

Профили антибиотикорезистентности стрептомицетов из разных почв Вятского Прикамья

© 2026. И. Г. Широких^{1,2}, д. б. н., зав. лабораторией, в. н. с.,
Н. А. Боков^{1,3}, аспирант, м. н. с., А. А. Широких^{1,3}, д. б. н., в. н. с.,
Т. Я. Ашихмина^{2,3}, д. т. н., г. н. с., зав. лабораторией,

¹Федеральный аграрный научный центр Северо-Востока имени Н. В. Рудницкого,
610007, Россия, г. Киров, ул. Ленина, д. 166а,

²Институт биологии Коми научного центра
Уральского отделения Российской академии наук,
167982, Россия, г. Сыктывкар, ул. Коммунистическая, д. 28,

³Вятский государственный университет,
610000, Россия, г. Киров, ул. Московская, д. 36,
e-mail: irgenal@mail.ru

Распространение антибиотикорезистентности среди бактерий, вызывающих инфекции, создаёт риск потери эффективности антибиотиков как лекарственных средств. Решению этой глобальной проблемы здравоохранения и ветеринарии могут способствовать новые знания о резистах бактерий в почве, как природном резервуаре генов устойчивости к антибиотикам, где благодаря горизонтальному переносу генов может происходить передача признака в клинически значимые патогенные виды. В сравнительном аспекте охарактеризованы профили фенотипической устойчивости типичных почвенных бактерий – актиномицетов – к определённому набору антибиотиков из разных классов и различных механизмов действия. В общей сложности определены профили устойчивости 152 природных изолятов, полученных из почв разных районов Кировской области. Источником для их изоляции служили пробы почв, отобранных на особо охраняемых природных территориях (природные экосистемы) и на участках, типизирующих различные виды хозяйственной деятельности (трансформированные экосистемы). Из каждой почвенной пробы анализировали равные по объёму выборки изолятов с признаками, характерными для рода *Streptomyces*. С помощью методов многомерной статистики показано, что уровень резистентности стрептомицетов к каждому из семи антибиотиков (налидиксовая кислота, тетрациклин, полимиксин, триметоприм, линкомицин, амоксициллин и стрептомицин) значимо ($p < 0,05$) определяют как географический район выделения штамма, так и тип экосистемы (природная или трансформированная). В качестве общей закономерности на обследованной территории отмечена высокая эффективность стрептомицина и тетрациклина, и низкая чувствительность стрептомицетов к налидиксовой кислоте. Природные лесные, как и антропогенно трансформированные экосистемы, обогащены штаммами стрептомицетов со множественной устойчивостью к антибиотикам. Практическое значение полученных результатов для экологии и мониторинга заключается в статистически доказанной возможности использования устойчивости почвенных стрептомицетов в качестве индикатора антропогенной нагрузки на почву.

Ключевые слова: антибиотики, устойчивость, почвенный резистом, *Streptomyces*, природная экосистема, хозяйственное использование, статистический анализ.

Antibiotic resistance profiles of streptomycetes from different soils of the Vyatka Prikamye

© 2026. I. G. Shirokikh^{1,2}, ORCID: 0000-0002-3319-2729, N. A. Bokov^{1,3}, ORCID: 0000-0002-1000-1192,
A. A. Shirokikh^{1,3}, ORCID: 0000-0002-7808-0376, T. Ya. Ashikhmina^{2,3}, ORCID: 0000-0003-4919-0047

¹Federal Agricultural Research Center of North-East named N. V. Rudnitsky,
166a, Lenina St., Kirov, Russia, 610007,

²Institute of Biology of Komi Science Centre of the Ural Branch
of the Russian Academy of Sciences,
28, Kommunisticheskaya St., Syktyvkar, Russia, 167982,

³Vyatka State University,
36, Moskovskaya St., Kirov, Russia, 610000,
e-mail: irgenal@mail.ru

The spread of antibiotic resistance among infection-causing bacteria poses the risk of losing the effectiveness of antibiotics as medicines. New knowledge about bacterial resistance in soil, as a natural reservoir of antibiotic resistance genes, can contribute to solving this global health and veterinary problem, where the trait can be transferred to clinically significant pathogenic species due to horizontal gene transfer. The profiles of the phenotypic resistance of typical soil bacteria, actinomycetes, to a specific set of antibiotics from different classes and different mechanisms of action are characterized in a comparative aspect. In total, the stability profiles of 152 natural isolates obtained from soils of different districts of the Kirov region were determined. The source for their isolation was soil samples taken from specially protected natural areas (natural ecosystems) and sites typifying various types of economic activity (transformed ecosystems). Equal samples of isolates with features characteristic of the genus *Streptomyces* were analyzed from each soil sample. Using multidimensional statistical methods, it was shown that the level of *Streptomyces* resistance to each of the seven antibiotics (nalidixic acid, tetracycline, polymyxin, trimethoprim, lincomycin, amoxicillin, and streptomycin) significantly ($p < 0.05$) determines both the geographical area of strain isolation and the type of ecosystem (natural or transformed). A general pattern in the surveyed area was the high efficacy of streptomycin and tetracycline, and the low *Streptomyces* low sensitivity to nalidixic acid. Natural forest ecosystems, as well as economically transformed ecosystems, are enriched with *Streptomyces* strains with multiple antibiotic resistance. The practical significance of the results obtained for ecology and monitoring lies in the statistically proven possibility of using the stability of soil *Streptomyces* as an indicator of anthropogenic load on the soil.

Keywords: antibiotics, resistance, soil resistance, *Streptomyces*, natural ecosystem, economic use, statistical analysis.

Всемирная организация здравоохранения (ВОЗ) в числе десяти главных угроз общественному здоровью назвала в 2023 г. устойчивость к противомикробным препаратам [1]. По оценкам ВОЗ, ежегодно в мире около 5 млн человек умирают от устойчивых к антибиотикам возбудителей инфекций. Значительную роль в распространении антибиотикорезистентности играет широкое и часто неконтролируемое использование антибиотиков в медицине и ветеринарии. Однако исследования последних десятилетий убедительно показали, что содействовать распространению и эволюции устойчивости к антибиотикам в микробиомах могут и другие причины, обусловленные хозяйственной деятельностью человека. Известно, что тяжёлые металлы (ТМ), отличные от антибиотиков противомикробные препараты и другие загрязнители, связанные с сельским хозяйством и аквакультурой, внося свой вклад в ухудшение состояния окружающей среды (ОС), способны стимулировать процесс совместного отбора, косвенно способствуя развитию устойчивости к антибиотикам [2–5]. Ряд механизмов одновременного отбора по нескольким признакам, ведущего к появлению в микробных популяциях перекрёстной резистентности, был рассмотрен в работах [3, 6, 7]. Установлено, что явление перекрёстной устойчивости определяется наличием двух (или более) связанных детерминант резистентности, то есть расположенных рядом друг с другом генов, отвечающих за две (или более) формы резистентности, на одном мобильном генетическом элементе [6]. Из-за близкого расположения, детерминирующие устойчивость к антибиотикам и ТМ гены могут передаваться клетке-реципиенту вместе, как это было показано в работе [7], в которой идёт

речь о горизонтальном переносе генов в водной среде. Что касается почвенной среды, то работы, посвящённые перекрёстной устойчивости к антибиотикам и загрязнению металлами, в доступной нам литературе единичны [5, 8, 9]. Остаются ограниченными наши знания также о природном фоне распространения генов устойчивости к антибиотикам в различных почвах (почвенном резистоме) [10, 11]. Поэтому сокращение использования противомикробных препаратов в здравоохранении само по себе вряд ли сможет предотвратить распространение устойчивости к антибиотикам как в клинических условиях, так и в окружающей природной среде [12]. Наряду с мерами, направленными на борьбу с чрезмерным и неправильным использованием противомикробных лекарственных препаратов, исключением антибиотиков из списка кормовых добавок для животных в качестве стимуляторов роста, необходим поиск других путей к замедлению развития этой опасной тенденции [13]. Исследования распространения устойчивости к антибиотикам в почвенных микробиомах из природной и антропогенно трансформированной ОС приобретают в связи с этим всё большую актуальность.

Почва, как природная среда обитания микроорганизмов, представляет собой резервуар устойчивых форм и содержит соответствующую генетическую информацию об устойчивости к антибиотикам. Согласно концепции резистома, конкретным микробиомам присущи определённые наборы факторов резистентности [14].

Высокие уровни устойчивости, как средство самозащиты от разрушения собственными антибиотиками, проявляют мицелиальные прокариоты – актиномицеты, лидирующие

среди известных в настоящее время промышленных продуцентов антибиотиков. Значительный вклад актиномицетов в формирование почвенного резистоста отмечали многие исследователи [11, 14, 15].

Цель настоящей работы – сравнительная характеристика профиля антибиотикорезистентности природных изолятов рода *Streptomyces* из почв природных и антропогенно трансформированных экосистем в географически разобщённых районах Кировской области.

Объекты и методы исследований

Отбор почвенных проб для исследования проводили на территории Кировской области, расположенной на северо-западной окраине Вятско-Камской провинции подзоны дерново-подзолистых почв южной тайги. Характеристика объектов исследования представлена в таблице.

Пробы почв отбирали как на природных территориях (природные экосистемы), так и на участках, типизирующих различные виды хозяйственной деятельности: деревообрабатывающее производство, сбор и хранение отходов химического комбината и твёрдых коммунальных отходов, здравоохранение (трансформированные экосистемы). Площадь участков отбора проб составляла в каждом случае около 100 м². Из верхнего почвенного слоя (0–10 см) на каждом участке методом конверта отбирали по пять индивидуальных проб (массой не менее 100 г) и объединяли их в один смешанный образец, из которого отбирали навески для микробиологического посева.

Выделение и культивирование микроорганизмов. Актиномицеты выделяли в чистые культуры при посеве из разведений почвенных суспензий на казеин-глицериновый агар (КГА) [16]. Для ограничения роста немикелиальных бактерий перед посевом почву прогревали при 70 °С в течение 4 ч. Чашки с посевами инкубировали при 28 °С в течение двух-трёх недель, после чего из выросших колоний разных морфотипов проводили выделение культур для дальнейшей работы. Изоляты хранили в пробирках на скошенном овсяном агаре при 4 °С. О принадлежности выделенных культур к роду *Streptomyces* судили по характерным культуральным и морфологическим признакам: нефрагментированный воздушный и субстратный мицелий, длинные цепочки спор в воздушном мицелии, которые исследовали с помощью микроскопа Leica DM 2500 (Carl

Zeiss, Германия). Из каждого образца почвы выделяли не менее 15 культур с типичными для рода *Streptomyces* признаками [17].

Определение устойчивости к антибиотикам. Культуры изолятов высевали газоном на овсяный агар. Для определения устойчивости выделенных культур к антибиотикам использовали диски индикаторные ДИ-ПЛС-50-01 по ТУ 9398-001-39484474-2000 (НИЦФ, Россия, Санкт-Петербург) с антибиотиками в следующих концентрациях: 20 мкг амоксициллин (АКЦ); 30 мкг налидиксовая кислота (НК); 1.25 / 23.75 мкг триметоприм/сульфаметоксазол (ТС); 30 мкг тетрациклин (ТЕТ); 30 мкг стрептомицин (СТР), 300 ЕД полимиксин (ПОЛ); 15 мкг линкомицин (ЛНК). Измеряли величину диаметров зон ингибирования роста каждым антибиотиком в соответствии с инструкцией к тест-системе.

Методы статистической обработки данных. Массив данных, полученных при тестировании фенотипической устойчивости/чувствительности 152 изолятов к 7 антибиотикам, был подвергнут комплексной статистической обработке. Для выявления значимых связей профилей антибиотической устойчивости с географическим и экологическим факторами ОС использовали методы параметрического (дисперсионного) и непараметрического (тест Крускала-Уоллиса) анализа. Оценивали значимость связей между устойчивостью изолятов к отдельным антибиотикам с помощью корреляционного анализа. Применены также многомерные методы, позволяющие выполнять оптимальное проецирование данных с большим числом переменных в пространствах с малой размерностью [18]. В частности, проведены многоуровневый одновременный компонентный анализ и дисперсионный анализ с применением метода главных компонент, кластерный анализ. На основе многомерного шкалирования данных выполнена ординация антибиотических профилей в пространстве главных компонент [19–21].

Вычисления и анализ осуществлялись с помощью самостоятельно разработанной программы для анализа данных на языке Python (версия 3.14) с использованием следующих библиотек: Scipy – для статистических тестов (ANOVA, Крускала-Уоллиса и др.) и кластерного анализа (иерархическая кластеризация), Statsmodels – для множественных сравнений (Tukey HSD), Scikit-learn – для методов снижения размерности (PCA), масштабирования данных, кластеризации (KMeans) и оценки качества кластеризации (Silhouette score),

Характеристика объектов исследования / Characteristics of research objects

Экосистемы Ecosystems	Район взятия образца, координаты Sample collection area, coordinates	Объект / Object	Название почвы Name of the soil
Природные Natural	Нолинский район, 57°39' с. ш., 50°12' в. д. Nolinskiy District, N 57°39', E 50°12'	ООПТ «Медведский бор» SPNA “Medvedskiy Bor”	подзол песчаный мелкий на древнеаллювиальных песках / fine sandy podzol on ancient alluvial sands
	Котельничский район, 57°58' с. ш., 48°24' в. д. Kotelnichskiy District, N 57°58', E 48°24'	ГПЗ «Нургуш» Nurgush SNR	аллювиальная дерновая зернистая среднегумусная глинистая / alluvial soddy granular medium-humus clayey
	Советский район, 57°38' с. ш., 49°02' в. д. Sovetskiy District, N 57°38', E 49°02'	Немдинский скальный комплекс, ООПТ «Пижемский» Nemdinskiy Rock Complex, Pijemskiy SPNA	карбо-петрозём на мергелевском известняке carbon-petrozem on marl limestone
	Нагорский район, 59°38' с. ш., 50°02' в. д. Nagorskiy District, N 59°38', E 50°02'	участок «Тулашор» ГПЗ «Нургуш» Tulashor section of the SNR “Nurgush”	подзол на моренных суглинках podzol on moraine loams
Антропогенно трансформиро- ванные Anthropogenically transformed	Мурашинский район, 59°51' с. ш., 48°81' в. д. Murashinskiy District, N 59°51', E 48°81'	злаково-разнотравный луг на окраине п. Безбожник a grassy meadow on the outskirts of the village of Bezbozhnik	дерново-подзолистая на моренных суглинках soddy-podzolic on moraine loams
		территория медицинского учреждения / territory of a medical institution	
		площадка сбора и хранения твёрдых коммунальных отходов collection and storage site for municipal solid waste	
	Мурашинский район, 59°40' с. ш., 48°96' в. д. Murashinskiy District, N 59°40', E 48°96'	Мурашинский фанерный завод Murashinskiy plywood factory	дерново-подзолистая на моренных суглинках soddy-podzolic on moraine loams
Кирово-Чепецкий район, 58°33' с. ш., 49°56' в. д. Kirovo-Chepetsk District, N 58°33', E 49°56'	хранилище производственных отходов химкомбината storage facility for industrial wastes from a chemical plant	техногенное поверхностное образование: группа натурфабрикаты, подгруппа литостраты man-made surface formation: group of natural products, subgroup of lithostrats	

Примечание: ООПТ – особо охраняемая природная территория, ГПЗ – государственный природный заповедник.
Note: SPNA – specially protected natural area, SNR – state nature reserve.

Pandas – для обработки и агрегации данных, построения таблиц сопряжённости. Визуализация данных осуществлена с помощью библиотек Matplotlib, Seaborn, Networkx и Scipy.cluster.hierarchy.

Результаты и обсуждение

Из почв природных и антропогенно трансформированных экосистем на обследуемой территории Кировской области (6 районов) было получено в общей сложности 152 стрептомицетных изолята. Количественной характеристикой устойчивости культуры к тому или иному антибиотику служила величина зоны ингибирования её роста, выраженная в миллиметрах. Определение устойчивости выделенных культур к 7 антибиотикам разных классов и различных механизмов действия позволило сформировать достаточный по объёму массив данных, который подвергли комплексной статистической обработке.

Средние величины зон ингибирования антибиотиками роста протестированных почвенных изолятов убывали в следующем ряду: СТР (35,6 мм) > ТЕТ (24,0 мм) > ТС (23,3 мм) > АКЦ (14,6 мм) > ПОЛ (14,2 мм) > ЛНК (13,3 мм) > НК (7,2 мм) (рис. 1, см. цв. вкладку VI).

Доля полностью устойчивых культур к наиболее эффективным СТР и ТЕТ не превышала в среднем 2 и 3 %, к ТС и ПОЛ – 25 и 27 %, к ЛНК – 39 %, к НК в зависимости от района – 63–80 %.

Дисперсионный анализ зон ингибирования выявил статистически значимые различия между выборками изолятов из почв разных районов и экосистем для большинства антибиотиков ($p < 0,05$). Результаты были подтверждены непараметрическим тестом Крускала-Уоллиса, что свидетельствует о высокой значимости полученного результата. Исключение составил АКЦ, для которого различия оценивались как статистически незначимые ($p > 0,05$). Отсутствие значимых различий для АКЦ может свидетельствовать о повсеместной распространённости у стрептомицетов на данной территории β-лактамаз, что обеспечивает универсальную устойчивость к β-лактамам антибиотикам.

Анализ корреляций между устойчивостью стрептомицетов к различным антибиотикам в пределах общей выборки изолятов выявил преимущественно слабые связи ($r = 0,10–0,35$), что указывает на независимый характер формирования устойчивости к отдельным антибиотикам. Поиск корреляций в преде-

лах отдельных почвенных локаций выявил значительную вариабельность связей между антибиотиками по районам, что указывает на локальный характер формирования устойчивости (рис. 2, см. цв. вкладку VII).

Низкие значения корреляций между антибиотиками и выраженная вариабельность профилей антибиотикорезистентности (рис. 3, см. цв. вкладку VII) обусловлены, очевидно, наличием нескольких независимых молекулярных механизмов устойчивости.

Известно, что резистентность к СТР может быть связана с ферментативной модификацией аминокликозидов и мутациями рибосомных белков, тогда как для ТЕТ характерны эффлюкс-механизмы и белки защиты рибосомы. Устойчивость к НК часто обусловлена мутациями в генах ДНК-гиразы [22]. Полученные результаты свидетельствуют о том, что антибиотикорезистентность стрептомицетов обусловлена совокупностью молекулярных механизмов, включающих эффлюкс-системы, модификацию мишеней и ферментативную инактивацию антибиотиков.

Высокая вариабельность корреляционных связей подтверждает отсутствие единого механизма формирования антибиотикорезистентности в отдельных почвенных локациях.

Среди 152 протестированных стрептомицетных изолятов 90 проявили устойчивость одновременно к нескольким антибиотикам с различными механизмами действия. Доля множественно устойчивых штаммов составила в среднем 59,2 %. Высокая распространённость полирезистентных штаммов указывает на накопление в почвенных микробиомах нескольких генетических детерминант устойчивости, вероятно ассоциированных с мобильными генетическими элементами. В рассматриваемом ряду почвенных локаций относительная доля полирезистентных культур варьировала от 22,2 % в карбопетрозёме, формирующемся на выходе рифовых известняков в Советском районе, до 91,7 % в песчаном подзоле особо охраняемой природной территории (ООПТ) «Медведский бор» Нолинского района. Высоким распространением множественно устойчивых штаммов (80 %) отличалась также аллювиальная дерновая почва государственного природного заповедника (ГПЗ) «Нургуш» в Котельничском районе. Другие почвенные локации в Кирово-Чепецком, Нагорском и Мурашинском районах, включая почвы хозяйственно трансформированных экосистем, характери-

И. Г. Широких, Н. А. Боков, А. А. Широких, Т. Я. Ашихмина
«Профили антибиотикорезистентности стрептомицетов
из разных почв Вятского Прикамья». С. 183

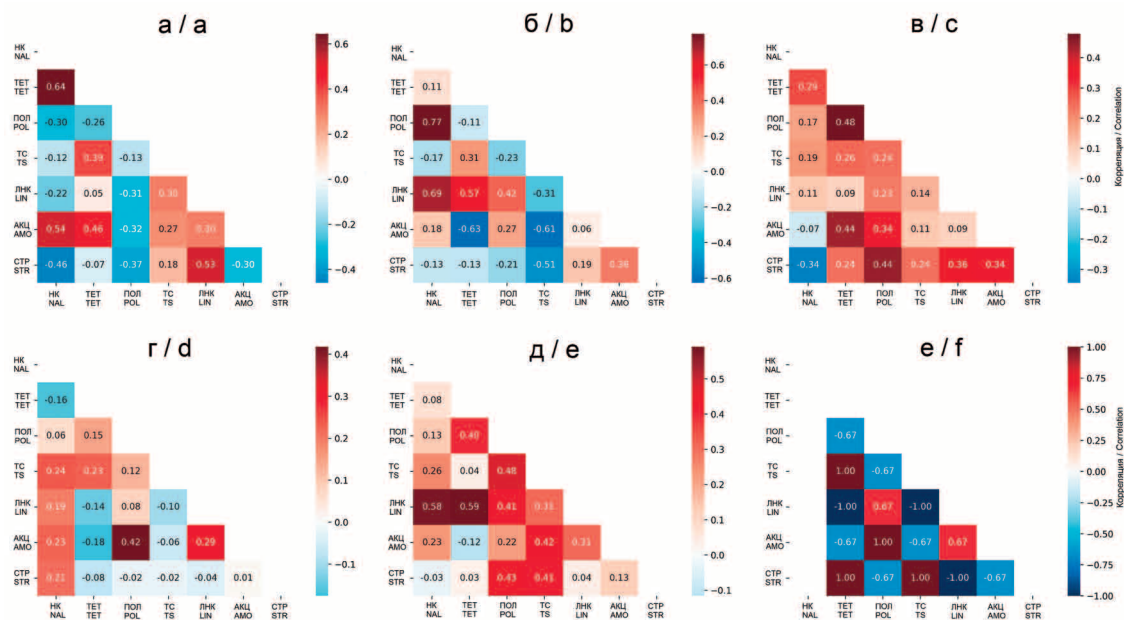


Рис. 2. Корреляции между антибиотиками в почвах различных районов: а – Советский, б – Нолинский, в – Нагорский, г – Мурашинский, д – Котельничский, е – Кирово-Чепецкий
Fig. 2. Correlations between antibiotics in the soils of different districts: а – Sovetskiy, б – Nolinskiy, в – Nagorskiy, д – Murashinskiy, е – Kotelnichskiy, ф – Kirovo-Chepetskiy

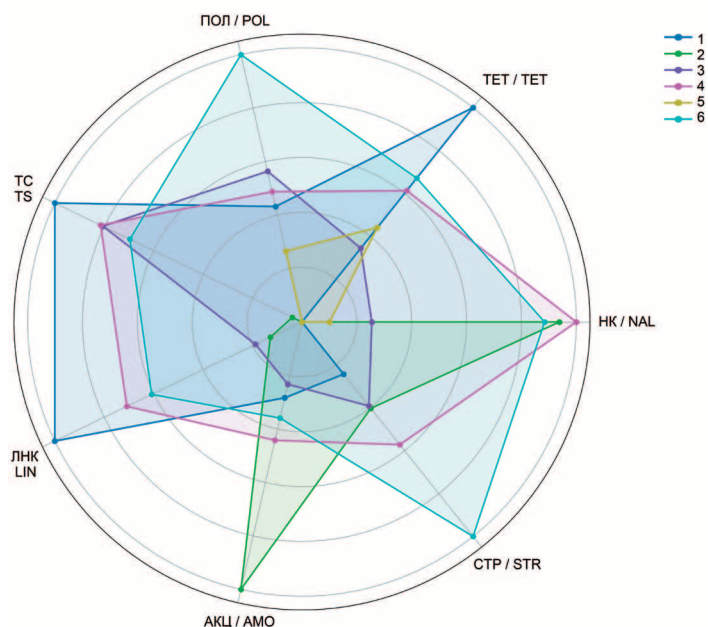


Рис. 3. Сравнение профилей устойчивости к антибиотикам в почвах различных районов: 1 – Кирово-Чепецкий, 2 – Котельничский, 3 – Мурашинский, 4 – Нагорский, 5 – Нолинский, 6 – Советский / **Fig. 3.** Comparison of antibiotic resistance profiles in soils of different districts: 1 – Kirovo-Chepetskiy, 2 – Kotelnichskiy, 3 – Murashinskiy, 4 – Nagorskiy, 5 – Nolinskiy, 6 – Sovetskiy

И. Г. Широких, Н. А. Боков, А. А. Широких, Т. Я. Ашихмина
«Профили антибиотикорезистентности стрептомицетов
из разных почв Вятского Прикамья». С. 183

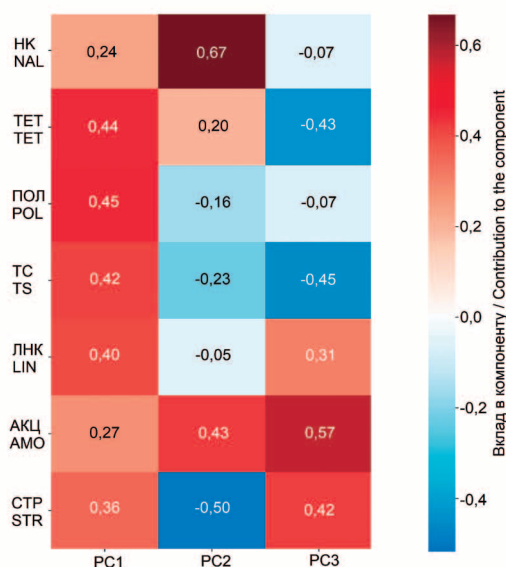


Рис. 4. Матрица вкладов антибиотиков в первые три главные компоненты (PC1, PC2, PC3)
Fig. 4. Matrix of antibiotic contributions to the first three main components (PC1, PC2, PC3)

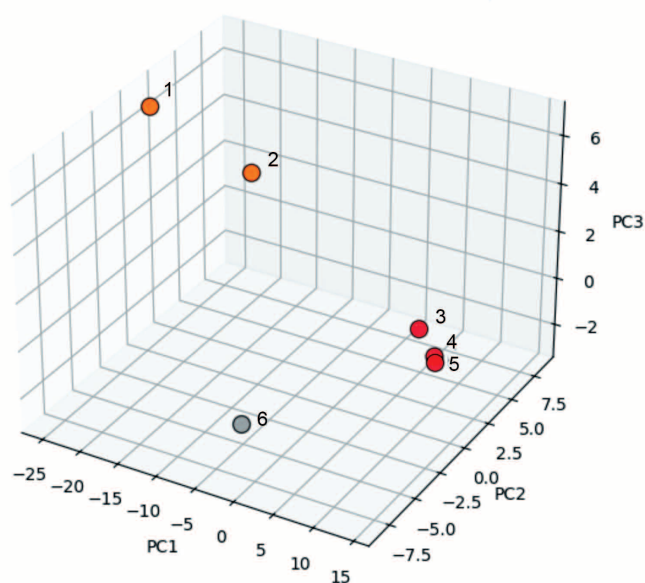


Рис. 5. Ординация районов в пространстве трёх главных осей по паттернам антибиотикостойчивости: 1 – Нолинский, 2 – Котельничский, 3 – Нагорский, 4 – Советский, 5 – Кирово-Чепецкий, 6 – Мурашинский
Fig. 5. Ordination of districts in the space of three main axes according to patterns of antibiotic resistance: 1 – Nolinskiy, 2 – Kotelnichskiy, 3 – Nagorskiy, 4 – Sovetskiy, 5 – Kirovo-Chepetskiy, 6 – Murashinskiy

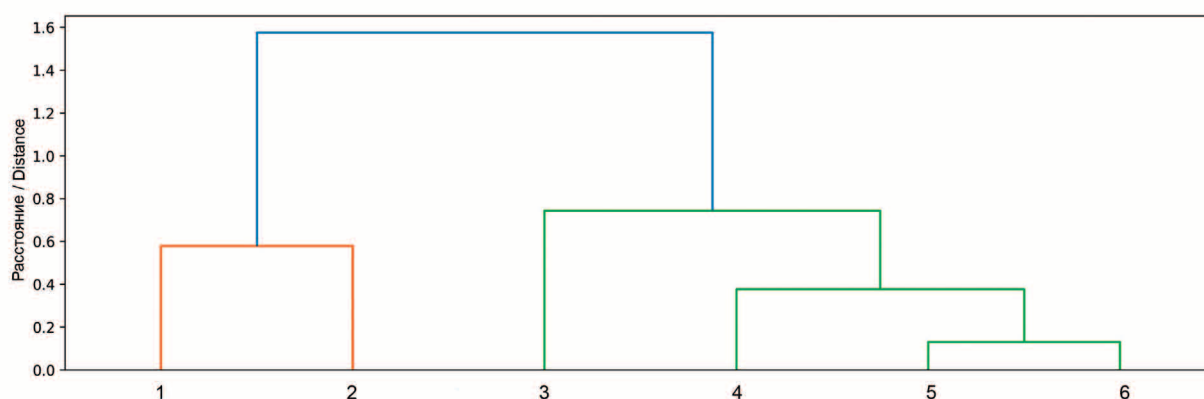


Рис. 6. Дендрограмма сходства между районами по профилям антибиотикорезистентности: 1 – Котельничский, 2 – Нолинский, 3 – Кирово-Чепецкий, 4 – Советский, 5 – Мурашинский, 6 – Нагорский
Fig. 6. Dendrogram of similarity between districts according to antibiotic resistance profiles: 1 – Kotelnichskiy, 2 – Nolinskiy, 3 – Kirovo-Chepetskiy, 4 – Sovetskiy, 5 – Murashinskiy, 6 – Nagorskiy

зовались умеренной встречаемостью штаммов со множественной устойчивостью (50–61 %). Однако в выборках изолятов из техносоли хранилища отходов Кирово-Чепецкого химического комбината и ООПТ «Медведский бор» (Нолинский район) полностью отсутствовали чувствительные к антибиотикам штаммы, что может указывать на селективное давление, которое испытывает почвенный микробиом в этих локациях. Селективное воздействие может быть обусловлено как антропогенной нагрузкой (хранилище отходов химического производства), так и особенностями почв (бедный элементами питания супесчаный подзол «Медведского бора») и связанной с этим микробной конкуренцией.

Комплексный характер различий между профилями антибиотикорезистентности в почвах географически разобщённых районов области был установлен с помощью анализа главных компонент (многомерный дисперсионный анализ). На первые три главные компоненты приходится 69,4 % общей вариации данных (PC1 – 38 %, PC2 – 17,5 %, PC3 – 14,0 %) что свидетельствует о наличии определённой структуры в распределении профилей антибиотикорезистентности.

Вклад в первую главную компоненту всех взятых в исследование антибиотиков (0,24–0,45) положительный, что позволяет интерпретировать её как показатель общей чувствительности штаммов (рис. 4, см. цв. вкладку VIII).

Наибольший вклад в формирование главной компоненты вносят ПОЛ (0,45), ТЕТ (0,44), ТС (0,41) и ЛНК (0,40), что указывает на их ключевую роль в дифференциации штаммов и формировании специфического профиля устойчивости в каждой из исследованных почвенных проб. Во вторую главную компоненту наиболее значителен вклад НК (0,67). Это можно объяснить отличающимся, по сравнению с другими антибиотиками, характером формирования устойчивости у бактерий. С третьей главной компонентой связаны более тонкие различия в антибиотикоустойчивости, возможно специфические реакции отдельных штаммов.

Кластеризация районов отбора почвенных проб в пространстве главных компонент подтвердила значимость различий ($p < 0,05$) антибиотических резистомов в многомерном пространстве (рис. 5, см. цв. вкладку VIII). Это свидетельствует о влиянии на формирование профилей устойчивости географического местоположения.

Иерархический кластерный анализ по профилям антибиотикорезистентности также выявил группы почвенных локаций с близкими профилями антибиотикорезистентности (рис. 6, см. цв. вкладку VIII).

Наиболее близки между собой оказались резистомы почв, сформированных на моренных суглинках в Мурашинском и Нагорском районах, отличающиеся от других исследованных почв самым северным местоположением (59°38'–59°51' с. ш.). На небольшом расстоянии к ним примыкает резистом карбопетрозёма на выходе рифовых известняков в Советском районе. На чуть большей дистанции от трёх первых находится резистом техносоли, формирующейся в Кирово-Чепецком районе в местах хранения отходов химического производства. Отдельный кластер сформировали антибиотические профили двух разных по генезису почв в Нолинском и Котельничском районах, общей особенностью которых является приуроченность к ООПТ – природному заказнику регионального значения «Медведский бор» и ГПЗ «Нургуш». Для этого кластера характерна высокая доля штаммов, устойчивых одновременно к 3–4 антибиотикам (более половины изолятов продемонстрировали ≥ 3 резистентностей). Это свидетельствует, что детерминанты устойчивости к антибиотикам циркулируют в природных почвенных микробиомах и в лесных экосистемах на территории ООПТ, никогда не испытывавших селективного давления антибиотических препаратов. Бактерии естественным путём приобрели защиту от таких антибиотиков, как хинолоны (НК), бета-лактамы (АКЦ), линкомицины (ЛНК) и полипептиды (ПОЛ). Естественно возникающая устойчивость к антибиотикам – обычное явление [10]. Гены резистентности к антибиотикам, как и сами антибиотики, существуют с древних времён [11] и известны в качестве экологического резистома [10]. Эти гены, благодаря мобильным генетическим элементам (плазмиды, транспозоны, интегроны и пр.) могут быть перенесены от почвенных прокариот в геном тех бактерий, которые вызывают заболевания человека и животных.

Заключение

Комплексная статистическая обработка совокупности полученных результатов тестирования 152 культур стрептомицетов на фенотипическую устойчивость к антибиотикам из разных групп и различного механизма действия позволяет считать, что формирование

в почвах локальных антибиотических резистомов значимо определяет сочетание географических и экологических факторов микросреды, обусловленных типом экосистемы. В географическом аспекте наиболее отличными от других исследованных оказались антибиотические профили изолятов из почв северных районов Кировской области – Нагорского и Мурашинского. Обращает на себя внимание также сходство профилей антибиотикорезистентности в молодых формирующихся почвах, контрастных по своему генезису – техносоли на месте хранилища отходов в Кирово-Чепецком районе и карбо-петрозёма (лептосоли) на выходе карбонатных пород в Советском районе. Применённый статистический инструментарий, несмотря на принадлежность этих почв к разным типам экосистем (трансформированной и природной соответственно), позиционирует их антибиотические профили на близком расстоянии друг от друга как в пространстве трёх главных осей, так и на полученной в результате кластерного анализа дендрограмме. Неожиданным оказался установленный факт, что главным источником мицелиальных прокариот со множественной устойчивостью к антибиотикам на обследованной территории являются природные лесные экосистемы (ООПТ «Медведский бор» и «Нургуш»). В то же время, среди полученных из техносоли (в трансформированной экосистеме) изолятов, практически не отмечены чувствительные к антибиотикам.

Практическое значение полученных результатов для экологии и мониторинга заключается в статистически доказанной возможности использования фенотипической устойчивости почвенных стрептомицетов в качестве индикатора антропогенной нагрузки на почву и предиктора географической пространственности детерминант устойчивости к антибиотикам.

Работа выполнена в рамках государственных заданий Федерального аграрного научного центра Северо-Востока имени Н.В. Рудницкого (№ FNWE-2025-0005) и Института биологии ФИЦ Коми НЦ УрО РАН (№ 125021402208-5).

Литература

1. Кунабаева К.К., Байтурсинов Г.А., Лескен Д.С., Оразымбет Н.Ж., Баймуратова Э.Р. Антибиотикорезистентность: глобальная угроза для здравоохранения // Биология и интегративная медицина. 2025. № 2 (74). С. 352–356.

2. Han F.X., Kingery W., Selim H. Accumulation, redistribution, transport and bioavailability of heavy metals in waste-amended soils // Trace Elements in Soil: Bioavailability, Fluxes and Transfer / Eds. I. Iskander, M. Kirkham. Boca Raton, FL: CRC, 2001. P. 141–168.

3. Baker-Austin C., Wright M.S., Stepanauskas R., McArthur J.V. Co-selection of antibiotic and metal resistance // Trends Microbiol. 2006. V. 14. No. 4. P. 176–182. doi: 10.1016/j.tim.2006.02.006

4. Burrige L., Weis J., Cabello F., Pizarro J., Bostick K. Chemical use in salmon aquaculture: a review of current practices and possible environmental effects // Aquaculture. 2010. V. 306. No. 1–4. P. 7–23. doi: 10.1016/j.aquaculture.2010.05.020

5. Sieler C., Berendonk T.U. Heavy metal driven co-selection of antibiotic resistance in soil and water bodies impacted by agriculture and aquaculture // Front. Microbiol. 2012. V. 3. Article No. 399. doi:10.3389/fmicb.2012.00399

6. Chapman J.S. Disinfectant resistance mechanisms, cross-resistance, and co-resistance // International Biodeterioration & Biodegradation. 2003. V. 51. No. 4. P. 271–276. doi: 10.1016/S0964-8305(03)00044-1

7. Osman O., Tanguichi H., Ikeda K., Park P., Tanabe-Hosoi S., Nagata S. Copper-resistant halophilic bacterium isolated from the polluted Maruit Lake, Egypt // J. Appl. Microbiol. 2010. V. 108. No. 4. P. 1459–1470. doi: 10.1111/j.1365-2672.2009.04574.x

8. Knapp C.W., McCluskey S.M., Singh B.K., Campbell C.D., Hudson G., Graham D.W. Antibiotic resistance gene abundances correlate with metal and geochemical conditions in archived Scottish soils // PLoS One. 2011. V. 6 (11). P. e27300. doi: 10.1371/journal.pone.0027300

9. Shirokikh I.G., Gembitskaya E.A., Ashikhmina T.Y. Spread of antibiotic-resistant actinobacteria in soils exposed to various types of anthropogenic impact // Biol. Bull. Russ. Acad. Sci. 2024. V. 51. P. 3146–3153. doi: 10.1134/S1062359024700936

10. Wright G.D. Antibiotic resistance in the environment: a link to the clinic? // Curr. Opin. Microbiol. 2010. V. 13. No. 5. P. 589–594. doi: 10.1016/j.mib.2010.08.005

11. D’Costa V.M., King C.E., Kalan L., Morar M., Sung W.W.L., Schwarz C., Froese D., Zazula G., Calmels F., Debruyne R., Golding G.B., Poinar H.N., Wright G.D. Antibiotic resistance is ancient // Nature. 2011. V. 477. P. 457–461. doi: 10.1038/nature10388

12. Salyers A.A., Amabile-Cuevas C.F. Why are antibiotic resistance genes so resistant to elimination? // Antimicrob. Agents Chemother. 1997. V. 41. No. 11. P. 2321–2325. doi: 10.1128/AAC.41.11.2321

13. Aminov R.I. A brief history of the antibiotic era: lessons learned and challenges for the future // Front. Microbiol. 2010. V. 1. Article No. 134. doi: 10.3389/fmicb.2010.00134

14. D’Costa V.M., McGrann K.M., Hughes D.W., Wright G.D. Sampling the antibiotic resistome //

Science. 2006. V. 311. No. 5759. P. 374–377. doi: 10.1126/science.1120800

15. Allen H.K., Donato J., Wang H.H., Cloud-Hansen K.A., Davies J., Handelsman J. Call of the wild: antibiotic resistance genes in natural environments // Nat. Rev. Microbiol. 2010. V. 8. No. 4. P. 251–259. doi: 10.1038/nrmicro2312

16. Добровольская Т.Г., Головченко А.В., Лысак Л.В., Зенова Г.М. Физикохимия и биология торфа. Методы оценки численности и разнообразия бактериальных и актиномицетных комплексов торфяных почв. Томск: Издательство ТГПУ, 2010. 99 с.

17. Bergeys Manual of Determinative Bacteriology / Eds. J.G. Holt, N.R. Krieg, P.H.A. Sneath, J.T. Staley, S.T. Williams. Philadelphia: Lippincott Williams & Wilkins, 1994. 800 p.

18. Шитиков В.К., Зинченко Т.Д. Многомерный статистический анализ экологических сообществ (обзор) // Теоретическая и прикладная экология. 2019. № 1. С. 5–11. doi: 10.25750/1995-4304-2019-1-005-011

19. Harrington P.B., Vieira N.E., Espinoza J., Nien J.K., Romero R., Yergey A.L. Analysis of variance-principal component analysis: A soft tool for proteomic discovery // Analytica Chimica Acta. 2005. V. 544. No. 1–2. P. 118–127. doi: 10.1016/j.aca.2005.02.042

20. Jansen J.J., Hoefsloot H.C.J., van der Greef J., Timmerman M.E., Westerhuis J.A., Smilde A.K. ASCA: Analysis of multivariate data obtained from an experimental design // J. Chemometrics. 2005. V. 19. P. 469–481. doi: 10.1002/cem.952

21. Xu Y., Fowler S.J., Bayat A., Goodacre R. Chemometrics models for overcoming high between subject variability: applications in clinical metabolic profiling studies // Metabolomics. 2014. V. 10. P. 375–385. doi: 10.1007/s11306-013-0616-8

22. Гордеева Е.И., Филиппов П.Н., Турсунова Н.В., Салмин А.В. Варианты генов *Mycobacterium tuberculosis*, ассоциированные с лекарственной устойчивостью к фторхинолонам (обзор литературы) // Научные результаты биомедицинских исследований. 2024. Т. 10. № 3. С. 324–338. doi: 10.18413/2658-6533-2024-10-3-0-1

References

1. Kunanbayeva K.K., Baitursinov G.A., Lesken D.S., Orazymbet N.Zh., Baymuratova Z.R. Antibiotic resistance: a global public health treat // Biologiya i integrativnaya meditsina. 2025. No. 2 (74). P. 352–356 (in Russian).

2. Han F.X., Kingery W., Selim H. Accumulation, redistribution, transport and bioavailability of heavy metals in waste-amended soils // Trace Elements in Soil: Bioavailability, Fluxes and Transfer / Eds. I. Iskander, M. Kirkham. Boca Raton, FL: CRC, 2001. P. 141–168.

3. Baker-Austin C., Wright M.S., Stepanauskas R., McArthur J.V. Co-selection of antibiotic and metal resistance // Trends Microbiol. 2006. V. 14. No. 4. P. 176–182. doi: 10.1016/j.tim.2006.02.006

4. Burrige L., Weis J., Cabello F., Pizarro J., Bostick K. Chemical use in salmon aquaculture: a review of current practices and possible environmental effects // Aquaculture. 2010. V. 306. No. 1–4. P. 7–23. doi: 10.1016/j.aquaculture.2010.05.020

5. Sieler C., Berendonk T.U. Heavy metal driven co-selection of antibiotic resistance in soil and water bodies impacted by agriculture and aquaculture // Front. Microbiol. 2012. V. 3. Article No. 399. doi:10.3389/fmicb.2012.00399

6. Chapman J.S. Disinfectant resistance mechanisms, cross-resistance, and co-resistance // International Biodeterioration & Biodegradation. 2003. V. 51. No. 4. P. 271–276. doi: 10.1016/S0964-8305(03)00044-1

7. Osman O., Tanguichi H., Ikeda K., Park P., Tanabe-Hosoi S., Nagata S. Copper-resistant halophilic bacterium isolated from the polluted Maruit Lake, Egypt // J. Appl. Microbiol. 2010. V. 108. No. 4. P. 1459–1470. doi: 10.1111/j.1365-2672.2009.04574.x

8. Knapp C.W., McCluskey S.M., Singh B.K., Campbell C.D., Hudson G., Graham D.W. Antibiotic resistance gene abundances correlate with metal and geochemical conditions in archived Scottish soils // PloS One. 2011. V. 6 (11). P. e27300. doi: 10.1371/journal.pone.0027300

9. Shirokikh I.G., Gembitskaya E.A., Ashikhmina T.Y. Spread of antibiotic-resistant actinobacteria in soils exposed to various types of anthropogenic impact // Biol. Bull. Russ. Acad. Sci. 2024. V. 51. P. 3146–3153. doi: 10.1134/S1062359024700936

10. Wright G.D. Antibiotic resistance in the environment: a link to the clinic? // Curr. Opin. Microbiol. 2010. V. 13. No. 5. P. 589–594. doi: 10.1016/j.mib.2010.08.005

11. D’Costa V.M., King C.E., Kalan L., Morar M., Sung W.W.L., Schwarz C., Froese D., Zazula G., Calmels F., Debryne R., Golding G.B., Poinar H.N., Wright G.D. Antibiotic resistance is ancient // Nature. 2011. V. 477. P. 457–461. doi: 10.1038/nature10388

12. Salyers A.A., Amabile-Cuevas C.F. Why are antibiotic resistance genes so resistant to elimination? // Antimicrob. Agents Chemother. 1997. V. 41. No. 11. P. 2321–2325. doi: 10.1128/AAC.41.11.2321

13. Aminov R.I. A brief history of the antibiotic era: lessons learned and challenges for the future // Front. Microbiol. 2010. V. 1. Article No. 134. doi: 10.3389/fmicb.2010.00134

14. D’Costa V.M., McGrann K.M., Hughes D.W., Wright G.D. Sampling the antibiotic resistome // Science. 2006. V. 311. No. 5759. P. 374–377. doi: 10.1126/science.1120800

15. Allen H.K., Donato J., Wang H.H., Cloud-Hansen K.A., Davies J., Handelsman J. Call of the wild: antibiotic resistance genes in natural environments // Nat. Rev. Microbiol. 2010. V. 8. No. 4. P. 251–259. doi: 10.1038/nrmicro2312

16. Dobrovolskaya T.G., Golovchenko A.V., Lysak L.V., Zhenova G.M. Physicochemistry and Biology of Peat. Methods for Estimating the Abundance and Diversity

of Bacterial and Actinomycete Complexes of Peat Soils. Tomsk: Izd-vo Tosmk. Gos. Pedagog. Univ., 2010. 99 p. (in Russian).

17. Bergeys Manual of Determinative Bacteriology / Eds. J.G. Holt, N.R. Krieg, P.H.A. Sneath, J.T. Staley, S.T. Williams. Philadelphia: Lippincott Williams & Wilkins, 1994. 800 p.

18. Shitikov V.K., Zinchenko T.D. Multidimensional statistical analysis of ecological communities (review) // Theoretical and Applied Ecology. 2019. No. 1. P. 5–11 (in Russian). doi: 10.25750/1995-4301-2019-1-005-011

19. Harrington P.B., Vieira N.E., Espinoza J., Nien J.K., Romero R., Yergey A.L. Analysis of variance-principal component analysis: A soft tool for proteomic discovery // Analytica Chimica Acta. 2005. V. 544. No. 1–2. P. 118–127. doi: 10.1016/j.aca.2005.02.042

20. Jansen J.J., Hoefsloot H.C.J., van der Greef J., Timmerman M.E., Westerhuis J.A., Smilde A.K. ASCA: Analysis of multivariate data obtained from an experimental design // J. Chemometrics. 2005. V. 19. P. 469–481. doi: 10.1002/cem.952

21. Xu Y., Fowler S.J., Bayat A., Goodacre R. Chemometrics models for overcoming high between subject variability: applications in clinical metabolic profiling studies // Metabolomics. 2014. V. 10. P. 375–385. doi: 10.1007/s11306-013-0616-8

22. Gordeeva E.I., Filippov P.N., Tursunova N.V., Salmin A.V. *Mycobacterium tuberculosis* gene variants associated with drugresistance to fluoroquinolones (literature review) // Research Results in Biomedicine. 2024. V. 10. No. 3. P. 324–338 (in Russian). doi: 10.18413/2658-6533-2024-10-3-0-1