

Научная статья

УДК 619:616.9

Таксономический состав микроорганизмов в животноводческих экосистемах Омской области

Н.А. Лещёва✉, И.В. Антонеvский, О.В. Миненкова, Т.И. Лоренгель, В.И. Плешакова

Омский государственный аграрный университет имени П.А. Столыпина, Омск, Россия

Аннотация. Микробиологический мониторинг в современных интенсивных животноводческих условиях имеет ключевое значение для оценки биологических рисков, поскольку циркулирующие условно-патогенные микроорганизмы способны формировать устойчивые сообщества, выступать резервуарами антибиотикорезистентности и представлять эпизоотическую угрозу. Цель работы – анализ таксономического состава микроорганизмов, выделенных от сельскохозяйственных животных и с объектов внешней среды животноводческих предприятий Омской области. В ходе проведенного микробиологического мониторинга исследовано 455 проб биологического материала от животных и смывов с поверхностей технологического оборудования. Материал отбирали от крупного рогатого скота, свиней, сельскохозяйственной птицы. Видовую идентификацию проводили с использованием классических микробиологических методов и современной технологии MALDI-TOF масс-спектрометрии. В результате выделены и идентифицированы 673 чистые культуры. Установлено абсолютное доминирование бактерий вида *Escherichia coli* (52,45% от общего числа изолятов). Второй по значимости группой стали представители рода *Staphylococcus* (19,47%), среди которых преобладали коагулазонегативные виды (*S. epidermidis*, *S. saprophyticus*), указывая на их важную роль как резидентной микрофлоры кожных покровов животных и поверхностей инфраструктуры животноводческих комплексов. Полученные данные не только характеризуют текущий микробный профиль типичных животноводческих экосистем региона, но и формируют репрезентативную основу для последующего углубленного изучения антибиотикорезистентности, биопленкообразующего потенциала и молекулярно-генетических характеристик выделенных штаммов. Результаты работы имеют практическую ценность для совершенствования систем ветеринарно-санитарного контроля и мониторинга биологических рисков в современном животноводстве.

Ключевые слова: животные, микроорганизмы, микробиологический мониторинг, *Escherichia coli*, стафилококки, MALDI-TOF MS

Финансирование. Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 25-26-20048 от 17.04.2025 г.

Original article

Taxonomic composition of microorganisms in livestock ecosystems of the Omsk Region

N.A. Lescheva✉, I.V. Antonevskiy, O.V. Minenkova, T.I. Lorengel, V.I. Pleshakova
Omsk State Agrarian University named after P.A. Stolypin, Omsk, Russia

Abstract. Microbiological monitoring in modern intensive livestock systems is of key importance for assessing biological risks, as circulating opportunistic pathogens can form stable communities, act as reservoirs of antibiotic resistance, and pose an epizootic threat. The aim of the study was to analyze the taxonomic composition of microorganisms isolated from farm animals and environmental objects at livestock enterprises in the Omsk Region. Within the conducted microbiological monitoring, 455 samples of biological material from

animals and swabs from the surfaces of technological equipment were studied. The material was collected from cattle, pigs, farmed poultry birds. Species identification was performed using classical microbiological methods and modern MALDI-TOF mass spectrometry technology. As a result of the research, 673 pure cultures were isolated and identified. The absolute dominance of the bacterial species *Escherichia coli* was established (52.45% of the total number of isolates). The second most significant group consisted of representatives of the genus *Staphylococcus* (19.47%), among which coagulase-negative species (*S. epidermidis*, *S. saprophyticus*) predominated, indicating their important role as resident microflora of animal skin and the surfaces of livestock facility infrastructure. The obtained data not only characterize the current microbial profile of typical livestock ecosystems in the region but also form a representative basis for further in-depth study of antibiotic resistance, biofilm-forming potential, and molecular genetic characteristics of the isolated strains. The results of the work are of practical value for improving veterinary and sanitary control systems and monitoring biological risks in modern animal husbandry.

Keywords: animals, microorganisms, microbiological monitoring, *Escherichia coli*, *Staphylococcus*, MALDI-TOF MS

Financing. This research was supported by the Russian Science Foundation grant No. 25-26-20048 dated April 17, 2025

Введение

Современное интенсивное животноводство, характеризующееся высокой концентрацией поголовья в ограниченном пространстве, создает уникальные экологические условия для циркуляции микроорганизмов. Формирующееся в таких системах микробное сообщество представляет динамическую систему, включающую как комменсальные, так и условно-патогенные виды, которые могут представлять риск для здоровья животных, влиять на эффективность производства и в силу зоонозного потенциала ряда агентов представлять опасность для человека [1; 2]. В этой связи микробиологический мониторинг – неотъемлемый элемент системы биологической безопасности агропромышленных предприятий.

Ключевым аспектом такого мониторинга является анализ таксономического состава микроорганизмов, который служит основой для оценки эпизоотологических рисков. Знание доминирующих таксонов и их источников позволяет прогнозировать возникновение инфекционных процессов, разрабатывать целевые санитарные мероприятия и отслеживать возможные резервуары антибиотикорезистентных штаммов [3]. Особую значимость приобретают сравнительное изучение микробиоты различных видов сельскохозяйственных животных, а также оценка роли объектов технологической среды как возможных резервуаров и векторов передачи микроорганизмов [4].

Несмотря на очевидную важность, комплексные исследования, одновременно охватывающие различные виды продуктивных животных и сопряженную с ними внешнюю среду в рамках одного региона, относительно немногочисленные [5].

Важным аспектом, связывающим таксономическое разнообразие с устойчивостью микробных сообществ, является способность микроорганизмов к образованию биопленок. Биопленки, представляющие структурированные сообщества клеток, ассоциированные с поверхностями, обеспечивают повышенную устойчивость к действию дезинфектантов, факторов иммунной защиты и антимикробных препаратов. Это свойство микроорганизмов превращает объекты животноводческой инфраструктуры в долговременные очаги контаминации, осложняя санацию и способствуя распространению в том числе штаммов с множественной лекарственной устойчивостью [6; 7]. Таким образом, идентификация доминирующих таксонов и источников их выделения является первым критически важным этапом для последующей оценки биопленкообразующего потенциала циркулирующей микробиоты и разработки мер по его контролю [8 – 10].

Целью работы является анализ таксономического состава микроорганизмов, выделенных от сельскохозяйственных животных и с объектов внешней среды на предприятиях агропромышленного комплекса Омской области.

Материалы и методы

Исследования проводили на базах кафедры ветеринарной микробиологии, инфекционных и инвазионных болезней ИВМиБ Омского ГАУ, БУ «Омская областная ветеринарная лаборатория». Всего собрано и проанализировано 455 проб. Материалом служили биологические образцы от животных: фекалии ($n = 169$), секрет молочной железы ($n = 81$), патологический материал ($n = 9$), смывы со слизистых оболочек и кожи животных, со стенок кишечника, а также с технологического оборудования ($n = 196$).

Основной массив проб получен от крупного рогатого скота ($n = 254$). Дополнительно исследованы пробы от свиней ($n = 9$), сельскохозяйственной птицы (перепела, куры, индейки, суммарно $n = 39$) и диких животных (лось, сибирская косуля, $n = 4$). Дополнительно изучены пробы смывов с технологического оборудования ветеринарных комплексов ($n = 149$) для оценки их потенциальной роли как резервуара устойчивых к антибиотикам микроорганизмов.

Выделение чистых культур проводили посевом на стандартные элективные и дифференциально-диагностические питательные среды. Инкубацию осуществляли в аэробных условиях при 37°C в течение 24-48 ч.

Первичную идентификацию проводили на основе изучения морфологических, тинкториальных и биохимических свойств. Для точной видовой идентификации использовали метод матрично-активированной лазерной десорбции/ионизации с времяпролетным масс-анализатором (MALDI-TOF MS) на приборе Microflex LT (Bruker Daltonics, Германия). Изолят считали достоверно идентифицированным на уровне вида при значении коэффициента совпадения (Score) $\geq 2,0$.

Результаты и их обсуждение

В результате проведенного микробиологического мониторинга животноводческих предприятий Омской области выделены 673 чистые культуры микроорганизмов. Основными источниками изолятов выступили крупный рогатый скот (54,4%), а также сельскохозяйственная птица и свиньи.

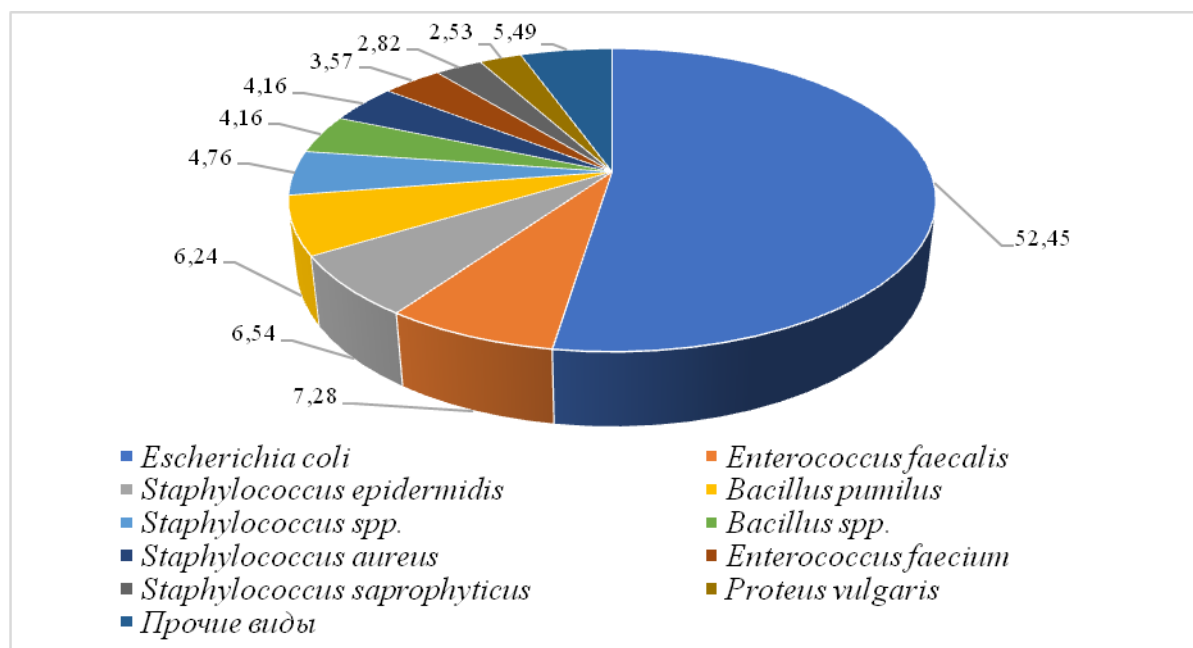
Анализ родового состава микроорганизмов выявил выраженное доминирование бактерий родов *Escherichia*, *Staphylococcus*, *Enterococcus* и *Bacillus*, которые в сумме составили 93% от всех изолятов (табл. 1).

Таблица 1

Родовая принадлежность выделенных микроорганизмов ($n = 673$)

№ п/п	Род микроорганизмов	Количество культур	Доля, %
1	<i>Escherichia spp.</i>	353	52,45
2	<i>Staphylococcus spp.</i>	131	19,47
3	<i>Enterococcus spp.</i>	73	10,8
4	<i>Bacillus spp.</i>	70	10,4
5	<i>Proteus spp.</i>	28	4,08
6	<i>Citrobacter spp.</i>	4	0,58
7	<i>Enterobacter spp.</i>	4	0,58
8	<i>Erwinia spp.</i>	4	0,58
9	<i>Klebsiella spp.</i>	4	0,58
10	<i>Morganella spp.</i>	2	0,29

Видовая идентификация микроорганизмов, в т. ч. с применением метода MALDI-TOF MS, позволила детализировать структуру микробного сообщества. Абсолютно преобладающим видом стал *Escherichia coli* (353 изолята, 52,45%). Среди грамположительных кокков наиболее часто встречались *Enterococcus faecalis* (7,28%) и коагулазонегативный *Staphylococcus epidermidis* (6,54%). На долю *Staphylococcus aureus* пришлось 4,16% изолятов. Значительную часть коллекции составили *Bacillus pumilus* (6,24%) и идентифицированные до рода представители родов *Staphylococcus* (4,76%) и *Bacillus* (4,16%) (рисунок).



Видовая принадлежность выделенных микроорганизмов (n = 673), %

Анализ происхождения ключевых таксонов выявил особенности их экологических ниш в рамках исследуемых животноводческих экосистем. *Escherichia coli* была выделена от всех категорий животных, однако ее максимальная доля в спектре изолятов наблюдалась в пробах от крупного рогатого скота и смывов с поверхности технологического оборудования. Грамположительные кокки демонстрировали более специфичное распределение. Так, представители рода *Staphylococcus* преобладали в пробах, полученных от КРС (включая смывы с кожи и вымени), тогда как энтерококки (род *Enterococcus*) чаще выделены из проб фекального происхождения как от продуктивных, так и от диких животных. Культуры рода *Bacillus*, рассматриваемые как индикаторы контаминации объектов внешней среды, в значительном количестве выделены из смывов с оборудования и поверхностей помещений, это указывает на их широкое распространение в окружающей среде.

Детальный анализ внутри ведущих родов выявил неоднородную видовую структуру. Внутри рода *Staphylococcus* (131 изолят, 19,47%) идентифицированы семь видов. Среди них преобладали коагулазонегативные стафилококки: *S. epidermidis* (44 изолята; 33,6% от числа стафилококков) и *S. saprophyticus* (19 изолятов; 14,5%). На долю *S. aureus* пришлось 28 изолятов (21,4%). Также обнаружены *S. hominis*, *S. intermedius*, *S. kloosii* и *S. piscifermentans* (в сумме 8 изолятов; 6,1%).

Среди представителей рода *Proteus* (n = 28) наибольшее распространение имел вид *P. vulgaris* (60,7% от изолятов протеев), тогда как *P. mirabilis* и *P. penneri* составили

21,4 и 17,9% соответственно. Среди энтерококков (род *Enterococcus*, $n = 73$) доминировал *E. faecalis* (67,1%), а *E. faecium* был выделен в 32,9% случаев.

В роде *Enterococcus* (73 изолята; 10,85%) преобладал *E. faecalis* (49 изолятов; 67,1% от числа энтерококков) и *E. faecium* (24 изолята; 32,9%) (табл. 2).

Таблица 2

Таксономическая структура выделенных микроорганизмов

Род	Вид	Количество	
		абс.	%
<i>Escherichia spp.</i>	<i>Escherichia coli</i>	353	52,45
<i>Staphylococcus spp.</i>	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	44	6,54
	<i>Staphylococcus aureus</i>	28	4,16
	<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	19	2,82
	<i>Staphylococcus spp.</i>	32	4,76
	Прочие виды	8	1,19
<i>Enterococcus spp.</i>	<i>Enterococcus faecalis</i>	49	7,28
	<i>Enterococcus faecium</i>	24	3,57
<i>Proteus spp.</i>	<i>Proteus vulgaris</i>	17	2,53
	<i>Proteus mirabilis</i>	6	0,89
	<i>Proteus penneri</i>	5	0,74
Прочие роды	<i>Citrobacter spp.</i>	4	0,59
	<i>Enterobacter spp.</i>	4	0,59
	<i>Erwinia amylovora</i>	4	0,59
	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	4	0,59
	<i>Morganella morganii</i>	2	0,30

Полученная структура не только отражает типичное для животноводческих объектов преобладание кишечных симбионтов, но и указывает на важную роль резидентной грамположительной микробиоты, адаптированной к длительной персистенции в условиях производственной среды. Высокий уровень внутривидового разнообразия среди стафилококков среди ряда таксонов определяет направления для дальнейших, более детальных исследований.

Заключение

Проведенное исследование позволило получить комплексную характеристику таксономического состава микроорганизмов, циркулирующих в агропромышленных экосистемах Омской области. Основным результатом стало определение абсолютного доминирования *Escherichia coli*, подтверждая ее ключевую роль как индикатора фекальной контаминации и основного компонента кишечной микробиоты сельскохозяйственных животных. Существенный вклад в общее разнообразие вносят также коагулазонегативные стафилококки, смещая акцент с классических патогенов на резидентные виды, адаптированные к длительной персистенции на поверхностях оборудования и кожных покровах животных. Работа закладывает фундамент для последующего углубленного изучения профилей антибиотикорезистентности и механизмов вирулентности выделенных штаммов, а ее результаты имеют практическое значение для оптимизации систем ветеринарно-санитарного контроля в животноводстве.

Список источников

1. Донник И.М., Шилова Е.Н., Кривonos Р.А. Структура условно-патогенной микрофлоры на животноводческих предприятиях различного профиля // Ветеринария Кубани. 2019. № 5. С. 18–21.
2. Иванов О.В., Костерин Д.Ю., Мельникова Л.Э. Вариабильность чувствительности условно-патогенной микрофлоры к антибактериальным средствам при болезнях телят // Вестник АПК Верхневолжья. 2019. № 4. С. 27–31.
3. Филатов А.В., Иванов Д.Н., Сапожников А.Ф. Анализ изменений микробиома толстого отдела кишечника свиноматок и поросят // Аграрная наука. 2024. № 11. С. 46–50.
4. Gupta R.S. Microbial taxonomy: how and why name changes occur and their significance for (clinical) microbiology // Clinical Chemistry. 2022. Vol. 68. № 1. P. 134–137.
5. Фрик Е.В., Лещева Н.А., Плешакова В.И. Миграция птиц как фактор распространения инфекционных агентов и антибиотикорезистентных штаммов микроорганизмов // Вестник Омского государственного аграрного университета. 2025. № 2(58). С. 146–153.
6. Антoневский И.В., Плешакова В.И., Лещева Н.А. Биопленкообразующая микрофлора в структуре микроорганизмов, выделенных от сельскохозяйственных и домашних животных // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н.Э. Баумана. 2025. Т. 261. № 1. С. 16–24. DOI: 10.31588/2413-4201-1883-1-261-16.
7. Ленченко Е.М., Блюменкранц Д.А. Исследование биопленок микроорганизмов при дисбактериозах кишечника у животных // Проблемы ветеринарной санитарии, гигиены и экологии. 2020. № 1(33). С. 55–66. DOI: 10.36871/vet.san.hygy.ecol.202001009.
8. Biofilm formation by Salmonella Enteritidis and Salmonella Typhimurium isolated from avian sources is partially related with their in vivo pathogenicity / K.A. Borges, T.Q. Furian, S.N. Souza [et al.] // Microbial Pathogenesis. 2018. № 118. P. 238–241.
9. Антoневский И.В., Плешакова В.И., Лещева Н.А. Модификация метода количественной оценки биопленкообразующей способности микроорганизмов с использованием сафранина // Ученые записки Казанской академии ветеринарной медицины им. Н.Э. Баумана. 2025. Т. 264. № 4. С. 6–13. DOI: 10.31588/2413-4201-1883-4-264-6.
10. Ильина Т.С., Романова Ю.М. Бактериальные биопленки: роль в хронических инфекционных процессах и поиск средств борьбы с ними // Молекулярная генетика, микробиология и вирусология. 2021. Т. 39. № 2. С. 14–24

References

1. Donnik I.M., Shilova E.N., Krivonos R.A. Struktura uslovno-patogennoj mikroflory` na zhivotnovodcheskix predpriyatiyax razlichnogo profilya // Veterinariya Kubani. 2019. № 5. S. 18–21.
2. Ivanov O.V., Kosterin D.Yu., Mel`nikova L.E`. Variabil`nost` chuvstvitel`nosti uslovno-patogennoj mikroflory` k antibakterial`ny`m sredstvam pri boleznyax telyat // Vestnik APK Verxnevolzh`ya. 2019. № 4. S. 27–31.
3. Filatov A.V., Ivanov D.N., Sapozhnikov A.F. Analiz izmenenij mikrobioma tolstogo otdela kishechnika svinomatok i porosyat // Agrarnaya nauka. 2024. № 11. S. 46–50.
4. Gupta R.S. Microbial taxonomy: how and why name changes occur and their significance for (clinical) microbiology // Clinical Chemistry. 2022. Vol. 68. № 1. P. 134–137.
5. Frik E.V., Leshheva N.A., Pleshakova V.I. Migraciya pticz kak faktor rasprostraneniya infekcionny`x agentov i antibiotikorezistentny`x shtammov mikroorganizmov // Vestnik Omskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta. 2025. № 2(58). S. 146–153.
6. Antonevskij I.V., Pleshakova V.I., Leshheva N.A. Bioplenkoobrazuyushhaya mikroflora v strukture mikroorganizmov, vy`delenny`x ot sel`skoxyajstvenny`x i domashnix zhivotny`x // Ucheny`e zapiski Kazanskoy gosudarstvennoj akademii veterinarnoj mediciny` im. N.E`. Bauman. 2025. T. 261. № 1. S. 16–24. DOI: 10.31588/2413-4201-1883-1-261-16.
7. Lenchenko E.M., Blyumenkrancz D.A. Issledovanie bioplenok mikroorganizmov pri disbakteriozax kishechnika u zhivotny`x // Problemy` veterinarnoj sanitarii, gigeny` i e`kologii. 2020. № 1(33). S. 55–66. DOI: 10.36871/vet.san.hygy.ecol.202001009.
8. Biofilm formation by Salmonella Enteritidis and Salmonella Typhimurium isolated from avian sources is partially related with their in vivo pathogenicity / K.A. Borges, T.Q. Furian, S.N. Souza [et al.] // Microbial Pathogenesis. 2018. № 118. P. 238–241.
9. Antonevskij I.V., Pleshakova V.I., Leshheva N.A. Modifikaciya metoda kolichestvennoj ocenki bioplenkoobrazuyushhej sposobnosti mikroorganizmov s ispol`zovaniem safranina // Ucheny`e zapiski Kazanskoy akademii veterinarnoj mediciny` im. N.E`. Bauman. 2025. T. 264. № 4. S. 6–13. DOI: 10.31588/2413-4201-1883-4-264-6.
10. Il`ina T.S., Romanova Yu.M. Bakterial`ny`e bioplenki: rol` v xronicheskix infekcionny`x processax i poisk sredstv bor`by` s nimi // Molekulyarnaya genetika, mikrobiologiya i virusologiya. 2021. T. 39. № 2. S. 14–24

Для цитирования: Лещёва Н.А., Антонеvский И.В., Миненкова О.В., Лоренгель Т.И., Плешакова В.И. Таксономический состав микроорганизмов в животноводческих экосистемах Омской области // Вестник Омского государственного аграрного университета. 2026. № 2 (62). С. 134–140.

For citation: Lescheva N.A., Antonevskiy I.V., Minenkova O.V., Lorengel T.I., Pleshakova V.I. Taxonomic composition of microorganisms in livestock ecosystems of the Omsk Region. *Vestnik of Omsk SAU*. 2026;2(62):134–140.

Информация об авторах

Лещёва Надежда Алексеевна, канд. вет. наук, доц., na.lescheva@omgau.org ✉;

Антонеvский Игорь Викторович, канд. вет. наук, ассистент, iv.antonevskiy@omgau.org;

Миненкова Ольга Васильевна, аспирант, ov.minenkova2412@omgau.org;

Лоренгель Татьяна Иосифовна, канд. вет. наук, доц., ti.lorengel@omgau.org;

Плешакова Валентина Ивановна, д-р вет. наук, проф., vi.pleshakova@omgau.org.

Статья поступила в редакцию 17.02.2026.

Information about the authors

Leshcheva Nadezhda A., Cand. of Vet. Sci., Ass. Prof., na.lescheva@omgau.org; ✉;

Antonevskiy Igor V., Cand. of Vet. Sci., Assistant, iv.antonevskiy@omgau.org;

Minenkova Olga V., Postgraduate Student, ov.minenkova2412@omgau.org;

Lorengel Tatyana I., Cand. of Vet. Sci., Ass. Prof., ti.lorengel@omgau.org;

Pleshakova Valentina I., Doc. of Vet. Sci., Prof., vi.pleshakova@omgau.org.

The article was submitted 17.02.2026.