

© Коллектив авторов, 2023

УДК 579.842.11+579.64

М.В. Кузнецова<sup>1</sup>, Ю.С. Поспелова<sup>2</sup>, В.С. Михайловская<sup>1</sup>

**СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫЕ ЖИВОТНЫЕ И ПТИЦА – РЕЗЕРВУАР ПАТОГЕННЫХ И ПОТЕНЦИАЛЬНО ПАТОГЕННЫХ *ESCHERICHIA COLI*, ПРЕДСТАВЛЯЮЩИХ УГРОЗУ ДЛЯ ЗДОРОВЬЯ ЧЕЛОВЕКА**

<sup>1</sup> «Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН» – филиал ПФИЦ УрО РАН, Пермь, Россия

<sup>2</sup> ООО «Централизованная клинико-диагностическая лаборатория», Пермь, Россия

Колибактериоз является основной инфекционной патологией по количеству случаев заболеваемости и летальности сельскохозяйственных животных и птицы, несмотря на широкое использование современных антибиотиков и вакцин. Многочисленные исследования показали, что природные популяции *E. coli* могут представлять опасность для здоровья людей. Животные признаны основным резервуаром диареогенных *E. coli* (DEC), но вопрос, являются ли они источником патогенных для человека экстраинтестинальных *E. coli* (ExPEC), все еще остается открытым. Внутривидовая гетерогенность *E. coli* опосредована возможностью горизонтального переноса генетических детерминант, ассоциированных с вирулентностью и антибиотикостойчивостью, и отражает высокую степень генетической пластичности и адаптивности бактерий в меняющихся условиях среды обитания возбудителя. В результате появляются гибридные и гетеропатогенные представители, сочетающие комбинации генов, характерные для разных патотипов эшерихий. Наряду с этим, формируется субпопуляция штаммов *E. coli* с фенотипом множественной лекарственной устойчивости (МЛУ). В статье представлены обобщенные результаты изучения биологических свойств и распространенности генетических детерминант патогенности и антибиотикорезистентности штаммов *E. coli*, выделенных от здоровых и больных сельскохозяйственных животных, полученные ранее в ходе выполнения научных проектов. Результаты наших исследований расширяют представления о механизмах адаптации бактерий в окружающей среде и будут способствовать большему пониманию механизмов внутривидового разнообразия *E. coli*. Для практической ветеринарной медицины полученные данные могут служить эпидемиологическим инструментом в планировании и реализации методов профилактики и контроля эшерихиозов сельскохозяйственных животных.

*Ключевые слова:* *Escherichia coli*, сельскохозяйственные животные, колибактериоз, ассоциированные с вирулентностью и антибиотикостойчивостью гены, гетеропатогенные и гибридные патотипы.

---

---

*Kuznetsova M.V.<sup>1</sup>, Pospelova J.S.<sup>2</sup>, Mihailovskaya V.S.<sup>1</sup>*

**FARM ANIMALS AND POULTRY ARE A RESERVOIR OF PATHOGENIC AND POTENTIALLY PATHOGENIC *ESCHERICHIA COLI* THAT POSE A THREAT TO HUMAN HEALTH**

<sup>1</sup> Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Perm, Russia

<sup>2</sup> Centralized Clinical Diagnostic Laboratory LLC, Perm, Russia

Colibacillosis is the main infectious disease in terms of the number of cases of morbidity and mortality of farm animals and poultry, despite the widespread use of modern antibiotics and vaccines. Numerous studies have shown that environmental populations of *E. coli* can pose a danger to human health. Farm animals are the main reservoir of diarrheagenic *E. coli* (DEC), but

the question of whether animals are the source of human extraintestinal pathogenic *E. coli* (ExPEC) is still open. The intraspecies heterogeneity of *E. coli* is due to the horizontal transfer of virulence-associated and antibiotic resistance genes, and reflects the high genetic plasticity and adaptability of bacteria in changing environmental conditions. As a result, hybrid- and hetero-pathogenic strains combining genes of different pathotypes appear. Along with this, multidrug-resistant *E. coli* appear. This article presents the previously obtained results of studying the biological properties, prevalence virulence-associated and antibiotic resistance genes of *E. coli* strains isolated from healthy and sick farm animals. The results of our research expand the knowledge about the mechanisms of bacterial adaptation in the environment and will contribute to a greater understanding of the intraspecies diversity of *E. coli*. For veterinary medicine, the obtained data can be an epidemiological tool for the prevention and control of colibacillosis of farm animals.

*Key words:* *Escherichia coli*, farm animals, colibacillosis, virulence-associated genes, antibiotic-resistance genes, hybrid- and hetero-pathogenic strains.