого, стрептококк данного вида может колонизировать желудочно-кишечный тракт молочных коров, а при контаминации фекалиями раневых поверхностей конечностей – быть причиной обнаружения данного микроорганизма в раневом экссудате [14].

Значительно меньшее видовое разнообразие оппортунистических и патогенных микроорганизмов идентифицировано в пробах фекалий крупного ро-

гатого скота (n = 59): *E. coli* – 28,81%, *Aspergillus niger* complex – 15,25%, *Bacillus licheniformis* – 8,47%, *P. mirabilis* и *Enterococcus hirae* – по 6,78%, отмечено присутствие и других представителей грибковой микрофлоры (рис. 2).

Сокращение разнообразия фекальной микрофлоры может быть связано с увеличением концентрированных кормов в рационе [15]. Высококонцентрированная диета приводит к снижению соотношения ацетата к пропионату и pH в рубце, что негативно влияет на

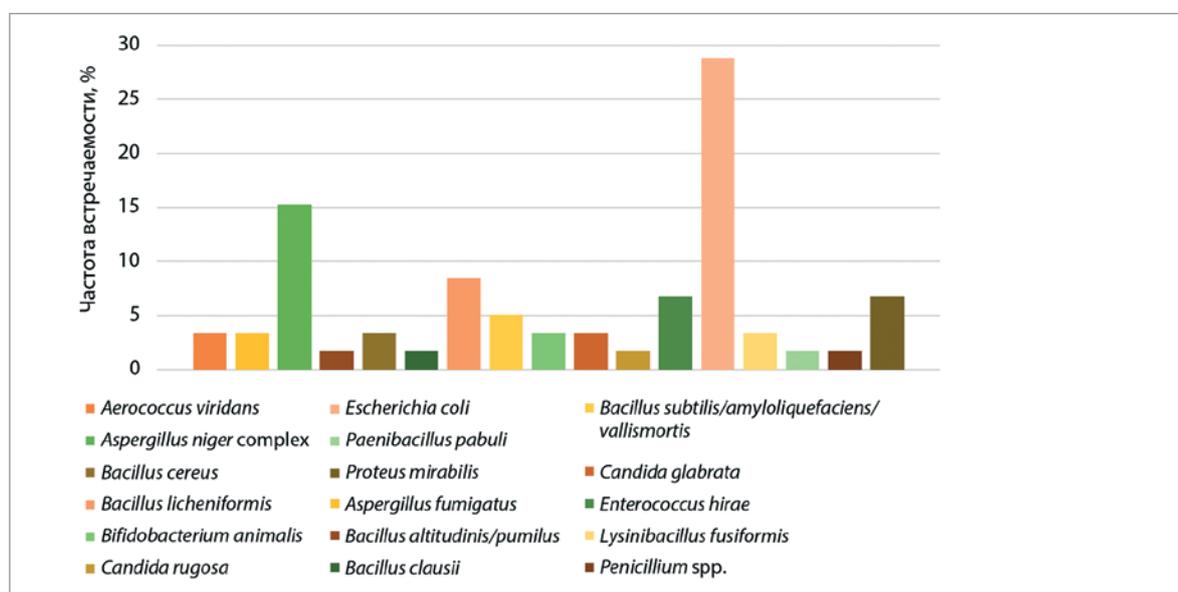


Рис. 2. Видовое разнообразие фекальной микрофлоры крупного рогатого скота (n = 59)

Fig. 2. Fecal microbiota species diversity in cattle (n = 59)

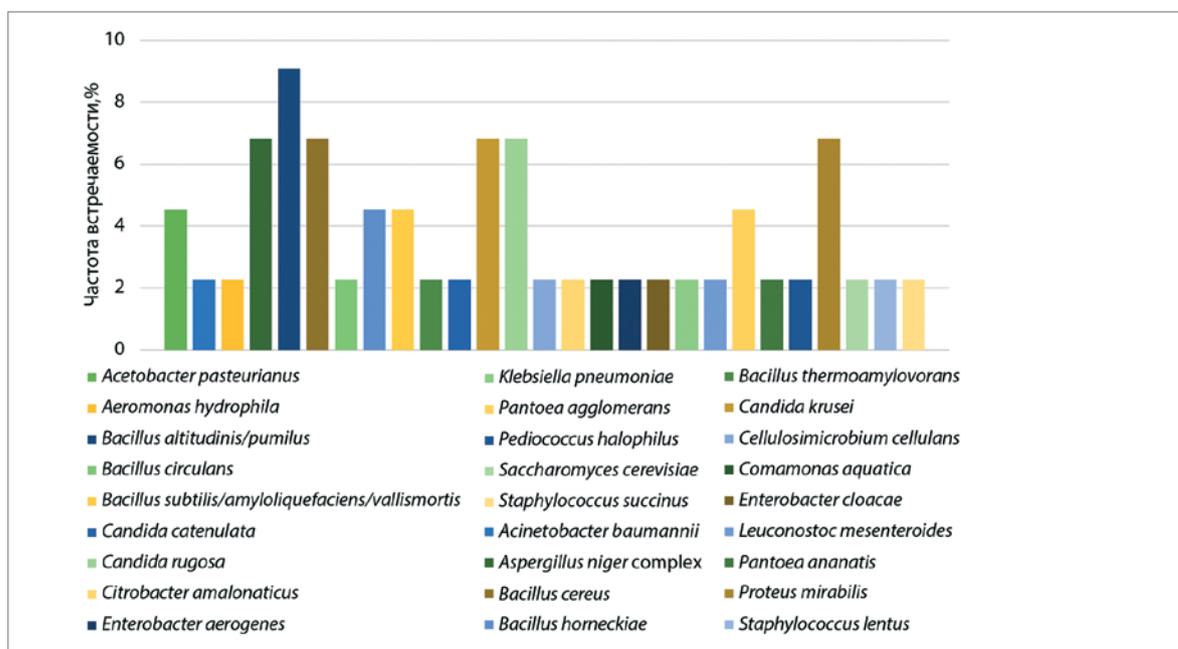


Рис. 3. Видовое разнообразие микроорганизмов, выделенных из проб корма (n = 44)

Fig. 3. Species diversity of microorganisms isolated from feed samples (n = 44)

общее состояние здоровья и продуктивность крупного рогатого скота [16]. На этом фоне возникает дисбиоз, вследствие чего могут увеличиваться популяции определенных бактерий, таких как условно-патогенные *E. coli* [16], превалирование которых в фекальной микробиоте коров выявлено в наших исследованиях. Фекальное загрязнение *E. coli* окружающей среды увеличивает риск развития у коров колиформного мастита [17] и воспалительных заболеваний репродуктивного тракта [18].

В пробах корма: силоса, сенажа, комбикорма (n = 44) – преобладающими оппортунистическими и патогенными видами оказались: *Bacillus altitudinis/pumilus* – 9,09%, *Aspergillus niger* complex, *Bacillus cereus*, *Candida krusei*, *Candida rugosa* и *P. mirabilis* – по 6,82% (рис. 3).

Виды микроорганизмов, обычно обнаруживаемые в силосе, включают: *Bacillus pumilus*, *B. licheniformis*, *B. coagulans*, *B. sphaericus* и *B. cereus*. Появление спор *B. cereus* в силосе неизбежно при нарушении технологического процесса заготовки и хранения кормов. Споры *B. cereus* проходят через желудочно-кишечный тракт крупного рогатого скота без изменений и выделяются с фекалиями, во время доения из-за загрязнения поверхностей сосков могут переноситься в сырое молоко [19]. Наличие *Candida* spp., в частности *C. krusei*, в пробах корма – неблагоприятный показатель, поскольку данные микроскопические грибы могут вызывать микотический мастит у коров [20]. В нашем исследовании в пробах силоса обнаруживали *A. niger*, что может оказывать как положительное, так и отрицательное влияние на организм коров. Данный вид аспергилл продуцирует β-глюкозидазу, фермент, расщепляющий цианогенные гликозиды, токсичные для крупного рогатого скота, что снижает риск отравления цианидом и улучшает качество силоса [21]. В то же время аспергиллез крупного рогатого скота, особенно вызванный *A. niger*, может приводить к микотическим абортam и маститам [22]. Выявление в пробах корма патогенных микроорганизмов свидетельствует о необходимости разработки и реали-

зации мер по улучшению технологических процессов заготовки, хранения и контроля качества кормов в исследованных животноводческих организациях.

Для определения антибиотикочувствительности были выбраны изоляты *E. coli* и *P. mirabilis*, так как эти микроорганизмы оказались преобладающими практически во всех видах исследованного биологического материала, кроме того, они имеют важное значение в индуцировании заболеваний как животных, так и человека.

У культур *E. coli* (n = 17) диско-диффузионным методом обнаружена резистентность к препаратам из групп фторхинолонов – 35,29% и цефалоспоринов – 11,76%. При этом к цефуроксиму 80,0% выделенных из фекалий изолятов эшерихий были чувствительны только при увеличении экспозиции. Наибольшая резистентность выявлена к амоксициллину – 41,18%, а к амоксициллину / клавулановой кислоте отмечается снижение устойчивости на 29,42%. Резистентность к гентамицину установлена у 17,65% изолятов (рис. 4).

Фенотип множественной лекарственной устойчивости – устойчивость хотя бы к одному агенту из трех или более химических классов антибиотиков – выявлена у одного изолята *E. coli*, эффективным в подавлении роста данного изолята оказалась комбинация амоксициллина и клавулановой кислоты. Среди патогенов со множественной лекарственной устойчивостью, широко распространенных на молочных фермах, особую обеспокоенность вызывает *E. coli*, поскольку некоторые штаммы могут вызывать пищевые инфекции у людей [4]. В процессе экспериментов R. Manishimwe et al. [23] у изолятов *E. coli* наблюдали наличие резистентности к тетрациклину (8,2%), цефтриаксону (56,8%), ципрофлоксацину (77,3%) и комбинации налидиксовой кислоты и ципрофлоксацина (54,5%), то есть частота встречаемости устойчивых изолятов *E. coli* значительно выше, чем в проведенном нами исследовании.

Все изоляты *E. coli*, выделенные из образцов раневого экссудата, за исключением одного, резистентного

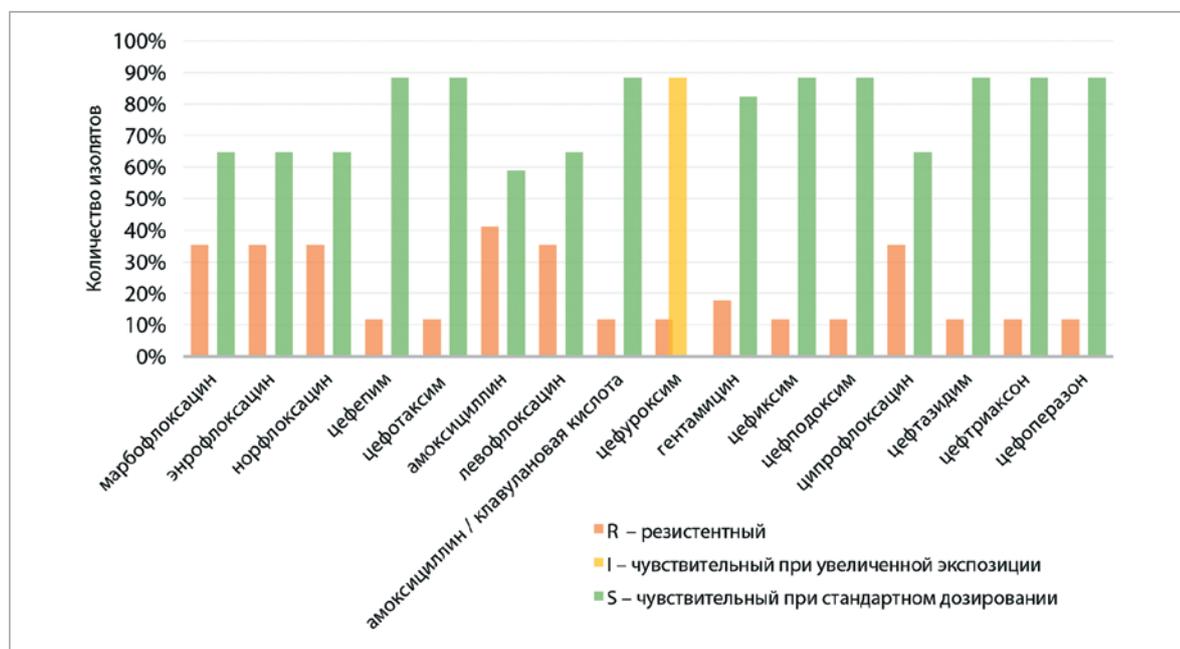


Рис. 4. Резистентность изолятов *E. coli* к антибактериальным препаратам ($n = 17$)

Fig. 4. Resistance of *E. coli* isolates to antibacterial drugs ($n = 17$)

к амоксициллину, оказались чувствительными ко всем исследованным антибиотикам. Alharbi N. S. et al. выявлено, что более 50% изолятов *E. coli*, полученных из раневого отделяемого, были устойчивы к цефазолину, ампициллину, цефуроксиму, ципрофлоксацину, мезлоциллину, моксифлоксацину, пиперациллину и тетрациклину; 70% изолятов продуцировали бета-лактамазы расширенного спектра действия [24].

Резистентность к фторхинолонам наблюдали у 60,0% изолятов *P. mirabilis* ($n = 10$), выделенных из проб раневого экссудата (рис. 5). Все изоляты были восприимчивы к препаратам из группы цефалоспоринов, за исключением цефуроксима, к которому чувствитель-

ность проявили 80% изолятов только при увеличенной экспозиции. Устойчивость к амоксициллину и его комбинации с клавулановой кислотой наблюдали у 40% изолятов, полученных из фекалий и раневого экссудата; 40% изолятов, выделенных из раневого отделяемого, были резистентны к гентамицину. В целом стоит отметить, что препараты из группы цефалоспоринов эффективны в отношении *P. mirabilis*.

В проведенных исследованиях выявлено, что высокая распространенность у кур штаммов *P. mirabilis*, устойчивых к группе пенициллинов, цефалоспоринов и сульфаниламидов, является прямым следствием использования антимикробных препаратов

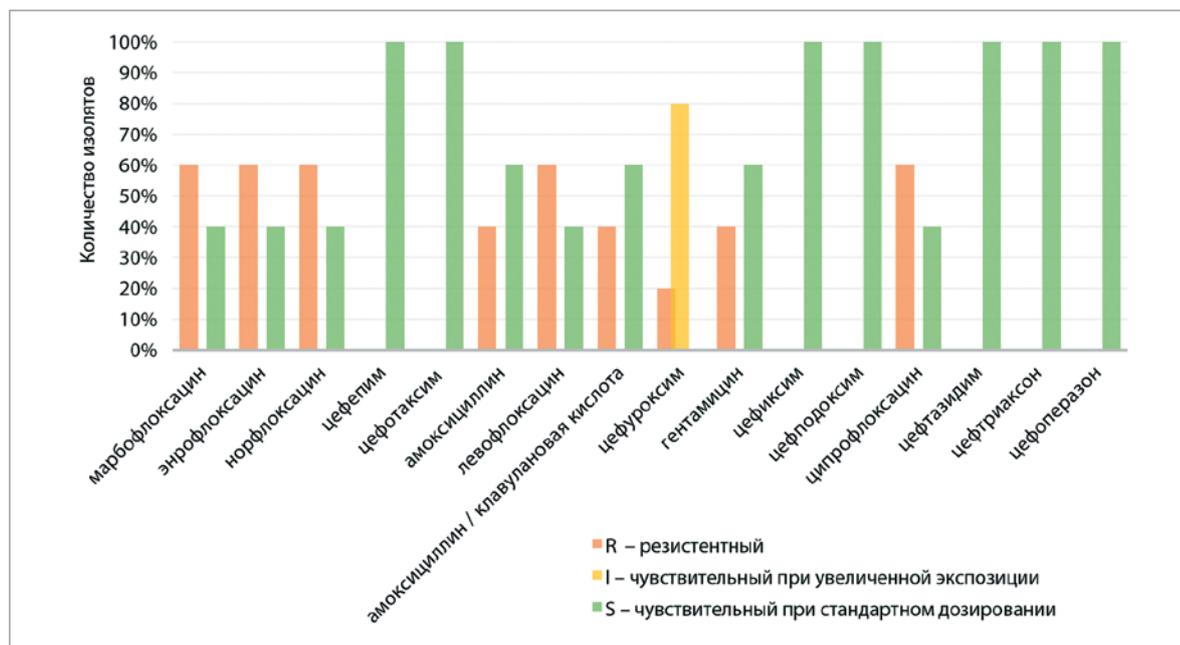


Рис. 5. Резистентность изолятов *P. mirabilis* к антибактериальным препаратам ($n = 10$)

Fig. 5. Resistance of *P. mirabilis* isolates to antibacterial drugs ($n = 10$)

в птицеводстве [25, 26]. Распространение антибиотикорезистентных *P. mirabilis* у продуктивных животных и в окружающей среде сельскохозяйственных предприятий является актуальной проблемой общественного здравоохранения. Ранее уже была описана передача *P. mirabilis* с фенотипом множественной лекарственной устойчивости от животных к человеку при употреблении зараженных пищевых продуктов или при тесном контакте с животными [8, 25].

В ходе работы при помощи метода MALDI-ToF установлено видовое разнообразие бактерий, выделенных из проб экссудата с поверхности ран конечностей крупного рогатого скота, фекалий и проб корма. Полученные данные могут быть использованы на сельскохозяйственных предприятиях для назначения рациональной антибиотикотерапии как ранних инфекций, так и в случае возникновения других воспалительных заболеваний, связанных с данными возбудителями.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В результате проведенной работы в пробах раневого экссудата выявлено большое видовое разнообразие бактериальных сообществ, что в основном может быть связано с фекальной контаминацией ран конечностей. Фекальная же микробиота характеризовалась меньшим видовым составом, что может быть обусловлено возникновением дисбиоза вследствие увеличения доли концентрированных кормов в рационе коров, при этом в пробах фекалий установлено доминирование условно-патогенных *E. coli* (28,81%). Преобладание в пробах корма патогенных видов *A. niger*, *B. cereus* и *C. krusei* свидетельствует о необходимости изменения технологических процессов заготовки, хранения и осуществления контроля за качеством кормов в исследовательских животноводческих организациях.

Установлены профили антибиотикорезистентности *E. coli* и *P. mirabilis*. У культуры *E. coli*, изолированной из фекалий, устойчивость в основном обнаружена к препаратам из группы фторхинолонов (35,29%) и цефалоспоринов (11,76%). При этом практически все изоляты эшерихий, выделенные из раневого экссудата, оказались чувствительны ко всем исследованным антибактериальным препаратам. У одного изолята *E. coli* выявлен фенотип множественной лекарственной устойчивости, эффективным в подавлении его роста оказалась комбинация амоксициллина и клавулановой кислоты. Установлено, что практически все изоляты *P. mirabilis* были устойчивы к антибактериальным препаратам из группы фторхинолонов, эффективными в отношении *P. mirabilis* оказались препараты из группы цефалоспоринов. Для предотвращения дальнейшего роста антибиотикорезистентности необходимо проведение ротации антибактериальных препаратов, применяемых на молочных фермах, согласно выявленным профилям антибиотикорезистентности энтеробактерий.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ / REFERENCES

- Perdomo A., Calle A. Assessment of microbial communities in a dairy farm from a food safety perspective. *International Journal of Food Microbiology*. 2024; 423:110827. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2024.110827>
- Tyrell C., Burgess C. M., Brennan F. P., Münzenmaier D., Drissner D., Leigh R. J., Walsh F. Genomic analysis of antimicrobial resistant *Escherichia coli* isolated from manure and manured agricultural grasslands. *NPJ Antimicrobials and Resistance*. 2025; 3:8. <https://doi.org/10.1038/s44259-025-00081-8>
- Mahmud B., Vargas R. C., Sukhum K. V., Patel S., Liao J., Hall L. R., et al. Longitudinal dynamics of farmer and livestock nasal and faecal micro-

- biomes and resistomes. *Nature Microbiology*. 2024; 9: 1007–1020. <https://doi.org/10.1038/s41564-024-01639-4>
- Veloo Y., Rajendiran S., Zakaria Z., Ismail R., Rahman S. A., Mansor R., Thahir S. S. A. Prevalence and antimicrobial resistance patterns of *Escherichia coli* in the environment, cow dung, and milk of Selangor dairy farms. *Antibiotics*. 2025; 14 (2):137. <https://doi.org/10.3390/antibiotics14020137>
- Liu L., Dong Z., Ai S., Chen S., Dong M., Li Q., et al. Virulence-related factors and antimicrobial resistance in *Proteus mirabilis* isolated from domestic and stray dogs. *Frontiers in Microbiology*. 2023; 14:1141418. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1141418>
- Al-Qurashi E., Elbanna K., Ahmad I., Abulreesh H. H. Antibiotic resistance in *Proteus mirabilis*: mechanism, status, and public health significance. *Journal of Pure and Applied Microbiology*. 2022; 16 (3): 1550–1561. <https://doi.org/10.22207/JPAM.16.3.59>
- Liegenfeld S. C., Stenzel S., Rembe J.-D., Dittmer M., Ramos P., Stuermer E. K. Pathogenic and non-pathogenic microbes in the wound microbiome – how to flip the switch. *Microbiology Research*. 2025; 16 (2):39. <https://doi.org/10.3390/microbiolres16020039>
- Chalmers G., Anderson R. E. V., Murray R., Topp E., Boerlin P. Characterization of *Proteus mirabilis* and associated plasmids isolated from anaerobic dairy cattle manure digesters. *PLoS ONE*. 2023; 18 (8):e0289703. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0289703>
- Rzewuska M., Kwiecień E., Chrobak-Chmiel D., Kizerwetter-Świda M., Stefańska I., Gieryńska M. Pathogenicity and virulence of *Trueperella pyogenes*: a review. *International Journal of Molecular Sciences*. 2019; 20 (11):2737. <https://doi.org/10.3390/ijms20112737>
- Lee H. K., Walls G., Anderson G., Sullivan C., Wong C. A. Prolonged *Bacteroides pyogenes* infection in a patient with multiple lung abscesses. *Respirology Case Reports*. 2024; 12 (3):e01314. <https://doi.org/10.1002/rcr2.1314>
- Cunha F., Jeon S. J., Jeong K. C., Galvão K. N. Draft genome sequences of *Bacteroides pyogenes* strains isolated from the uterus of Holstein dairy cows with metritis. *Microbiology Resource Announcements*. 2019; 8 (41):e01043-19. <https://doi.org/10.1128/MRA.01043-19>
- Pyakurel S., Caddey B. J., Dias A. P., De Buck J., Morck D. W., Orsel K. Profiling bacterial communities in feedlot cattle affected with bovine foot rot and bovine digital dermatitis lesions using 16S rRNA gene sequencing and quantitative real-time PCR. *BMC Microbiology*. 2025; 25:158. <https://doi.org/10.1186/s12866-025-03869-w>
- Awoyomi O. J., Oyewusi J. A., Talabi A. O., Oyewusi I. K., Biobaku K. T., Mustapha O. A., Agbaje M. Isolation of *Aeromonas hydrophila* in a case of wound infection in cattle in Nigeria. *Nigerian Journal of Animal Production*. 2014; 41 (1): 213–219. <https://doi.org/10.51791/njap.v41i1.2726>
- Kabelitz T., Aubry E., van Vorst K., Amon T., Fulde M. The role of *Streptococcus* spp. in bovine mastitis. *Microorganisms*. 2021; 9 (7):1497. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9071497>
- Corrêa P. S., Jimenez C. R., Mendes L. W., Rymer C., Ray P., Gerdes L., et al. Taxonomy and functional diversity in the fecal microbiome of beef cattle reared in Brazilian traditional and semi-intensive production systems. *Frontiers in Microbiology*. 2021; 12:768480. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.768480>
- Auffret M. D., Dewhurst R. J., Duthie C. A., Rooke J. A., Wallace R. J., Freeman T. C., et al. The rumen microbiome as a reservoir of antimicrobial resistance and pathogenicity genes is directly affected by diet in beef cattle. *Microbiome*. 2017; 5:159. <https://doi.org/10.1186/s40168-017-0378-z>
- Abegewi U. A., Esemu S. N., Ndirp R. N., Ndirp L. M. Prevalence and risk factors of coliform-associated mastitis and antibiotic resistance of coliforms from lactating dairy cows in North West Cameroon. *PLoS ONE*. 2022; 17 (7):e0268247. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0268247>
- Yamamura F., Sugiura T., Munby M., Shiokura Y., Murata R., Nakamura T., et al. Relationship between *Escherichia coli* virulence factors, notably *kpsMTII*, and symptoms of clinical metritis and endometritis in dairy cows. *Journal of Veterinary Medical Science*. 2022; 84 (3): 420–428. <https://doi.org/10.1292/jvms.21-0586>
- Driehuis F., Wilkinson J. M., Jiang Y., Ogunade I., Adesogan A. T. Silage review: Animal and human health risks from silage. *Journal of Dairy Science*. 2018; 101 (5): 4093–4110. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13836>
- Elad D., Shpigel N. Y., Winkler M., Klinger I., Fuchs V., Saran A., Faingold D. Feed contamination with *Candida krusei* as a probable source of mycotic mastitis in dairy cows. *Journal of the American Veterinary Medical Association*. 1995; 207 (5): 620–622. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/7649779>
- Zhai J., Wang B., Sun Y., Yang J., Zhou J., Wang T., et al. Effects of *Aspergillus niger* on cyanogenic glycosides removal and fermentation qualities of ratooning sorghum. *Frontiers in Microbiology*. 2023; 14:1128057. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1128057>
- Seyedmousavi S., Guillot J., Arné P., de Hoog G. S., Mouton J. W., Melchers W. J. G., Verweij P. E. *Aspergillus* and aspergilloses in wild and domestic animals: a global health concern with parallels to human disease.

Medical Mycology. 2015; 53 (8): 765–797. <https://doi.org/10.1093/mmy/nyv067>

23. Manishimwe R., Moncada P. M., Bugarel M., Scott H. M., Loneragan G. H. Antibiotic resistance among *Escherichia coli* and *Salmonella* isolated from dairy cattle feces in Texas. *PLoS ONE*. 2021; 16 (5):e0242390. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0242390>

24. Alharbi N. S., Khaled J. M., Kadaikunnan S., Alobaidi A. S., Sharafadin A. H., Alyahya S. A., et al. Prevalence of *Escherichia coli* strains resistance to antibiotics in wound infections and raw milk. *Saudi Journal of Biological Sciences*. 2019; 26 (7): 1557–1562. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2018.11.016>

25. Sarwar A., Aslam B., Mahmood S., Muzammil S., Siddique A. B., Sarwar F., et al. Distribution of multidrug-resistant *Proteus mirabilis* in poultry, live-stock, fish, and the related environment: One Health heed. *Veterinary World*. 2025; 18 (2): 446–454. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2025.446-454>

26. Кривоногова А. С., Донник И. М., Исаева А. Г., Логинов Е. А., Петропавловский М. В., Беспамятных Е. Н. Антибиотикорезистентность *Enterobacteriaceae* в микробиомах цыплят-бройлеров. *Техника и технология пищевых производств*. 2023; 53 (4): 710–717. <https://doi.org/10.21603/2074-9414-2023-4-2472>

Krivanogova A. S., Donnik I. M., Isaeva A. G., Loginov E. A., Petropavlovskiy M. V., Bepamyatnykh E. N. Antibiotic resistance of *Enterobacteriaceae* in microbiomes associated with poultry farming. *Food Processing: Techniques and Technology*. 2023; 53 (4): 710–717. <https://doi.org/10.21603/2074-9414-2023-4-2472> (in Russ.)

Поступила в редакцию / Received 16.05.2025

Поступила после рецензирования / Revised 30.06.2025

Принята к публикации / Accepted 11.07.2025

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ / INFORMATION ABOUT THE AUTHORS

Зубарева Владлена Дмитриевна, младший научный сотрудник отдела геномных исследований и селекции животных ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, г. Екатеринбург, Россия; <https://orcid.org/0000-0003-0284-0276>, zzub97@mail.ru

Безбородова Наталья Александровна, канд. вет. наук, старший научный сотрудник, заведующий отделом геномных исследований и селекции животных ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, г. Екатеринбург, Россия; <https://orcid.org/0000-0003-2793-5001>, n-bezborodova@mail.ru

Аmineва Полина Геннадьевна, врач-микробиолог, заведующий лабораторией ООО «Кволити Мед», г. Екатеринбург, Россия; pga@qualitymed.ru

Кривоногова Анна Сергеевна, д-р биол. наук, ведущий научный сотрудник отдела ветеринарно-лабораторной диагностики с испытательной лабораторией, ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, г. Екатеринбург, Россия; <https://orcid.org/0000-0003-1918-3030>, tel-89826512934@yandex.ru

Соколова Ольга Васильевна, д-р вет. наук, ведущий научный сотрудник отдела геномных исследований и селекции животных, руководитель Уральского научно-исследовательского ветеринарного института – структурного подразделения ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, г. Екатеринбург, Россия; <https://orcid.org/0000-0002-1169-4090>, nauka_sokolova@mail.ru

Шкуратова Ирина Алексеевна, д-р вет. наук, профессор, член-корреспондент РАН, главный научный сотрудник отдела экологии и незаразной патологии животных, ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, г. Екатеринбург, Россия; <https://orcid.org/0000-0003-0025-3545>, shkuratova@bk.ru

Исакова Мария Николаевна, канд. вет. наук, старший научный сотрудник отдела репродуктивной биологии и неонатологии ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, г. Екатеринбург, Россия; <https://orcid.org/0000-0001-7130-5627>, tmarya105@yandex.ru

Vladlena D. Zubareva, Junior Researcher, Department of Animal Genomics and Selection, Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; <https://orcid.org/0000-0003-0284-0276>, zzub97@mail.ru

Natalia A. Bezborodova, Cand. Sci. (Veterinary Medicine), Senior Researcher, Head of Department of Animal Genomics and Selection, Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; <https://orcid.org/0000-0003-2793-5001>, n-bezborodova@mail.ru

Polina G. Amineva, Microbiologist, Head of Laboratory, Quality Med LLC, Ekaterinburg, Russia; pga@qualitymed.ru

Anna S. Krivanogova, Dr. Sci. (Biology), Leading Resercher, Department of Veterinary and Laboratory Diagnosis and Testing Laboratory, Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; <https://orcid.org/0000-0003-1918-3030>, tel-89826512934@yandex.ru

Olga V. Sokolova, Dr. Sci. (Veterinary Medicine), Leading Researcher, Department of Animal Genomics and Selection, Head of Ural Scientific Research Veterinary Institute, Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; <https://orcid.org/0000-0002-1169-4090>, nauka_sokolova@mail.ru

Irina A. Shkuratova, Dr. Sci. (Veterinary Medicine), Professor, Corresponding Member of the Russian Academy of Sciences, Chief Researcher, Department of Ecology and Animals' Noncontagious Pathology, Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; <https://orcid.org/0000-0003-0025-3545>, shkuratova@bk.ru

Maria N. Isakova, Cand. Sci. (Veterinary Medicine), Senior Researcher, Department of Reproductive Biology and Neonatology, Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; <https://orcid.org/0000-0001-7130-5627>, tmarya105@yandex.ru

Вклад авторов: Зубарева В. Д. – отбор проб, работа с литературой, подготовка текста, анализ и обобщение; Безбородова Н. А. – отбор проб, дизайн исследования, редактирование текста; Аmineва П. Г. – проведение микробиологических исследований и MALDI-ToF масс-спектрометрии, определение антибиотикочувствительности диско-диффузионным методом; Кривоногова А. С. – составление плана исследования, редактирование текста; Соколова О. В. – отбор проб, администрирование, редактирование текста; Шкуратова И. А. – научное консультирование, редактирование текста; Исакова М. Н. – организация отбора и доставки материала для исследований.

Contribution of the authors: Zubareva V. D. – sample collection, literature review, text preparation, data analysis and synthesis; Bezborodova N. A. – sample collection, study design, text editing; Amineva P. G. – microbiological tests and MALDI-ToF mass spectrometry conducting, determination of antibiotic susceptibility by the disk diffusion method; Krivanogova A. S. – study concept development, paper editing; Sokolova O. V. – sample collection, administration, editing; Shkuratova I. A. – scientific support, text editing; Isakova M. N. – arrangement of the sample collection and transportation for testing.