

© Коллектив авторов, 2025

УДК. 577.29

И.А. Здвижкова¹, Е.В. Иванова¹, М.В. Николенко²,
Д.С. Сивкова², Т.Х. Тимохина²

**СТРУКТУРА РАСПРЕДЕЛЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕТЕРМИНАНТ
ХЕЛАТОРОВ ЖЕЛЕЗА СРЕДИ КИШЕЧНЫХ ШТАММОВ
ЭНТЕРОБАКТЕРИЙ, ИЗОЛИРОВАННЫХ ОТ ЖИТЕЛЕЙ
ОРЕНБУРГСКОЙ И ТЮМЕНСКОЙ ОБЛАСТЕЙ**

¹ Оренбургский федеральный исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук (Институт клеточного и внутриклеточного симбиоза УрО РАН), Оренбург, Россия

² Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования "Тюменский государственный медицинский университет" Министерства здравоохранения Российской Федерации, Тюмень, Россия

Цель. Анализ распределения генетических детерминант хелаторов железа (*clbBN* и *iucBC*) и их комбинаций у культур *Escherichia coli* и *Klebsiella pneumoniae*, изолированных от условно-здоровых жителей Оренбургской и Тюменской областей.

Материалы и методы. Объектами исследования послужили штаммы *Escherichia coli* и *Klebsiella pneumoniae*, изолированные из кишечника условно- здоровых жителей Оренбургской (n=184) и Тюменской областей (n=69). Выявление генетических детерминант хелаторов железа (*clbBN* и *iucBC*) осуществлялось с применением ранее разработанных праймеров к изучаемым генам методом мультиплекс-ПЦР.

Результаты. Анализ штаммов *E. coli* и *K. pneumoniae* на наличие детерминант *clbBN* и *iucBC* позволил установить широкую частоту встречаемости (40,0–82,0 %) штаммов носителей генов аэробактина и/или колибактина и особенности их распределения в популяции условно-патогенных энтеробактерий толстого кишечника у жителей обеих областей. Среди культур *E. coli*, выделенных от жителей Оренбургской области в 2,5-3 раза чаще отмечались штаммы с генами биосинтеза колибактина (*clbBN*) и их комбинации с генами биосинтеза аэробактина (*iucBC*), по сравнению с изолятами из Тюменской области. Напротив, в популяции штаммов *E. coli*, изолированных от жителей Тюменской области преобладали штаммы с генами *iucBC*. Среди штаммов *K. pneumoniae*, в обеих областях, в 25,0-43,0 % случаях регистрировались штаммы с комбинацией генов колибактина и аэробактина, в Тюменской области выявлялись изоляты с генами *iucBC* (15±5,6 %). Большинство штаммов *E. coli* с исследуемыми генетическими детерминантами относились по результатам филогенетического анализа к патотипическим группам B 2 и D.

Заключение. Были получены новые данные о широкой частоте встречаемости генов аэробактина и колибактина (40,0-82,0%) в популяции кишечных энтеробактерий, а также выявлены региональные особенности распределения генов *clbBN* и *iucBC* у штаммов *E. coli* и *K. pneumoniae*. Определение генетических детерминант железосвязывающих соединений у энтеробактерий имеет практическое значение для выявления культур в популяции условно-патогенных энтеробактерий с патогенным потенциалом.

Ключевые слова: энтеробактерии, генетические детерминанты, колибактин, аэробактин, ПЦР, региональные особенности.

I.A. Zdvizhkova¹, E.V. Ivanova¹, M.V. Nikolenko²,
D.S. Sivkova², T.Kh. Timokhina²

STRUCTURE OF DISTRIBUTION OF GENETIC DETERMINANTS OF IRON CHELATORS AMONG INTESTINAL ENTEROBACTERIA STRAINS ISOLATED FROM RESIDENTS OF THE ORENBURG AND TYUMEN REGIONS

¹ Orenburg Federal Research Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences (Institute of Cellular and Intracellular Symbiosis, UrB RAS), Orenburg, Russia

² Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Tyumen State Medical University" of the Ministry of Health of the Russian Federation, Tyumen, Russia

Aim. Analysis of the distribution of genetic determinants of iron chelators (*clbBN* and *iucBC*) and their combinations in *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* cultures isolated from conditionally healthy residents of the Orenburg and Tyumen regions..

Materials and methods. The material for the study was *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* strains isolated from the intestines of conditionally healthy residents of the Orenburg (n=184) and Tyumen regions (n=69). The identification of genetic determinants of iron chelators *clbBN* and *iucBC* was carried out using previously developed primers to the genes under study using the multiplex PCR method.

Results. Analysis of *E. coli* and *K. pneumoniae* strains for the presence of *clbBN* and *iucBC* determinants allowed us to establish a high frequency of occurrence (40.0–82.0%) of strains carrying aerobactin and/or colibactin genes and the features of their distribution in the population of opportunistic enterobacteria of the human colon in residents of both regions. Among *E. coli* cultures isolated from residents of the Orenburg Region, strains with colibactin biosynthesis genes (*clbBN*) and their combinations with aerobactin biosynthesis genes (*iucBC*) were noted 2.5–3 times more often than isolates from the Tyumen Region. On the contrary, in the population of *E. coli* strains isolated from residents of the Tyumen region, strains with *iucBC* genes prevailed. Among the *K. pneumoniae* strains, in both regions, strains with a combination of colibactin and aerobactin genes were registered in 25.0–43.0% of cases; isolates with *iucBC* genes were detected in the Tyumen region (15±5.6%). Most of the *E. coli* strains with the studied genetic determinants belonged to the pathotypic group (B 2 and D) according to the results of phylogenetic analysis.

Conclusion. New data were obtained on the high frequency of occurrence of aerobactin and colibactin genes (40.0–82.0%) in the population of intestinal enterobacteria, and regional features of the distribution of *clbBN* and *iucBC* genes in *E. coli* and *K. pneumoniae* strains were revealed. Determination of genetic determinants of iron-binding compounds in enterobacteria is of practical importance for identifying cultures in the population of opportunistic enterobacteria with pathogenic potential.

Keywords: enterobacteria, genetic determinants, colibactin, aerobactin, PCR, regional features.