

Березняк Е.А., Тришина А.В., Веркина Л.М., Полеева М.В., Симонова И.Р., Бареева А.Е.

ИЗУЧЕНИЕ ВИДОВОГО РАЗНООБРАЗИЯ И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ МИКРОФЛОРЫ ВОДОЁМОВ РОСТОВА-НА-ДОНУ

ФКУЗ Ростовский-на-Дону противочумный институт Роспотребнадзора, 344002, Ростов-на-Дону

Представлены результаты изучения видового разнообразия микрофлоры водоемов г. Ростова-на-Дону. Дана оценка доминирующих видов грамотрицательных бактерий микробных сообществ. Исследована чувствительность/устойчивость выделенных штаммов к антибактериальным препаратам (АБП). Материал и методы. Отбор проб проводили ежемесячно с мая по сентябрь 2016 г. в водоёмах г. Ростова-на-Дону, относящихся ко второй категории (рекреационное водопользование). Чувствительность к АБП определяли методом серийных разведений. Результаты. Всего проанализировано 514 штаммов микроорганизмов, идентифицировано 70 видов. Доля неферментирующих микроорганизмов (НФМ) составила 42,9%, сем. Enterobacteriaceae – 28,2%, сем. Aeromonadaceae – 23,7%. В группе НФМ доминировали ацинетобактерии, их доля составила 33,6%. Чувствительными ко всем АБП были 37,5% изолятов, монорезистентными – 43,4%, полирезистентными (3 и более АБП) 6,3% штаммов. Среди представителей семейства Enterobacteriaceae доминировали штаммы родов *Escherichia* (28,7%) и *Enterobacter* (26,7%). В структуре рода *Aeromonas* более половины составили штаммы *A. caviae* – 54%. Среди микроорганизмов семейств Enterobacteriaceae и Aeromonadaceae чувствительных штаммов не обнаружено. Резистентность энтеробактерий к 3 и более АБП составила 80%, аэромонад 72%. Среди всех анализируемых групп микроорганизмов выявлена высокая доля штаммов, чувствительных к ципрофлоксацину, доксициклину, цефтриаксону, левомицетину, гентамицину, имипенему, меропенему, цефоперазону, цефепиму. Среди энтеробактерий и аэромонад часто встречались изоляты, несут маркеры устойчивости к ампициллину, налидиксовой кислоте, фурагину, ко-тримоксазолу. Заключение. Проведённое исследование микробных сообществ поверхностных водоёмов г. Ростова-на-Дону позволило обнаружить в тестируемых объектах доминирующие группы микроорганизмов, выявить патогенные и условно-патогенные бактерии, дать оценку их антибиотикорезистентности с целью определения степени потенциальной опасности для здоровья человека.

Ключевые слова: мониторинг; микрофлора водоёмов; доминирующие микроорганизмы; антибиотикорезистентность.

Для цитирования: Березняк Е.А., Тришина А.В., Веркина Л.М., Полеева М.В., Симонова И.Р., Бареева А.Е. Изучение видового разнообразия и антибиотикорезистентности микрофлоры водоёмов Ростова-на-Дону. *Гигиена и санитария*. 2018; 97(5): 405-410. DOI: <http://dx.doi.org/10.18821/0016-9900-2018-97-5-405-410>

Для корреспонденции: Березняк Елена Александровна, канд. биол. наук, ст. науч. сотр. лаб. биологической безопасности и лечения ООИ ФКУЗ Ростовского-на-Дону противочумного института Роспотребнадзора. E-mail: labbiobez@mail.ru

Bereznyak E.A., Trishina A.V., Verkina L.M., Poleeva M.V., Simonova I.R., Bareeva A.E.

STUDY OF SPECIES DIVERSITY AND ANTIMICROBIAL RESISTANCE OF MICROFLORA OF THE ROSTOV-ON-DON WATER BODIES

Rostov-on-Don Institute for Plague Control of the Federal Service on Consumer Rights Protection and Human Welfare Supervision, Rostov-on-Don, 344002, Russian Federation

In this paper, the results of an investigation of the diversity in microflora species in water bodies of Rostov-on-Don are presented. Susceptibility/resistance of isolated strains to antibacterial drugs (ABD) was studied. A portion of nonfermenting microorganisms (NFM) constituted of 42.9 %, Enterobacteriaceae family – 28.2 %, Aeromonadaceae family – 23.7 %. In NFM group the sensitivity to all ABD was exhibited by 37.5 % of strains, 43.4 % of strains showed resistance to one antibiotic and 6.3 % were polyresistant (resistance to 3 and more antibiotics). No susceptible strains were detected among Enterobacteriaceae. The resistance to 3 or more ABD for Enterobacteriaceae accounted for 80 %, for Aeromonas - 72 %. In all groups of tested microorganisms, results of the investigation showed a high proportion of strains susceptible to ciprofloxacin, doxycycline, ceftriaxone, levomycetin, gentamicin, imipenem, meropenem, cefoperazone, ceftazidime. Among Enterobacteriaceae and Aeromonas strains isolates carrying the markers of resistance to ampicillin, nalidixic acid, furagin, co-trimoxazole were found frequently. The performed research of microbial communities in water bodies of Rostov-on-Don made it possible to identify dominant groups of microorganisms in the investigated objects, to reveal pathogenic and opportunistic bacteria, evaluate their antimicrobial resistance with the aim to determine a degree of their potential danger to human health

Key words: monitoring; microflora of water bodies; dominant microorganisms; antimicrobial resistance.

For citation: Bereznyak E.A., Trishina A.V., Verkina L.M., Poleeva M.V., Simonova I.R., Bareeva A.E. Study of species diversity and antimicrobial resistance of microflora of the Rostov-on-Don water bodies. *Gigiena i Sanitariya (Hygiene and Sanitation, Russian journal)* 2018; 97(5): 405-410. (In Russ.). DOI: <http://dx.doi.org/10.18821/0016-9900-2018-97-5-405-410>

For correspondence: Elena A. Bereznyak, MD, Ph.D., senior researcher of the Laboratory biological safety and treatment of especially dangerous infections of the Rostov-on-Don Institute for Plague Control of the Federal Service on Consumer Rights Protection and Human Welfare Supervision, Rostov-on-Don, 344002, Russian Federation. E-mail: labbiobez@mail.ru

Information about authors: Bereznyak E.A., <http://orcid.org/0000-0002-9416-2291>.

Conflict of interest. The authors declare no conflict of interest.

Acknowledgment. The study had no sponsorship.

Received: 28 August 2017

Accepted: 18 October 2017

Введение

Природные водоёмы являются естественной средой обитания всевозможных видов микроорганизмов. Особая роль отводится водным объектам из-за возникновения эпидемий инфекционных заболеваний, избежать которых возможно только при постоянном санитарном надзоре [1–3].

Санитарно-гигиенический мониторинг, проводимый в разных регионах, показал широкое распространение в водоёмах различных микроорганизмов – это аэромонады, вибрионы, псевдомонады, многие виды энтеробактерий и др. [4–7]. Отмечается тенденция к повышению уровня заболеваемости, этиологическими агентами которых являются ассоциации грамотрицательных микроорганизмов – аэромонад, псевдомонад, энтеробактерий и др. [8–9].

В последнее время появилось множество доказательств того, что экологические места обитания, особенно реки, озёра и другие водоёмы, являются идеальной средой для передачи маркеров устойчивости к АБП среди микроорганизмов [10–13].

Взаимодействие устойчивых к АБП бактерий с автохтонной микрофлорой способствует селекции антибиотикорезистентных штаммов и преобладанию устойчивых бактерий, приводящему к глобальному нарушению экосистемы [9, 10]. С эпидемиологической точки зрения, наиболее опасна передача детерминант устойчивости от одного вида микроорганизмов к другому [14–16].

Так, в исследовании, проведённом в Индии, показана передача генов резистентности к АБП от устойчивых штаммов *Pseudomonas aeruginosa* к восприимчивым грамотрицательным бактериям *Escherichia coli* в сточных и озёрных (стоячих) водах в процессе конъюгации. За счёт селективного давления в окружающей среде (наличие антибиотиков) изоляты, выделенные из сточных вод, были более устойчивыми к различным АБП по сравнению с выделенными из озёрной воды [17].

В восточном Китае из изолята *Vibrio cholerae* O139 была выделена конъюгативная плаزمиды рMRV150, которая обуславливает множественную лекарственную устойчивость по меньшей мере к шести антибиотикам. В соответствии с результатами секвенирования эта плазмиды наиболее похожа (с идентичностью 99,99%) на IncA/C-плазмиду рIP1202, обнаруженную в мультирезистентном изоляте *Yersinia pestis*, выделенном от больного бубонной чумой на Мадагаскаре. В период с 1994 по 2006 г. частота встречаемости рMRV150-плазмиды в изолятах *Vibrio cholerae* O139, выделенных в Ханчжоу, возросла с 7,69 до 92,16%. Также наблюдался перенос этой плазмиды в *Escherichia coli*. Появление рMRV150- или рIP1202-подобных плазмид во многих бактериальных патогенных и непатогенных штаммах, занимающих различные ниши в глобальном географическом распределении, является индикатором возрастающей угрозы общественному здоровью в мире [18].

В последнее время вызывает опасение появление бактерий, обладающих ферментом NDM-1 (New Delhi metallo-β-lactamase-1) и резистентных за счёт этого практически ко всем имеющимся в практике бета-лактамам АБП. Проблема NDM-1 получила мировую значимость в связи с выделением штаммов семейства *Enterobacteriaceae* с NDM-1 в Индии, Пакистане, США и странах Европы [19].

В работе Gordon L. et al. (2008) показано, что мультирезистентность штаммов *Aeromonas bestiarum* обусловлена наличием плазмиды рAB5S9, определяющей резистентность к хлорамфениколу, сульфаниламидам, стрептомицину и тетрациклину. В нуклеотидной последо-

вательности размером около 7,5 тыс. пар нуклеотидов в рAB5S9 было 100%-ное совпадение с тремя несмежными сегментами SXT-элементов холерного вибриона. Анализ мультирезистентных штаммов *Aeromonas bestiarum* показал, что штаммы этого вида, являющиеся условно-патогенными для рыб, могут также выступать в качестве резервуара генов резистентности в пресноводной среде [20].

Внимание, уделяемое исследованию видовой разнообразия и антибиотикорезистентности микроорганизмов в окружающей среде, предопределено необходимостью прогнозировать риск появления и распространения новых мультирезистентных штаммов. В связи с этим актуальным является сбор, накопление и анализ информации о состоянии антибиотикорезистентности микрофлоры в окружающей среде в конкретном регионе.

Цели исследования: изучение видовой разнообразия микрофлоры поверхностных водоёмов Ростова-на-Дону; изучение чувствительности/устойчивости к АБП выделенных штаммов.

Материал и методы

Отбор проб проводили ежемесячно с мая по сентябрь 2016 г. в водоёмах Ростова-на-Дону, относящихся ко второй категории (рекреационное водопользование [21–22]).

Идентификацию микроорганизмов начинали с изучения морфологии выросших колоний на агаре Хоттингера и селективных средах: Эндо, Плоскирева, висмут-сульфит агаре. Проводили тотальную идентификацию всех колоний. Определение родовой и видовой принадлежности условно-патогенных микроорганизмов осуществляли по результатам совокупности биохимических тестов (наборы RapiD 20 E и API 20 NE) производства bioMérieux (Франция). Для полной ускоренной идентификации отдельных проб использовали программно-аппаратный комплекс MALDI Biotyper. Масс-спектрометрический анализ проводили с использованием MALDI-TOF масс-спектрометра Microflex (Bruker Daltonics, Германия). Для записи, обработки и анализа масс-спектров использовали программное обеспечение фирмы Bruker Daltonics (Германия): flexControl 2.4 (Build 38) и flexAnalysis 2.4 (Build 11).

Чувствительность к АБП определяли методом серийных разведений на Mueller-Hinton агаре (Hi-MEDIA, Индия).

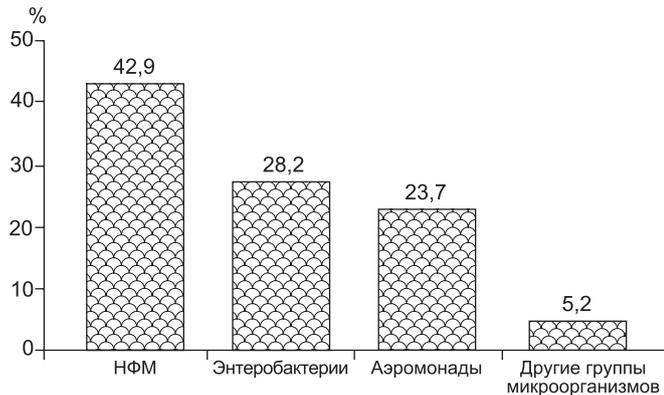
Для энтеробактерий и аэромонад использовали препараты:

- бета-лактамы – пенициллины (ампициллин), цефалоспорины III-IV поколения (цефотаксим, цефтриаксон, цефепим), комбинированные цефалоспорины (цефоперазон/сульбактам), карбапенемы (имипенем, меропенем);
- хинолоны (налиндиксовая кислота, ципрофлоксацин), нитрофураны (фурагин);
- аминогликозиды (гентамицин);
- тетрациклины (доксициклин), а также амфениколы (левомецетин), комбинированные сульфаниламиды (ко-тримоксазол).

Интерпретацию результатов проводили в соответствии с МУК 4.2.1890-04 [23] для семейства *Enterobacteriaceae*, а для семейства *Aeromonadaceae* следовали рекомендациям Института клинических и лабораторных стандартов (CLSI) [24].

Согласно современным методическим рекомендациям (МУК 4.12.1890-04) в работе с НФМ использовали следующие АБП:

- бета-лактамы (цефотаксим, цефепим, цефоперазон/сульбактам, имипенем, меропенем); фторхинолоны



Распределение исследованных штаммов по семействам.

(ципрофлоксацин); аминогликозиды (гентамицин);

- тетрациклины (доксициклин), а также амфениколы (левомицетин), комбинированные сульфаниламиды (ко-тримоксазол).

Статистическую обработку результатов осуществляли с помощью стандартных средств программы «Microsoft Office Excel».

Результаты

Всего за период наблюдения выделено 514 штаммов микроорганизмов, идентифицировано 70 различных видов. Все изоляты принадлежали к семействам *Moraxellaceae*, *Pseudomonaceae*, *Alcaligenaceae*, *Comamonadaceae*, *Brucellaceae*, *Enterobacteriaceae*, *Aeromonadaceae*, *Vibrionaceae*, *Campylobacteriaceae*, *Rhodobacteriaceae*, *Enterococcaceae*, *Streptococcaceae*, *Shewanellaceae*.

Анализ частоты выделения различных микроорганизмов показал, что доля неферментирующих микроорганизмов (семейства *Moraxellaceae*, *Pseudomonaceae*, *Alcaligenaceae*, *Comamonadaceae*, *Brucellaceae*) в нашем исследовании составила 42,9% от всех выделенных штаммов (рисунок). В эту группу вошли 27 видов микроорганизмов.

Известно, что клинически значимыми являются представители субпопуляции свободно живущих ацинетобактерий, которые обладают способностью колонизировать ткани человека. К ним относятся виды: *A. calcoaceticus*, *A. lwoffii*, *A. baylyi*, *A. haemolyticus*, *A. junii*, *A. Nosocomialis* [25–27]. В настоящем исследовании обнаружены: *A. junii*, *A. baumannii*, *A. lwoffii*, *A. calcoaceticus*, *A. baylyi*, *A. haemolyticus*. Ацинетобактерии доминировали в исследуемых водоёмах и их доля составила 33,6% всех выделенных штаммов.

Доля штаммов *Pseudomonaceae* составила 6%, на семейства *Brucellaceae*, *Comamonadaceae* и *Alcaligenaceae* приходится 3,3% изолятов.

Семейства *Enterobacteriaceae* и *Aeromonadaceae* также были представлены значительным количеством (см. рисунок).

Многоцентровые эпидемиологического исследования, проводимые в России, показали, что энтеробактерии являются наиболее частыми возбудителями нозокомиальных инфекций, их доля в общей сложности составляет 33,7% от всех выделенных бактериальных возбудителей [28]. Бактерии семейства *Enterobacteriaceae* выделялись в нашем исследовании в 28,2 % случаев. Видовой состав энтеробактерий отличался многообразием и включал 24 вида микроорганизмов, которые входят в роды: *Citrobacter*, *Edwardsiella*, *Enterobacter*, *Ewingella*,

Чувствительность доминирующих групп микроорганизмов к АБП (%)

Чувствительность к АБП	НФМ	Энтеробактерии	Аэромонады
Чувствительные	37,5	0	0,8
Монорезистентные	43,4	9,6	9
Резистентные к 2 АБП	12,6	10,3	18
Резистентные к 3 и более АБП	6,3	80	72
Всего...	221	145	122

Klebsiella, *Hafnia*, *Kluyvera*, *Leclercia*, *Serratia*, *Pantoea*, *Raoultella*, *Escherichia*, *Plesiomonas*, *Proteus*, *Providencia*, *Rahnella*, *Salmonella*, *Shewanella*.

Среди представителей семейства *Enterobacteriaceae* доминировали штаммы родов *Escherichia* (28,7%) и *Enterobacter* (26,7%).

В роду *Enterobacter* преобладали виды *E. cloacae* (43,5%) и *E. asburiae* (48,7%), оставшиеся 7,6% составили *E. amnigenus* и *E. cowanii*.

Частота встречаемости представителей рода *Klebsiella* (*K. oxytoca*, *K. pneumoniae*, *K. variicola*) составила 11,6%. Кроме того, среди выделенных энтеробактерий обнаружены изоляты *Salmonella sp.*

Бактерии семейства *Aeromonadaceae* играют существенную роль в структуре кишечных инфекций людей [29,30]. В исследуемых нами образцах воды представители семейства *Aeromonadaceae* составили 23,7%. В структуре рода *Aeromonas* идентифицировано 7 видов: *A. veronii*, *A. caviae*, *A. media*, *A. salmonicida*, *A. jandaei*, *A. bestiarum*, *A. hydrophila*. Более половины составили штаммы *A. caviae* – 54%, *A. veronii* – 19,6% и *A. media* – 16,3%.

Все микроорганизмы, выделенные в процессе мониторинга из водоёмов, были проанализированы на чувствительность/устойчивость к противомикробным препаратам.

В настоящем исследовании НФМ составляют одну из доминирующих групп микроорганизмов. Чувствительными ко всем АБП в этой группе были 37,5% штаммов, монорезистентными – 43,4 %, полирезистентными (3 и более маркера устойчивости) – 6,3% (табл. 1).

Среди монорезистентных НФМ резистентны к ко-тримоксазолу 79,1%, к левомицетину – 11,4%. При оценке устойчивости к двум препаратам прежде всего следует отметить высокую частоту устойчивости (67,8 % случаев) к ко-тримоксазолу и доксициклину. Штаммы с фенотипом резистентности к трём и более АБП в большинстве своём показали резистентность к доксициклину, левомицетину и ко-тримоксазолу.

Чувствительность к цефепиму составила 98,1%, к гентамицину – 97,7%, цефоперазон-сульбактаму – 97,2%, к ципрофлоксацину и цефтриаксону чувствительными в нашем исследовании были практически все штаммы – 96,3%, к левомицетину – 90 %, доксициклину – 84,6 %. Устойчивость к ко тримоксазолу зафиксирована у половины штаммов (табл. 2).

Обнаруженный нами штамм *Pseudomonas mendocina*, выделенный в мае 2016 г., показал фенотип устойчивости к семи исследуемым препаратам, кроме того, он имел промежуточную устойчивость к цефтриаксону и левомицетину. В мае также был выделен штамм *Acinetobacter junii* с маркерами резистентности к пяти АБП: ципрофлоксацину, доксициклину, цефтриаксону, левомицетину и ко-тримоксазолу.

Чувствительность НФМ к АБП (%)

АБП	Чувствительные к АБП	Резистентные к АБП
Ципрофлоксацин	96,3	3,6
Доксициллин	84,6	15,4
Цефтриаксон	96,3	3,6
Левомецетин	90,0	10
Ко-тримоксазол	49,3	50,6
Гентамицин	97,7	2,7
Меропенем	99,5	0,5
Имипенем	99,5	0,5
Цефоперазон	97,2	2,7
Цефипим	98,1	1,8

Резистентность к четырём антибиотикам – меропенему, имипенему, доксицилину и цефоперазон-сульбактаму обнаружен только у одного штамма – *Acinetobacter schindleri*.

Среди представителей сем. *Enterobacteriaceae* чувствительных ко всем АБП микроорганизмов не обнаружено. Монорезистентных штаммов зафиксировано 9,6%, среди которых больше всего резистентных к ко-тримоксазолу – 43% (см. табл. 1). Анализ резистентности к 2 АБП показал, что из 10 штаммов резистентных к ко-тримоксазолу 9 были резистентны к ампициллину. Все фенотипы штаммов, резистентных к 3 АБП, отличались разнообразием.

Полирезистентные энтеробактерии имели маркеры устойчивости преимущественно к 4 (30%) и 5 (28,4%) АБП. Из 35 полирезистентных штаммов, устойчивых к четырём препаратам, 48,6% принадлежали к группе с фенотипом резистентности: ампициллин, налидиксовая кислота, фурагин, ко-тримоксазол. Среди них верифицированы разные виды энтеробактерий из родов: *Serratia*, *Escherichia*, *Pantoea*, *Citrobacter*, *Klebsiella*, *Enterobacter*, *Raoultella*, *Hafnia*.

Резистентность к 5 АБП имели 33 штамма, из них 51,5% были резистентны к ампициллину, налидиксовой кислоте, левомецетину, фурагину, ко-тримоксазолу. Обнаруженный нами штамм *Escherichia coli*, помимо этих пяти АБП, проявлял резистентность ещё и к гентамицину и цефтриаксону.

В целом, семейство энтеробактерий в анализируемый промежуток времени характеризовалось чувствительностью к цефипиму (98,6%), меропенему (96,6%), имипенему (94,5%), гентамицину (95,2%), ципрофлоксацину (91,0%), цефтриаксону (91,0%), а также доксицилину (82,8%) и цефоперазон-сульбактаму (93,1%) (табл. 3).

Энтеробактерии, резистентные к ампициллину, обнаружены в 89,0%, к ко-тримоксазолу – 84,1%, фурагину – 75,2%, также выделено 55,2% штаммов, устойчивых к налидиксовой кислоте и 24,8% – к левомецетину.

Антимикробную чувствительность семейства *Aeromonadaceae* определяли по критериям, рекомендованным для аэромонад. Чувствительным ко всем АБП был один штамм – *Aeromonas media*, монорезистентными – 9%, к двум АБП – 18%, значительное количество штаммов (72%) обладали множественной антибиотикорезистентностью (см. табл. 1). Среди штаммов, резистентных к двум АБП, 77% показали устойчивость одновременно к ампициллину и ко-тримоксазолу.

Большинство АБП были активны в отношении аэромонад. Все выделенные штаммы были чувствительны к

Чувствительность энтеробактерий и аэромонад к АБП (%)

АБП	Энтеробактерии		Аэромонады	
	чувствительные к АБП	резистентные к АБП	чувствительные к АБП	резистентные к АБП
Ципрофлоксацин	91,0	9,0	99,2	0,8
Ампициллин	11,0	89,0	9,8	90,2
Налидиксовая кислота	44,8	55,2	40,9	59,1
Доксициллин	82,8	17,2	78,7	21,3
Цефтриаксон	91,0	9,0	91,0	9,0
Левомецетин	75,2	24,8	82,8	17,2
Фурагин	24,8	75,2	43,4	56,6
Ко-тримоксазол	15,9	84,1	27,0	73
Гентамицин	95,2	4,8	94,3	5,7
Меропинем	96,6	3,4	100	0
Имипенем	94,5	5,5	98,4	1,6
Цефоперазон	93,1	6,9	85,2	14,8
Цефипим	98,6	1,4	98,4	1,6

меропенему – 100%, ципрофлоксацину – 99,2%, имипенему и цефипиму – 98,4%, гентамицину – 94,3%, цефтриаксону – 91,0% (см. табл. 3).

В то же время только 9,8% культур были чувствительными к ампициллину. Устойчивость к налидиксовой кислоте, фурагину и ко-тримоксазолу проявили 59,1, 56,6 и 73% штаммов соответственно.

Обсуждение

За период наблюдения выделено и идентифицировано 70 различных видов микроорганизмов. Доля неферментирующих микроорганизмов составляла 42,9% от всех выделенных штаммов, бактерий семейства *Enterobacteriaceae* – 28,2%, представителей семейства *Aeromonadaceae* – 23,7%.

Анализ спектра антибиотикорезистентности изученных штаммов выявил, что наиболее распространёнными маркерами являются устойчивость к ампициллину, налидиксовой кислоте, фурагину, ко-тримоксазолу. Такой профиль имели 37,5% штаммов, входящие в группу энтеробактерий и аэромонад. У 38 из них также наблюдалась резистентность к левомецетину.

В целом к ко-тримоксазолу были устойчивы 66% изученных нами микроорганизмов, входящих в разные группы. К левомецетину и ко-тримоксазолу были резистентны 12,5% всех культур.

Заключение

Впервые в весенне-летний период 2016 г. во ФКУЗ Ростовский-на-Дону противочумный институт проведено изучение видового разнообразия и структуры микробных сообществ водоёмов города, установлена антибиотикорезистентность выделенных штаммов.

Результаты проведённого исследования показали, что в водоёмах Ростова-на-Дону микрофлора представлена микроорганизмами разных таксономических групп. Всего идентифицировано 70 различных видов микроорганизмов, принадлежащих к 13 семействам. Доминирующими в анализируемый период были неферментирующие микроорганизмы, в целом их доля составила 42,9%, энтеробактерии обнаруживались в 28,2% случаев и аэро-

монады в 23,7%, хотя в отдельные месяцы наблюдения соотношение энтеробактерий и аэромонад незначительно менялось.

По частоте встречаемости выявлен основной – доминантный род – *Acinetobacter*. На его долю приходится 33,6%. Из 13 различных видов этого рода в 23,1% случаев высевался *Acinetobacter junii*.

Оценка результатов изучения антибиотикорезистентности выделенных штаммов показала, что в 2016 г. чувствительных ко всем АБП штаммов среди энтеробактерий обнаружено не было. Только один представитель аэромонад – *Aeromonas media* – был чувствителен ко всем антибиотикам. Монорезистентные фенотипы в этих группах выявлялись в 9 – 9,6% случаев. Встречаемость чувствительных и монорезистентных штаммов среди НФМ оказалась значительно выше и составила 37,5 и 43,4% соответственно.

Проведённое исследование выявило среди всех анализируемых групп микроорганизмов высокую долю штаммов чувствительных к ципрофлоксацину, доксициклину, цефтриаксону, левомицетину, гентамицину, имипенему, меропенему, цефоперазону, цефепиму.

Среди энтеробактерий и аэромонад часто встречались изоляты, несущие маркеры устойчивости к ампициллину, налидиксовой кислоте, фурагину, ко-тримоксазолу.

Штаммы, имеющие множественную антибиотикорезистентность (к трём и более АБП), среди энтеробактерий и аэромонад выделялись в 80 и 72% случаев соответственно. Следует отметить, что среди НФМ доля полирезистентных вариантов оказалась значительно ниже по сравнению с другими анализируемыми группами и составила 18,9%.

Таким образом, проведённое исследование микробных сообществ водоёмов Ростова-на-Дону, позволило обнаружить в тестируемых объектах доминирующие группы микроорганизмов, выявить патогенные и условно-патогенные бактерии, дать оценку их антибиотикорезистентности с целью определения степени потенциальной опасности для здоровья человека.

Всё это подчёркивает необходимость продолжения дальнейших исследований и сбора более полной информации о состоянии чувствительности/резистентности микроорганизмов и оценки риска появления и распространения новых мультирезистентных штаммов в окружающей среде указанного региона.

Финансирование. Исследование не имело спонсорской поддержки.
Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Литература

(пп. 3, 6, 7, 9-13, 15-20, 24, 25, 27, 30 см. References)

- Кулагина Г.М., Фалова О.Е. Санитарно-эпидемиологические проблемы загрязнения водоемов. *Фундаментальные исследования*. 2004; 1: 61-2.
- Захарова И.Б., Водяницкая С.Ю., Подшивалова М.В., Кругликов В.Д., Архангельская И.В., Викторов Д.В. Молекулярно-генетическая характеристика штаммов *Vibrio cholerae non-O1/non-O139*, выделенных из балластных вод судов и акватории портов Ростовской области. *Эпидемиология и инфекционные болезни*. 2015. 20 (3): 47-50.
- Журавлев П.В., Алешня В.В., Головина С.В., Панасовец О.П., Недачин Е.А., Талаева Ю.Г., Артемова Т.З., Гипп Е.К., Загайнова А.В., Буторина Н.Н. Мониторинг бактериального загрязнения водоемов Ростовской области. *Гигиена и санитария*. 2010; 5: 33-6.
- Обухова О.В., Ларцева Л.В., Лисицкая И.А. Санитарно-микробиологическая оценка гидроекосистемы дельты Волги

при антропогенном загрязнении. *Гигиена и санитария*. 2009; 1: 8.

- Юхименко Л.Н., Бычкова Л.И. Этиологическая структура возбудителей бактериальной геморрагической септицемии рыб. В кн.: *Проблемы иммунологии, патологии и охраны здоровья рыб и других гидробионтов. Расширенные материалы Международной научно-практической конференции*. Борок, 17-20 июля 2007 г. М.: Россельхозакадемия; 2007: 95-7.
- Кулмагамбетов И.Р., Сарсенбаева С.С., Рамазанова Ш.Х., Есимова Н.К. Современные подходы к контролю и сдерживанию антибиотикорезистентности в мире. *Международный журнал прикладных и фундаментальных исследований*. 2015; 9(1): 54-9.
- ГОСТ 31861-2012 «Вода. Общие требования к отбору проб». Межгос. совет по стандарт., метролог. и сертиф. – 2014.
- ГОСТ 31942-2012 «Вода. Отбор проб для микробиологического анализа» Меж-гос. совет по стандарт., метролог. и сертиф. 2014.
- Определение чувствительности микроорганизмов к антибактериальным препаратам: *Методические указания МУК 4.2.1890-04*. М.: Федеральный центр госсанэпиднадзора Минздрава России, 2004. 91 с.
- Чеботарь И.В., Лазарева А.В., Масалов Я.К., Михайлович В.М., Маянский Н.А. *Acinetobacter*: микробиологические, патогенетические и резистентные свойства. *Вестник Российской академии медицинских наук*. 2014; 69(9-10): 39-50.
- Сухорукова М.В., Эйдельштейн М.В., Склеенова Е.Ю., Иванчик Н.В., Тимохова А.В., Шек Е.А., Дехнич А.В., Козлов Р.С., Попов Д.А., Аганина М.А., Жданова О.А., Большеева Г.С., Большеева Г.С., Новикова Р.И., Валиуллина И.Р., Кокарева Т.С., Частоедова А.Н., Рог А.А., Рог А.А., Поликарпова С.В. Антибиотикорезистентность нозокомиальных штаммов Enterobacteriaceae в стационарах России: результаты многоцентрового эпидемиологического исследования МАРАФОН в 2011-2012 гг. *Клиническая микробиология и антимикробная химиотерапия*. 2014; 16(4): 266-72.
- Анганова Е.В., Духанина А.В., Савилов Е.Д. Генетические детерминанты патогенности условно-патогенных энтеробактерий, выделенных у детей с острыми кишечными инфекциями. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2012; 2: 34-9.

References

- Kulagina G.M., Falova O.E. Sanitarно-epidemiologicheskie problemy zagryazneniya vodoemov. *Fundamental'nye issledovaniya*. 2004; (1): 61-2. (in Russian)
- Zakharova IB, Vodyanitskaya SY, Podshivalova MV, Kругликов VD, Arkhangelskaya IV, Viktorov DV Molecular-genetic characteristics of strains of *Vibrio cholerae non-O1 / non-O139* isolated from ballast waters of ships and the water area of the ports of the Rostov Region. *Epidemiologiya i infektsionnye bolezni*. 2015. 20(3): 47-50.
- Prevalence and diversity of *Salmonella enterica* in water, fish and lettuce in Ouagadougou, Burkina Faso Oumar Traoré, Outi Nyholm, Anja Siitonen, Isidore Juste O Bonkoungou, Alfred S Traoré1, Nicolas Barro1, Kaisa Haukka Traoré et al. *BMC Microbiology*. 2015 (15):151. DOI 10.1186/s12866-015-0484-7.
- Zhuravlev P.V., Aleshnya V.V., Golovina S.V., Panasovets O.P., Nedachin E.A., Talaeva Yu.G., Artemova T.Z., Gipp E.K., Zagaynova A.V., Butorina N.N. Monitoring bakterial'nogo zagryazneniya vodoemov Rostovskoy oblasti. *Gigiena i sanitariya*. 2010; (5): 33-6. (in Russian)
- Obukhova O.V., Lartseva L.V., Lisitskaya I.A. Sanitarно-mikrobiologicheskaya otsenka gidroekosistemy del'ty Volgi pri antropogennom zagryaznenii. *Gigiena i sanitariya*. 2009; (1): 8. (in Russian)
- Cantas L., Shah S.Q., Cavaco L.M., Manaia C.M., Walsh F., Popowska M. et al. A brief multi-disciplinary review on antimicro-

- icrobial resistance in medicine and its linkage to the global environmental microbiota. *Front. Microbiol.* 2013; 4: 96.
7. Narciso-da-Rocha C., Manaia C.M. Multidrug resistance phenotypes are widespread over different bacterial taxonomic groups thriving in surface water. *Science of The Total Environment.* 2016 (5). 563–4: 1-9.
 8. Yukhimenko L.N., Bychkova L.I. Etiologicheskaya struktura vzbuditeley bakterial'noy gemorragicheskoy septitseмии ryb. Problemy immunologii, patologii i okhrany zdorov'ya ryb i drugikh gidrobiotov. In: *Rasshirennyye materialy Mezhdunarodnoy nauchno-prakticheskoy konferentsii. Borok, 17-20 July 2007.* Moscow: Rossel'khozakademiya; 2007: 95-7. (in Russian)
 9. Qamar F. Naz, Nisar M. I., Quadri F., Shakoor S., Sow S.O., Nasrin D., Blackwelder W. C., Wu Y., Farag T., Panchalingham S., Sur D., Qureshi S., Faruque A. S. G., Saha D., Alonso P. L., Breiman R. F., Bassat Q., Tamboura B., Ramamurthy T., Kanungo S., Ahmed S., Hossain A., Das S. K., Antonio M., Hossain M. J., Mandomando I., Tennant S. M., Kotloff K. L., Levine M. M., Zaidi A. K. M. Aeromonas-Associated Diarrhea in Children under 5 Years: The GEMS Experience]. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 95(4), 2016: 774–80 doi:10.4269/ajtmh.16-0321
 10. Wellington E.M. The role of the natural environment in the emergence of antibiotic resistance in Gram-negative bacteria. Wellington E.M., Boxall A.B., Cross P., Feil E.J., Gaze W.H., Hawkey P.M. *Lancet Infect Dis.* 2013 (13):155-65.
 11. Roca I. The global threat of antimicrobial resistance: science for intervention. Roca I., Akova M., F. Baquero, J. Carlet, M. Cavalieri, S. Coenen, J. Cohen, D. Findlay, I. Gyssens, O.E. Heure, G. Kahlmeter, H. Kruse, R. Laxminarayan, E. Liébana, L. López-Cerero, A. MacGowan, M. Martins, J. Rodríguez-Baño, J.M. Rolain, C. Segovia, B. Sigauque, E. Tacconelli, E. Wellington and J. Vila. *New Microbes and New Infections.* 2015. 6(C): 22 - 9.
 12. Bassetti M. The management of multi-drug resistant Enterobacteriaceae. Bassetti M., Pecori D., Peghin M. *Curr Opin Infect Dis* 2016. 29: 583-94.
 13. Martins da Costa, P. Transfer of Multidrug-Resistant Bacteria between Intermingled Ecological Niches: The Interface between Humans, Animals and the Environment. P. Martins da Costa, L. Loureiro, A. J. F. Matos. *Int. J. Environ Res. Public Health.* 2013. 10(1): 278–94.
 14. Kulmagambetov I.R., Sarsenbaeva S.S., Ramazanova Sh.Kh., Esimova N.K. Sovremennye podkhody k kontrolyu i sderzhivaniyu antibiotikorezistentnosti v mire. *Mezhdunarodnyy zhurnal prikladnykh i fundamental'nykh issledovaniy.* 2015; (9-1): 54-9. (in Russian)
 15. Curcio D. Multidrug-Resistant Gram-Negative Bacterial Infections: Are you Ready for the Challenge? *Current Clinical Pharmacology.* 2014. 9: 27 - 38.
 16. Carbapenemase VCC-1–Producing *Vibrio cholerae* in Coastal Waters of Germany Jens A. Hammerl, Claudia Jäckel, Valeria Bortolaia, Keike Schwartz, Nadja Bier, Rene S. Hendriksen, Beatriz Guerra, Eckhard Strauch. *Emerging Infectious Diseases.* 2017. 23(10): 1735-37. DOI: <https://doi.org/10.3201/eid2310.161625>
 17. Shakibaie M.R. Horizontal transfer of antibiotic resistance genes among gram negative bacteria in sewage and lake water and influence of some physico-chemical parameters of water on conjugation process. *J. Environ. Biol.* 2009; 30(1): 45-9.
 18. Pan J.C., Ye R., Wang H.Q., Xiang H.Q., Zhang W., Yu X.F. et al. *Vibrio cholerae* O139 multiple-drug resistance mediated by *Yersinia pestis* pP1202-like conjugative plasmids. *Antimicrob. Agents Chemother.* 2008; 52(11): 3829-36.
 19. Castanheira M., Deshpande L.M., Mathai D., Bell J.M., Jones R.N., Mendes R.E. Early dissemination of NDM-1- and OXA-181-producing Enterobacteriaceae in Indian hospitals: report from the SENTRY Antimicrobial Surveillance Program, 2006-2007. *Antimicrob. Agents Chemother.* 2011; 55(3): 1274-8.
 20. Gordon L., Cloeckert A., Doublet B., Schwarz S., Bouju-Albert A., Ganière J.P. et al. Complete sequence of the *flr*-carrying multiresistance plasmid pAB5S9 from freshwater *Aeromonas bestiarum*. *J. Antimicrob. Chemother.* 2008; 62(1): 65-71.
 21. GOST 31861-2012 “Voda. Obshhie trebovaniya k otboru prob”. Mezhdgos. sovet po standart., metrolog. i sertif. 2014.
 22. GOST 31942-2012 «Voda. Otbor prob dlya mikrobiologicheskogo analiza» Mezhd-gos. sovet po standart., metrolog. i sertif. 2014.
 23. Determination of the sensitivity of microorganisms to antibacterial drugs: *Methodological guidelines MUK 4.2.1890-04.* M.:Federal Center for State Sanitary Epidemiological Supervision of the Russian Ministry of Health, 2004: 91.
 24. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing: twenty first informational supplement (CLSI). M100-S21. *Clinical and Laboratory Standards Institute, Wayne, PA.* 2011; 31(1): 1-172.
 25. Visca P., Seifert H., Towner K.J. *Acinetobacter* infection - an emerging threat to human health. *IUBMB Life.* 2011; 63(12): 1048-54.
 26. Chebotar' I.V., Lazareva A.V., Masalov Ya.K., Mikhaylovich V.M., Mayanskiy N.A. *Acinetobacter*: mikrobiologicheskie, patogeneticheskie i rezistentnye svoystva. *Vestnik Rossiyskoy akademii meditsinskikh nauk.* 2014; 69(9-10): 39-50. (in Russian)
 27. Antibiotic Resistance of *Acinetobacter* spp. Isolates from the River Danube: Susceptibility Stays High. Kittinger C., Kirschner A., Lipp M., Baumert R., Mascher F., Farnleitner A.H., Zarfel G.E. *Int. J. Environ. Res. Public Health* 2018, 15, 52; doi:10.3390/ijerph15010052.
 28. Sukhorukova M.V., Eydel'shteyn M.V., Skleenova E.Yu., Ivanchik N.V., Timokhova A.V., Shek E.A., Dekhnich A.V., Kozlov R.S., Popov D.A., Astanina M.A., Zhdanova O.A., Bolysheva G.S., Bolysheva G.S., Novikova R.I., Valiullina I.R., Kokareva T.S., Chastodova A.N., Rog A.A., Rog A.A., Polikarpova S.V. Antibiotikorezistentnost' nozokomial'nykh shtammov Enterobacteriaceae v stacionarakh Rossii: rezul'taty mnogotsentrovogo epidemiologicheskogo issledovaniya MARAFON v 2011-2012 gg. *Klinicheskaya mikrobiologiya i antimikrobnaya khimioterapiya.* 2014; 16(4): 266-72. (in Russian)
 29. Anganova E.V., Dukhanina A.V., Savilov E.D. Geneticheskie determinanty patogennosti uslovno-patogennykh enterobakteriy, vydelennykh u detey s ostrymi kishhechnymi infektsiyami. *Zhurnal mikrobiologii, epidemiologii i immunobiologii.* 2012; (2): 34-9. (in Russian)
 30. Klontz E.H., Faruque A.S., Das S.K., Malek M.A., Islam Z., Luby S.P., Klontz K.C. Clinical and epidemiologic features of diarrheal disease due to *Aeromonas hydrophila* and *Plesiomonas shigelloides* infections compared with Those due to *Vibrio cholerae* Non-O1 and *Vibrio parahaemolyticus* in Bangladesh. *ISRN Microbiol.* 2012: 654819.