

УДК 574.3 : 579.62 : 636.52/58

СИНЭКОЛОГИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ МИКРОБИОЦЕНОЗОВ КРУПНЫХ ПТИЦЕВОДЧЕСКИХ ХОЗЯЙСТВ

© 2018 И.В. Соловьева¹, А.Н. Варичев², И.В. Белова¹, А.Г. Точилина¹, Д.Б. Гелашвили²,
Г.И. Григорьева¹, В.А. Жирнов¹, И.Н. Калашников³

¹Федеральное бюджетное учреждение науки
«Нижегородский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии
им. академика И.Н. Блохиной» Федеральной службы по надзору
в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека

²Национальный исследовательский Нижегородский государственный университет
им. Н.И. Лобачевского (ННГУ)

³Приволжский исследовательский медицинский университет
Министерства здравоохранения Российской Федерации, г. Нижний Новгород

Статья поступила в редакцию 09.11.2018

Синэкологический анализ данных, полученных при бактериологических исследованиях микрофлоры кишечника сотрудников птицефабрик и микрофлоры кур, проведенный с использованием классических индексов видового разнообразия и методов многомерной статистики, показал наличие сходства видового состава микрофлоры кур и персонала цехов птицефабрик и выявил наличие 12 общих видов по птицефабрике А и 11 общих видов по птицефабрике В. У кур на разных птицеводческих площадках (А, В, С) были выявлены статистически значимые различия в видовом разнообразии симбиотических микроорганизмов. Значения индекса Коха составило 0,51. Сравнительно низкий уровень сходства видового состава микрофлоры кур объясняется разными условиями содержания птицы (на птицефабриках А и В напольное содержание, на птицефабрике С – клеточное), использованием разных кормов, воды, а также тем, что птицефабрики являются для кур «замкнутой» системой, в которой они находятся в течение всего жизненного цикла. В то же время у сотрудников цехов птицефабрик А и В подобные различия не обнаружены, отмечается довольно высокий уровень сходства видового состава (коэффициент сходства Жаккара - 0,71), объясняющийся тем, что состав микрофлоры кишечника человека (ядро микрофлоры) относительно постоянен, несмотря на влияние различных факторов внешней среды (климат, питание и др). Обращает на себя внимание тот факт, что на всех трех птицефабриках среди кур циркулируют штаммы *Salmonella enteritidis*, в то время как ни у одного сотрудника эти микроорганизмы в составе микрофлоры не обнаружены.

Ключевые слова: микроорганизмы, микрофлора, толстая кишка человека, куры, птицефабрика, синэкологический анализ.

DOI: 10.24411/1990-5378-2018-00117

Отдельные аспекты проблемы циркуляции микроорганизмов в птицеводческих хозяйствах хорошо изучены. В промышленном птицеводстве большое внимание уделяется созданию эпизоотического благополучия, так как высокая концентрация поголовья животных на ограниченной территории неизбежно приводит к увеличению микробного фона на производствен-

ных площадках и окружающих территориях и создает благоприятные условия для быстрого распространения инфекционных заболеваний [1]. Кроме того, внимание направлено на обеспечение охраны здоровья персонала цехов птицефабрик, поскольку спектр эпидемиологически опасных микроорганизмов, персистирующих в кишечнике кур, достаточно широк. Птицы могут

Соловьева Ирина Владленовна, доктор биологических наук, зав. лабораторией микробиома человека и средств его коррекции. E-mail: lab-lb@yandex.ru

Варичев Александр Николаевич, кандидат биологических наук, старший преподаватель кафедры экологии Института биологии и биомедицины. E-mail: alvarichev@gmail.com

Белова Ирина Викторовна, кандидат медицинских наук, ведущий научный сотрудник лаборатории микробиома человека и средств его коррекции. E-mail: lab-lb@yandex.ru

Точилина Анна Георгиевна, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории микробиома человека и средств его коррекции.

E-mail: lab-lb@yandex.ru

Гелашвили Давид Бежанович, доктор биологических наук, зав. кафедрой экологии Института биологии и биомедицины ННГУ. E-mail: ecology@bio.unn.ru

Григорьева Галина Ивановна, доктор биологических наук, заместитель директора по научной работе. E-mail: grigmicro@yandex.ru

Жирнов Владимир Анатольевич, кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории микробиома человека и средств его коррекции. E-mail: lab-lb@yandex.ru

Калашников Илья Николаевич, кандидат биологических наук, доцент кафедры биологии ПИМУ. E-mail: ilia17ne@mail.ru

быть носителями многих зоопатогенных микроорганизмов, вызывающих острую кишечную инфекцию (ОКИ) у людей, таких как *Escherichia coli*, *Citrobacter freundii*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus*, а также эпидемиологически опасной кишечной микрофлоры, среди которых ведущие – *Salmonella enteritidis* (возбудитель сальмонеллеза) и *Campylobacter jejuni* (возбудитель кампилобактериоза) [2]. То есть, изучение микробиоценозов в данном случае является частью мероприятий по созданию эпидемиологического благополучия на птицефабрике, что должно способствовать производству высококачественной продукции, свободной от эпидемиологически опасной условно-патогенной микрофлоры. Однако, экологические особенности синэкологической структуры микробиоценозов в крупных птицеводческих хозяйствах остаются практически неисследованными.

Цель работы: выявление особенностей видовой структуры сообществ микроорганизмов, циркулирующих среди персонала и поголовья птицы в трех крупных птицеводческих хозяйствах Нижегородской области.

В этой работе мы впервые при помощи статистических методов и экологических индексов установили различие в видовом составе сообществ симбиотических микроорганизмов толстой кишки персонала цехов крупных птицеводческих хозяйств и микробиоты кур.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Микробиоценозы изучали с помощью оптимизированного авторами классического бактериологического метода, позволяющего выделить широкий спектр видов микроорганизмов и идентифицировать их с применением время-пролетного MALDI масс-спектрометра Autoflex (Bruker Daltonics, Германия) [3].

Была изучена микрофлора толстой кишки 223 сотрудников трех птицефабрик, непосредственно контактирующих с курами: птичники, работники кормоцехов, сотрудники убойного цеха. Кроме того, исследованы микробиоценозы органов и систем 277 птиц: сердце, селезенка, зоб, желудок, желчный пузырь, тонкая и толстая кишка, яичники, лимфатические узлы, мозг. Всего проведено более 2000 исследований.

Результаты микробиологического исследования (видовая представленность и численность каждого вида микроорганизмов в 1г субстрата) внесены в сформированную ранее базу данных и распределены по 29 группам-показателям, наиболее полно отражающим структуру микробиоценозов человека и животных. Внесенные записи систематизированы и обработаны с помощью созданной нами системы управления базой данных (СУБД) «Автоматизи-

рованная система микробиологического мониторинга микробиоценозов желудочно-кишечного тракта (ЖКТ)» [4].

Статистический анализ полученных результатов проводили с применением статистических критериев Колмогорова-Смирнова и Шапиро-Уилка, а также непараметрических критериев Манна-Уитни и Крускала-Уоллиса. Для расчетов использовали разработанную нами «Автоматизированную систему микробиологического мониторинга микробиоценозов желудочно-кишечного тракта (ЖКТ)» и программу STATISTICA 8.0 (StatSoft) [5,6]. Критическое значение р-уровня принимали равным 0,05 [4,6].

Экологический анализ перестройки видовой структуры (видового богатства и видового разнообразия) сообществ симбиотических микроорганизмов толстой кишки людей и кишечника кур был проведен с применением индексов сходства (Жаккара и Коха), экологических индексов Шеннона, Симпсона, Маргалефа и Пиелу [3, 7].

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

На первом этапе статистического анализа была проведена процедура проверки общей матрицы данных на нормальность распределения с помощью критериев Колмогорова-Смирнова и Шапиро-Уилка. Анализ показал, что данные не подчиняются нормальному распределению. В связи с этим в дальнейшем использовали непараметрические статистические методы [6-8].

Статистический анализ различий в численности представителей кишечной микрофлоры людей, работающих на птицефабриках, был проведен с помощью непараметрического критерия Манна-Уитни. Анализ проводился между сотрудниками, работающими на двух птицефабриках: птицефабрика А и птицефабрика В. В анализ были включены 15 показателей, одновременно встречающихся у людей в двух птицефабриках. Установлено, что статистически значимые различия между двумя исследованными птицефабриками наблюдались по пяти видам микрофлоры кишечника людей: *Lactobacillus spp.*, *Escherichia coli* лактозопозитивная, *E. coli* (всего), *Staphylococcus epidermidis* и *Klebsiella spp.* (табл. 1).

Статистический анализ различий в численности представителей микробиоты кур трех птицефабрик был проведен с помощью непараметрического критерия Крускала-Уоллиса [6,7]. В анализ были включены 9 показателей, одновременно встречающихся у кур на трех птицефабриках. Было установлено, что статистически значимые различия между тремя исследованными птицефабриками наблюдались по шести видам микробиоты кур: *Salmonella spp.*, *Lactobacillus spp.*, *E. coli* (всего), *Staphylococcus epidermidis*, *Klebsiella spp.*, *Enterobacter spp.* (табл. 2).

Таблица 1. Различия в численности видов микроорганизмов микробиоты сотрудников цехов птицефабрик А и В (по критерию Манна-Уитни)

№ п/п	Виды микроорганизмов	Уровень значимости (<i>p</i>)
1	<i>Bifidobacterium spp.</i>	0,053
2	<i>Lactobacillus spp.</i>	0,013
3	<i>Lactococcus spp.</i>	0,803
4	<i>E. coli</i> лактозопозитивные	<0,001
5	<i>E. coli</i> лактозодефективные	0,852
6	<i>E. coli</i> лактозонегативные	0,137
7	<i>E. coli</i> гемолитические (способность к гемолизу как фактор патогенности)	0,930
8	<i>E. coli</i> (всего)	0,043
9	<i>Enterococcus spp.</i>	0,142
10	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	<0,001
11	<i>Staphylococcus aureus</i>	0,123
12	<i>Klebsiella spp.</i>	0,042
13	<i>Citrobacter spp.</i>	0,999
14	<i>Proteus mirabilis</i>	0,999
15	<i>Morganella morganii</i>	0,999
Кол-во статистически значимо различающихся показателей, абс. (%)		5(31)

Таблица 2. Различия в численности видов микроорганизмов микробиоты кур птицефабрик А, В и С (по критерию Крускалла-Уоллиса)

№ п/п	Показатели	Уровень значимости (<i>p</i>)
1	<i>Lactobacillus spp.</i>	0,002
2	<i>E. coli</i> лактозопозитивные	0,060
3	<i>E. coli</i> лактозонегативные	0,142
4	<i>E. coli</i> (всего)	0,033
5	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	<0,001
6	<i>Klebsiella spp.</i>	0,031
7	<i>Enterobacter spp.</i> , <i>Pantoea spp.</i>	0,041
8	<i>Proteus mirabilis</i>	0,999
9	<i>Salmonella spp.</i>	<0,001
Кол-во статистически значимо различающихся показателей, абс. (%)		6 (56)

Таким образом, с применением критерия Крускалла-Уоллиса выявлено наличие статистически значимых различий в численности только определенных видов микроорганизмов.

Для ответа на вопрос о наличии или отсутствии различий в численности симбиотических микроорганизмов толстой кишки сотрудников и

микробиоты кур, относящихся к одной птицефабрике, был проведен статистический анализ парных различий с применением непараметрического критерия Манна-Уитни. В анализ были включены 11 видов симбиотических микроорганизмов, встречающихся одновременно у людей и кур птицефабрики А и 12 видов птицефабрики В.

В ходе анализа в каждой птицефабрике были выявлены виды микроорганизмов, которые статистически значимо различались по численности между сотрудниками и курами (табл. 3).

Экологический анализ перестройки видовой структуры (видового богатства и видового разнообразия) сообществ симбиотических микроорганизмов толстой кишки людей и кишечника кур был проведен с применением индексов сходства (Жаккара и Коха) и экологических индексов Шеннона, Симпсона, Маргалефа и Пиелу [3,7].

На начальном этапе с использованием коэффициента Жаккара (C_j) было проведено изучение сходства в видовом составе микробиоценоза толстой кишки сотрудников птицефабрик А, В. Анализ показал, что у сотрудников коэффициент сходства Жаккара составляет 0,71. Довольно высокий уровень сходства объясняется тем, что состав микробиоценоза кишечника (ядро микробиоты) человека относительно постоянен, несмотря на влияние различных факторов внешней среды (климат, питание и др.) [9].

Аналогичное изучение сходства видового

состава микробиоценоза кур показало, что в этом случае коэффициент сходства Жаккара находится в неперекрывающемся с сотрудниками интервале $0,44 \div 0,61$. С помощью индекса биотической дисперсии Коха (I_k) было оценено сходство видового состава микробиоценоза кишечника кур птицефабрик А, В и С, участвующих в анализе. Значение индекса Коха составило 0,51. Сравнительно низкий уровень сходства видового состава микробиоты кур объясняется разными условиями содержания птицы (на птицефабриках А и В напольное содержание, на птицефабрике С – клеточное), использованием разных кормов, воды, а также тем, что птицефабрики являются для кур «замкнутой» системой, в которой они находятся в течение всего жизненного цикла.

Анализ сходства видового состава микробиоты кур и толстой кишки сотрудников цехов птицефабрик А и В с помощью коэффициента Жаккара (C_j) показал среднюю степень видового сходства (52%; $C_j - 0,52$) между сравниваемыми группами (табл. 4).

Таблица 3. Статистически значимые численности видов микроорганизмов (показатели), выявленные при попарном сравнении видовой структуры микробиоты сотрудников и кур каждой птицефабрики (по критерию Манна-Уитни)

№п/п	Птицефабрики	Виды	Значение р-уровня
1.	Птицефабрика – племенной завод А	<i>Bifidobacterium spp.</i>	<0,001
		<i>Lactobacillus spp.</i>	0,004
		<i>E. coli</i>	0,002
		<i>Enterococcus spp.</i>	<0,001
		<i>E. coli</i> (всего).	0,002
		<i>Proteus mirabilis</i>	<0,001
2.	Птицефабрика В	<i>Lactobacillus spp.</i>	0,001
		<i>Citrobacter spp.</i>	0,009
		<i>E.coli</i> лактозопозитивная	0,002
		<i>Enterobacter spp.</i>	0,003
		<i>Pantoea spp.</i>	0,002
		<i>Klebsiella spp.</i>	0,001

Таблица 4. Сходство видового состава сообществ симбиотических микроорганизмов микробиоты кур и сотрудников цехов птицефабрик А и В, оцениваемое коэффициентом Жаккара

Показатели	Птицефабрика А	Птицефабрика В
Коэффициент Жаккара	0,52	0,52
Число общих видов микроорганизмов	11	12

Синэкологический анализ предполагает анализ видовой структуры сообщества, которая характеризуется не только показателями видового богатства, но и видового разнообразия, учитывающего представленность каждого вида. Левич [10] подчеркивает, что видовая структура представляет собой экологическую «систему отсчета», поскольку именно изменения в численностях видов дают информацию о структуре и функционировании сообщества. Удобной формой свертывания информации о сообществе представляют собой экологические индексы: видового разнообразия Шеннона, доминирования Симпсона, видового богатства Маргалефа и выравнимости Пиелу [10-14] (табл. 5).

Следует подчеркнуть, что во всех птицефабриках, как у кур, так и персонала цехов при увеличении видового разнообразия сообществ симбиотических микроорганизмов, оцениваемого по индексу Шеннона, закономерно снижается доминирование (индекс Симпсона) и возрастает выравнимость (индекс Пиелу) (табл. 5). Эти факты полностью согласуются с основными положениями теоретической экологии.

В табл. 6 показан анализ видового богатства сообществ симбиотических микроорганизмов толстой кишки сотрудников цехов и микробиоты кур птицефабрик. Сравнение видового богатства микробиоты кур птицефабрик А, В и С показало, что в трех исследуемых птицефабриках присутствуют 12 общих видов микроорганизмов: *Escherichia coli* (всего), *Lactobacillus spp.*, *E. coli* (лак+), *Staphylococcus epidermidis*, *Klebsiella spp.*, *Enterobacter spp.*, *Pantoea spp.*, *E. coli* (лак-), ***Salmonella spp (S.enteritidis)***, микроорганизмы группы неферментирующих грамотрицательных бактерий, *Proteus mirabilis*.

Сравнение видового богатства сообществ симбиотических микроорганизмов толстой кишки персонала цехов птицефабрик А, В показало, что в двух сравниваемых группах присутствуют 13 общих видов микроорганизмов: *E.coli* (лак+), *Bifidobacterium spp.*, *Lactobacillus spp.*, *Lactococcus spp.*, *Enterococcus spp.*, *E.coli* (всего), *Citrobacter spp.*, *Staphylococcus epidermidis*, *E.coli* гемолитические (способность к гемолизу как фактор патогенности), *Klebsiella spp.*, *E.coli* (лак-), *Proteus mirabilis*, *E.coli* лактозодефективные, *Staphylococcus aureus*.

Таблица 5. Показатели видовой структуры сообществ симбиотических микроорганизмов толстой кишки сотрудников цехов и микробиоты кур птицефабрик

Показатели	Формула (обозначение)	Куры			Работники	
		Птицефабрика племенной завод А	Птицефабрика В	Птицефабрика С	Птицефабрика - племенной завод А	Птицефабрика В
Общая численность	$N \cdot 10^9$	82,61	0,97	0,042	138,84	176,51
Видовое богатство	S	16	15	14	16	19
Индекс видового разнообразия Шеннона	$H = -\sum_{i=1}^S p_i \cdot \ln p_i$	0,14	0,17	1,39	1,48	1,19
Индекс доминирования Симпсона	$C = \sum_{i=1}^S p_i^2$	0,95	0,94	0,32	0,29	0,47
Индекс видового богатства Маргалефа	$d = \frac{S-1}{\ln N}$	3,40	4,96	4,09	3,04	3,67
Индекс выравнимости Пиелу	$e = H / \ln S$	0,05	0,06	0,53	0,53	0,39

Таблица 6. Сравнительный анализ видового богатства сообществ симбиотических микроорганизмов толстой кишки сотрудников цехов и микробиоты кур птицефабрик

	А	В	С	Общие виды
Куры	16	15	14	10
Персонал цехов	16	19	-	13
Общие виды	12	11	-	

Наличие *Salmonella enteritidis* в микробиоте кур и отсутствие этих микроорганизмов в микробиоценозе толстой кишки персонала можно объяснить тем, что в условиях постоянного инфицирования малыми дозами сальмонелл у работников птицеводческих хозяйств вырабатывается специфические сальмонеллезные антитела в высоких титрах, препятствующие появлению в микробиоте этих бактерий [15].

Сравнение видового богатства сообществ симбиотических микроорганизмов толстой кишки персонала цехов птицефабрики А и микробиоты кур птицефабрики А показало, что в двух сравниваемых группах присутствуют 12 общих видов микроорганизмов: *E.coli* (всего), *Enterococcus spp.*, *Lactobacillus spp.*, *E.coli* (лак+), *Bifidobacterium spp.*, *Staphylococcus epidermidis*, *Klebsiella spp.*, *Staphylococcus aureus*, *E.coli* (лак-), *Proteus mirabilis*, Дрожжевые клетки – дрожжеподобные грибы, не относящиеся к роду *Candida* (*Saccharomyces spp.*, *Kluiveromyces spp.*, *Picchia spp.* и др.), *E.coli* лактозодефективные.

Сравнение видового богатства сообществ симбиотических микроорганизмов толстой кишки персонала цехов птицефабрики В и микробиоты кур птицефабрики В показало, что в двух сравниваемых группах присутствуют 11 общих видов микроорганизмов: *E.coli* (всего), *Enterococcus spp.*, *Lactobacillus spp.*, *E.coli* (лак+), *Bifidobacterium spp.*, *Staphylococcus epidermidis*, *Klebsiella spp.*, *Staphylococcus aureus*, *E.coli* (лак-), *Proteus mirabilis*, *E.coli* лактозодефективные.

Таким образом, проведенный анализ результатов бактериологических исследований, проведенный с помощью общепринятых статистических критериев и экологических индексов, позволил сделать следующие выводы:

ВЫВОДЫ

Выявлены статистически значимые различия в численности видов микроорганизмов микробиоты кишечника сотрудников птицефабрик А, В: *Lactobacillus spp.*, *E. coli* (лак + и всего), *Klebsiella spp.*, *S. epidermidis*; и микробиоты кур птицефабрик А, В, С: *Lactobacillus spp.*, *E. coli* (всего), *Salmonella spp.*, *Klebsiella spp.*, *Enterobacter spp.*, *S. epidermidis*.

В каждой из двух птицефабрик (А, В) выявлены статистически значимые различия в чис-

ленности видов микроорганизмов микробиоты кишечника сотрудников и микробиоты кур.

Анализ сходства в видовом составе микробиоценоза толстой кишки сотрудников птицефабрик А, В показал, что у сотрудников коэффициент сходства Жаккара составляет 0,71. Достаточно высокая степень сходства говорит о том, что состав микробиоценоза кишечника (ядро микробиоты) человека относительно постоянен, несмотря на влияние различных факторов внешней среды (климат, питание и др.).

Анализ сходства в видовом составе микробиоценоза кур птицефабрик А, В установил, что коэффициент сходства Жаккара находится в неперекрывающемся с сотрудниками интервале 0,44÷0,61, оценка сходства в видовом составе микробиоты кур трех птицефабрик А, В, С при помощи индекса биотической дисперсии Коха показала низкий уровень сходства видового состава микробиоты (0,51). Это может объясняться разными условиями содержания птицы (на птицефабриках А и В напольное содержание, на птицефабрике С – клеточное), использованием разных кормов, воды, а также тем, что птицефабрики являются для кур «замкнутой» системой, в которой они находятся в течение всего жизненного цикла.

Анализ сходства видового состава микробиоты кур и толстой кишки сотрудников цехов птицефабрик А и В с помощью коэффициента Жаккара (*C_j*) установил среднюю степень видового сходства (52%; *C_j* -0,52) между сравниваемыми группами.

Синэкологический анализ показал, что во всех птицефабриках, как у кур, так и персонала цехов при увеличении видового разнообразия сообществ симбиотических микроорганизмов, оцениваемого по индексу Шеннона, закономерно снижается доминирование (индекс Симпсона) и возрастает выравненность (индекс Пиелу).

Проведенный анализ видового богатства сообществ симбиотических микроорганизмов микробиоты сотрудников птицефабрик и кур выявил наличие 12 общих видов по птицефабрике А и 11 общих видов по птицефабрике В.

Salmonella enteritidis была выделена только из микробиоты кур на всех птицеводческих площадках.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Поломошнова И.А. Эпизоотическая ситуация по бактериальным заболеваниям кур в Ростовской области // Современные проблемы науки и образования. 2015. №1-1. С.1972.
2. Новикова О.Б., Павлова М.А. Система контроля бактериальных болезней птиц в современных условиях промышленного птицеводства // Инновации в АПК: проблемы и перспективы. 2017. №4 (16). С.153-159.
3. Точилина А.Г., Белова И.В., Соловьева И.В., Жирнов В.А., Иванова Т.П. Критерии оценки состава биоценоза просвета толстой кишки // Справочник заведующего КДЛ. 2016. №8. С.54-78.
4. Соловьева И.В., Гелашвили Д.Б., Белова И.В., Точилина А.Г., Варичев А.Н., Епифанова А.С., Солнцев Л.А. Эндомикроэкология интестинального тракта человека в онтогенезе // Известия Самарского научного центра Российской академии наук. 2017. Т. 19. № 5(2). С.363-372.
5. Свидетельство о государственной регистрации программы №2011614233 от 30.05.2011. (было 10)
6. Реброва О.Ю. Статистический анализ медицинских данных. Применение пакета прикладных программ STATISTICA. М.: МедиаСфера, 2002. 312 с.
7. Гланц С. Медико-биологическая статистика. М.: Практика, 1998. 459 с.
8. Варичев А.Н., Гелашвили Д.Б., Соловьева И.В. Статистический анализ видового состава сообществ симбиотических микроорганизмов биопленки толстого кишечника здоровых и больных людей различных возрастных групп // Вестник Нижегородского университета им. Н.И. Лобачевского. 2010. №2(2). С.383-387.
9. Ситкин С.И., Ткаченко Е.И., Вахитов Т.Я. Филоментаблическое ядро микробиоты кишечника // Альманах клинической медицины. 2015. № 40. С.12-34.
10. Левич А.П. Структура экологических сообществ. М.: Изд-во МГУ, 1980.
11. Мэгарран Э. Экологическое разнообразие и его измерение. М.: Мир, 1992. 184 с.
12. Simpson E.H. Measurement of diversity // Nature. 1949. V. 163. P. 688.
13. Pielou E.C. Ecological Diversity. N.Y.: Gordon & Breach Sci. Publ., 1975. 165 p.
14. Маргалев П. Облик биосферы. М.: Наука, 1992. 254 с.
15. Сергеев В.И., Хасанов Р.Х., Парфенова К.Т. и др. Оценка широты циркуляции сальмонелл среди работников предприятий промышленного птицеводства и мясокомбината по данным серологических исследований в РПГА/ЖМЭИ. 1992. №2. С. 51-54.

SYNECOLOGICAL ANALYSIS OF THE MICROBIOCENOSYS OF LARGE POULTRY FARMS

© 2018 I.V. Soloveva¹, A.N. Varichev², I.V. Belova¹, A.G. Tochilina¹, D.B. Gelashvili², G.I. Grigor'eva¹, V.A. Zhirnov¹, I.N. Kalashnikov³

¹ Blokhina Scientific Research Institute of Epidemiology and Microbiology of Nizhny Novgorod

² Lobachevsky State University, Nizhni Novgorod

³ Privolzhsky Research Medical University, Nizhny Novgorod

Synecological analysis of data obtained from studies of the gut microbiota in chickens and personnel of large scale poultry farms using classical species diversity indices and multidimensional statistics showed the similarity of the microbiota in hens and personnel of poultry farms and revealed 12 common species on the poultry farm A and 11 common species on the poultry farm B. Statistically significant differences in species diversity of symbiotic microorganisms in hens were found on various poultry farms. The value of the Koch index was 0.51. The relatively low level of similarity in the species composition of the microbiota in hens can be explained by poultry management systems (i.e. poultry farms A and B – floor keeping, poultry farm C – cage keeping). Moreover, a poultry farm represents a “closed” system in which the birds are their entire life cycle. At the same time similar differences were not revealed among employees of poultry farms A and B, where a high level of similarity of species composition (Jaccard similarity coefficient – 0,71) was noted due to the fact that the composition of the human gut microbiota (microbiota core) is relatively stable despite the impact of environmental factors (i.e. climate, nutrition etc.). A noteworthy fact is that on all three farms *Salmonella enteritidis* strains have been circulating among birds while these microorganisms were not identified in the microbiota of employees of these farms. Thus, it can be assumed that people do not become infected through direct contact with poultry, but through poultry products from farms.

Keywords: microorganisms, microbiota, human colon, hens, poultry farm, synecological analysis.

DOI: 10.24411/1990-5378-2018-00117

Irina Soloveva, Doctor of Biological Science, Head of the Laboratory of Human Microbiome and Means of its Correction. E-mail: lab-lb@yandex.ru

Alexander Varichev, candidate of Biological Science, Senior Lecturer of the Department of Ecology, Institute of Biology and Biomedicine. E-mail: alvarichev@gmail.com

Irina Belova, candidate of Medical Science, Leading Research Scientist of the Laboratory of Human Microbiome and Means of its Correction.

E-mail: lab-lb@yandex.ru

Anna Tochilina, candidate of Biological Science, Senior Researcher, Laboratory of Human Microbiome and Means of its Correction. E-mail: lab-lb@yandex.ru

David Gelashvili, Doctor of Biological Science, Head of Department of Ecology, Institute of Biology and Biomedicine. E-mail: ecology@bio.unn.ru

Galina Grigor'eva, Doctor of Biological Science, Substitute of the Head of the Scientific Work. E-mail: grigmicro@yandex.ru

Vladimir Zhirnov, Candidate of Biological Science, research Scientist of the Laboratory of Human Microbiome and Means of its Correction.

E-mail: lab-lb@yandex.ru

Iliya Kalashnikov, Candidate of Biological Science, Associate Professor at the Biology Chair.

E-mail: ilia17ne@mail.ru