

DOI: 10.21055/0370-1069-2026-2-62-69

УДК 579.842.11(470)

Е.Ю. Агафонова, Е.А. Нарышкина, Н.А. Шарапова, А.В. Федоров, М.В. Проскурякова,
Н.Е. Щербакова, А.В. Осин

Уточнение систематического положения представителя рода *Escherichia*, выделенного из почвы

Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб», Саратов, Российская Федерация

Цель работы – изучение фенотипических и генетических свойств *Escherichia marmotae* и филогенетических взаимоотношений с ранее описанными штаммами данного вида. **Материалы и методы.** Культуры микроорганизмов выращивали на агаре LB при 37 °С. Определяли биохимическую (API 20 E), каталазную, оксидазную и гемолитическую активность. Оценку чувствительности к антимикробным препаратам проводили диско-диффузионным методом. Подтверждение видовой идентификации осуществляли методом MALDI-TOF MS. На платформе MGI выполняли полногеномное секвенирование и последующий SNP-анализ. **Результаты и обсуждение.** Исследуемый штамм имеет следующие характеристики: грамотрицательные короткие слабоподвижные палочки; на среде Эндо формирует мелкие, ярко-малиновые с металлическим блеском колонии, на кровяном агаре – γ-гемолиз; оксидазоотрицательный, каталазоположительный. В геноме присутствует ряд важных маркеров, определяющих патогенность: сидерофоры, фактор вирулентности *virK*, фимбрии I типа, *yad*-фимбрии, амилоидные белки *curli*, гены системы секреции 3-го типа. Выявлена фенотипическая резистентность к цефксиму, имипенему, гентамицину, тобрамицину, амикацину. Генетически штамм наиболее близок к изоляту, выделенному в Китае в 2012 г., и не имеет близкого родства со штаммами, выделенными на территории РФ в 2021 г. Филогеномный анализ штаммов *E. marmotae* показал дисперсную структуру изолятов различного происхождения, без четких закономерностей относительно географического происхождения или принадлежности к определенным видам животных. Таким образом, штаммы вида *E. marmotae* являются практически неотличимыми по фенотипическим признакам от *Escherichia coli*. Надежная идентификация штаммов *E. marmotae* возможна с помощью MALDI-TOF MS, секвенирования 16S рРНК или полного генома.

Ключевые слова: *Escherichia* spp., *Escherichia marmotae*, идентификация, свойства штаммов.

Корреспондирующий автор: Агафонова Елена Юрьевна, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

Для цитирования: Агафонова Е.Ю., Нарышкина Е.А., Шарапова Н.А., Федоров А.В., Проскурякова М.В., Щербакова Н.Е., Осин А.В. Уточнение систематического положения представителя рода *Escherichia*, выделенного из почвы. Проблемы особо опасных инфекций. 2026; 2:62–69. DOI: 10.21055/0370-1069-2026-2-62-69

Поступила 14.10.2025. Отправлена на доработку 08.12.2025. Принята к публикации 18.12.2025.

E.Yu. Agafonova, E.A. Naryshkina, N.A. Sharapova, A.V. Fedorov, M.V. Proskuryakova,
N.E. Shcherbakova, A.V. Osin

Clarification of the Systematic Position of a Representative of the Genus *Escherichia* Isolated from Soil

Russian Research Anti-Plague Institute “Microbe”, Saratov, Russian Federation

Abstract. The aim of the work was to investigate the phenotypic and genetic properties of *Escherichia marmotae* and its phylogenetic relationships with previously described strains of this species. **Materials and methods.** Microorganism cultures were grown on LB agar at 37 °C. Biochemical (API 20 E), catalase, oxidase, and hemolytic activities were determined. Antibiotic susceptibility was assessed using the disk diffusion method. Species identification was established applying the MALDI-TOF MS method. Whole genome sequencing was performed on the MGI platform with subsequent SNP analysis. **Results and discussion.** The strain under study has the following characteristics: gram-negative short, weakly motile rods; small, bright crimson colonies with a metallic sheen are formed on Endo medium, on blood agar – γ-hemolysis; oxidase-negative, catalase-positive. The genome contains a number of important markers that determine pathogenicity: siderophores, the virulence factor *virK*, type I fimbriae, *yad* fimbriae, *curli* amyloid proteins, and type III secretion system genes. Phenotypic resistance to cefixime, imipenem, gentamicin, tobramycin, and amikacin has been identified. Genetically, the strain is most closely related to the isolate obtained in China in 2012 and is not closely related to strains isolated in the Russian Federation in 2021. Phylogenomic analysis of *E. marmotae* strains revealed a dispersed structure of isolates of various origins, with no clear patterns regarding geographic origin or affiliation with specific animal species. Thus, strains of the *E. marmotae* species are virtually indistinguishable from *Escherichia coli* based on phenotypic characteristics. Reliable identification of *E. marmotae* strains is possible using MALDI-TOF MS, 16S rRNA sequencing, or whole genome sequencing.

Key words: *Escherichia* spp., *Escherichia marmotae*, identification, strain properties.

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

Funding: The authors declare no additional financial support for this study.

Corresponding author: Elena Yu. Agafonova, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

Citation: Agafonova E.Yu., Naryshkina E.A., Sharapova N.A., Fedorov A.V., Proskuryakova M.V., Shcherbakova N.E., Osin A.V. Clarification of the Systematic Position of a Representative of the Genus *Escherichia* Isolated from Soil. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2026; 2:62–69. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2026-2-62-69

Received 14.10.2025. Revised 08.12.2025. Accepted 18.12.2025.

Agafonova E.Yu., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9988-6312>
Naryshkina E.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9190-099X>
Sharapova N.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5289-7783>
Fedorov A.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7190-4427>

Proskuryakova M.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7171-855X>
Shcherbakova N.E., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3261-6128>
Osin A.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5308-0022>

Род *Escherichia* является одним из клинически значимых, относится к семейству *Enterobacteriaceae* и включает следующие виды: *Escherichia coli*, *E. hermannii*, *E. vulneris*, *E. fergusonii*, *E. albertii*, *E. marmotae*, *E. ruyssiae* [1, 2]. Представители данного рода представлены как непатогенными штаммами (*E. coli* K-12, *E. coli* ATCC 25922, *E. coli* Nissle 1917, *E. coli* ATCC 700728), так и изолятами с различным патогенным потенциалом для человека и животных (EPEC, EAgEC, EIEC, EHEC, AIEC, APEC, *E. fergusonii*, *E. albertii*) [3–5].

В 2015 г. был описан новый вид *E. marmotae*, выделенный из фекалий гималайского сурка (*Marmota himalayana*) на Цинхай-Тибетском нагорье (Китай) в ходе национального надзора за чумой [6], который изначально относили к «криптической кладе *Escherichia* V» (*Escherichia* cryptic clade V) и считали микроорганизмами с низким патогенным потенциалом [1, 7, 8]. В 2020 г. сообщается, что *E. marmotae* выделена из фекалий коров [9], в 2022 г. – от здоровых кур на птицеводческой ферме на юго-востоке Англии [10]. Также в международной базе данных GenBank имеется информация о депонированных последовательностях изолятов, выделенных из диафрагмы кабана, наружного слухового прохода и молока собак, а также из образцов пресной воды ниже по течению от очистных сооружений в Великобритании. В 2022 г. норвежские исследователи описали четыре случая инфекции у людей, вызванных *E. marmotae*, которые были определены как внебольничные случаи заражения, в 2025 г. чешские ученые опубликовали данные о случае выделения у 64-летнего мужчины, проходившего химиотерапию по поводу рака мочевого пузыря, который был госпитализирован с фебрильной нейтропенией [1, 11].

На территории Российской Федерации штаммы *E. marmotae* были выделены в 2021 г. в Нижегородской области от рыжей полевки (*Myodes glareolus*) [12] и в Архангельской области (о. Гукера) из фекалий песца (*Vulpes lagopus*) [13].

Уже описанные штаммы *E. marmotae* несут в геноме маркеры факторов патогенности, такие как термостабильный энтеротоксин *astA*, иерсинезный эффектор системы секреции 3-го типа (T3SS), а также общие для патогенных эшерихий гены [8, 12, 14]. Наличие обширного набора различных генов патогенности, а также возможность вызывать инфекции у человека позволяют рассматривать данный вид как новый патоген, требующий углубленного изучения и пристального внимания. Стоит отметить, что особенности циркуляции, экологии, геномного разнообразия штаммов *E. marmotae* изучены недостаточно.

В фонде Государственной коллекции патогенных бактерий ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора хранятся штаммы эшерихий, выделенные из различных источников в достаточно широкий временной промежуток (1917–2000 гг.) и идентифицированные с помощью классических микробиологических методов. При актуализации паспортных данных штаммов и применении современных методов исследования и анализа в коллекции был выявлен штамм *E. marmotae*, идентифицированный изначально как *E. coli*.

Таким образом, целью данной работы было изучение фенотипических и генетических свойств *Escherichia marmotae* и филогенетических взаимоотношений с ранее описанными штаммами данного вида.

Материалы и методы

Бактериологические методы. Культура хранилась в лиофилизированном состоянии в Государственной коллекции патогенных бактерий ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора. Штамм культивировали на агаре LB (HiMedia, Индия), pH 7,2, среде Эндо (ФБУН ГНЦ ПМБ Роспотребнадзора, Россия) при температуре 37 °C в течение 24 часов. Биохимические свойства определяли с использованием тестов микробъемной идентификации API 20 E (BioMérieux, Франция) в соответствии с инструкцией производителя. Учет результатов выполняли с помощью сервиса APIWEB™ [15]. Каталазную активность определяли с использованием 3% перекиси водорода, оксидазная активность оценивалась с помощью тест-полосок OXItest (Erba LaChema, Чехия).

Гемолитическую активность оценивали на агаре LB (HiMedia, Индия) с добавлением 5% дефибрированной бараньей крови. Штаммы культивировали при 37 °C с последующей оценкой гемолиза (альфа-, бета-, гамма-гемолиз) через 24 и 48 часов.

Оценку антибиотикочувствительности проводили диско-диффузионным методом согласно МУК 4.2.1890-04 «Определение чувствительности микроорганизмов к антибактериальным препаратам». В работе использовали диски (HiMedia Laboratories Pvt. Ltd, Индия; Liofilchem srl, Италия), содержащие следующие антибиотики: ампициллин (20 мкг), амоксициллин/клавуланат (20/10 мкг), цефазолин (30 мкг), цефаклор (30 мкг), цефуоксим (30 мкг), цефокситин (30 мкг), цефоперазон (75 мкг), цефотаксим (30 мкг), цефтриаксон (30 мкг), цефтазидим (30 мкг), цефиксим (5 мкг), цефепим (30 мкг),

азтреонам (30 мкг), имипенем (10 мкг), меропенем (10 мкг), канамицин (30 мкг), гентамицин (10 мкг), тобрамицин (10 мкг), нетилмицин (30 мкг), амикацин (30 мкг), налидиксовая кислота (30 мкг), норфлоксацин (10 мкг), пefлоксацин (5 мкг), офлоксацин (5 мкг), ципрофлоксацин (5 мкг), ломефлоксацин (10 мкг), левофлоксацин (5 мкг), тетрациклин (30 мкг), доксициклин (30 мкг), хлорамфеникол (30 мкг), ко-тримоксазол (1,25/23,75 мкг).

MALDI-TOF MS. Видовую идентификацию микроорганизмов выполняли с использованием системы MALDI Biotyper (Bruker, Германия). Подготовку образцов осуществляли согласно руководству пользователя [16].

Молекулярно-генетические методы. Выделение и очистку геномной ДНК проводили из бактериальной суспензии с использованием коммерческого набора EasyPure® Genomic DNA Kit (TransGen Biotech Co. Ltd, Китай) в соответствии с инструкцией производителя. Предварительно исследуемый материал обрабатывали согласно МУ 1.3.2569-09 «Организация работы лабораторий, использующих методы амплификации нуклеиновых кислот при работе с материалом, содержащим микроорганизмы I–IV групп патогенности».

Полногеномное секвенирование исследуемых штаммов осуществляли на платформе MGI (DNBSEQ-G50RS, Китай) с использованием наборов для пробоподготовки (MGIEasy FS DNA Library Prep Set) и секвенирования ДНК (DNBSEQ-G50 High-throughput Sequencing Set, PE150). Контроль качества полученных прочтений проводили в программе fastp v.0.24.0 [17], de novo сборку осуществляли с помощью алгоритма unicycler v.0.4.7 [18]. Аннотирование полученных контигов выполняли с использованием ресурса RAST [19]. Поиск генов, связанных с антибиотикорезистентностью, проводили с помощью биоинформационной базы данных генов резистентности The Comprehensive Antibiotic Resistance Database [20].

Филогенетический анализ. Последовательно геномы исследуемых штаммов выравнивали с помощью программы snippy [21], в качестве референса использовали штамм HT073016. Полученные коровые SNP применяли для построения филогенетического дерева, для этого использовали алгоритм iqtree [22]. Дерево визуализировали с помощью онлайн-сервиса iTOL [23].

Результаты и обсуждение

Исследуемый штамм *E. coli* M-597 был выбран для исследования при проведении периодической ревизии коллекционных штаммов, хранящихся в Государственной коллекции патогенных бактерий Российского противочумного института «Микроб», с целью уточнения их систематического положения, биохимических свойств, а также генетических характеристик. Согласно паспортным данным штамм

был изолирован из почвы норы даурского суслика в Забайкальском крае вблизи села Соктуй-Милозан в 1979 г. и отнесен к виду *E. coli*.

При исследовании описаны следующие свойства. Клетки отрицательно окрашивались по Граму, были слабо подвижны. На агаре LB культура формировала небольшие выпуклые колонии бежевого цвета, на среде Эндо – мелкие малиновые с металлическим блеском колонии, на кровяном агаре отмечался гамма-гемолиз. Штамм проявлял положительную каталазную и отрицательную оксидазную активность. По биохимическому профилю штамм соотносился с видом *E. coli* (профиль идентичности – 99,9 %). Следующие биохимические реакции были положительными: β-галактозидаза, лизиндекарбоксилаза, продукция индола, лактоза, глюкоза (окисление и ферментация), маннит, сорбит, рамноза, мелибиоза, арабиноза, продукция NO₂. Аргинингидролаза, орнитиндекарбоксилаза, утилизация цитрата, продукция сероводорода, уреазы, триптофандеаминазы, реакция Фогеса – Проскауэра, разжижение желатина, инозит, сахароза, амигдалин были отрицательными. MALDI-TOF-масс-спектрометрия определила данный штамм также как *E. coli* (score 2,20). Секвенирование полного генома позволило со 100% вероятностью отнести исследуемый штамм к виду *E. marmotae*.

В структуре генома исследуемого штамма были обнаружены детерминанты, привлекающие внимание к нему как к потенциальному патогену:

- гены сидерофоров энтеро- и аэробактериального оперонов, которые являются одним из компонентов вирулентности различных патогенных микроорганизмов человека, животных и растений [12, 13];

- ген термостабильного энтеротоксина (EAST-1) *astA*, продукт которого активирует аденилатциклазу, вызывает повышение уровня цГМФ и способствует последующему развитию водянистой диареи [6, 13];

- ген *cvpA*, продукт которого связан с секрецией колицина V и необходим для успешной колонизации кишечника. Данный генетический маркер обнаружен в геноме различных кишечных патогенов (EHEC, *E. fergusonii*, *E. albertii*, *E. ruysiae*, *V. cholerae*, *V. parahaemolyticus*). У энтерогеморрагических кишечных палочек белок CvpA необходим для устойчивости к дезоксихолату желчных кислот [24];

- генетический маркер фактора вирулентности *virK*, который впервые был идентифицирован в штаммах *Shigella flexneri* как фактор, необходимый для эффективного взаимодействия с клетками хозяина. Гомологи данного гена позже были обнаружены у *Salmonella enterica* subsp. *enterica* ser. *Typhimurium*, *Campylobacter jejuni*. В штаммах *E. coli* белок VirK отвечает за цитотоксические эффекты [25];

- оперон фимбрий I типа (*fimBEICDFGH*), является ключевым фактором UPEC и необходим для адгезии к клеткам эпителия мочевыводящих путей. Также гены фимбрий участвуют в прогрессировании и ускорении инфекционного процесса [26]. Гены

Yad-фимбрий, которые, как и фимбрии I типа, чаще определяются у UPEC, участвуют в связывании с клетками мочевого пузыря и ЖКТ, образовании биопленок. Yad-фимбрии модулируют экспрессию различных генов, включая гены системы секреции 3-го типа (T3SS) и шига-токсин ЕНЕС. Фимбриальные адгезины ЕСР связаны с развитием биопленки на ранней стадии инфекционного процесса. Пили IV типа – поверхностные клеточные структуры, ответственные у многих кишечных патогенов за прикрепление к эпителиальным клеткам различных внутренних органов. Также пили способствуют аутоагрегации через контакт пили-пили и играют важную роль в формировании биопленок [27];

– гены ворсинок амилоидо-подобного белка (curli) (*csgGFEDBAC*) экспрессируют белки, которые связывают белки межклеточного матрикса (фибронектин и ламинин), облегчают внутриклеточное проникновение бактерий. Являются одним из важных факторов формирования биопленок и основным белковым компонентом внеклеточного матрикса [12, 26].

Отмечено наличие генов, входящих в системы секреции 3-го и 6-го типов (T3SS и T6SS), ответ-

ственных за формирование пор в клетках хозяина и апоптоз, синтез эффекторных белков соответственно [14].

Генетические особенности исследуемого штамма *E. marmotae* M-597 не исключают наличия существенного патогенного потенциала, связанного с наличием различных факторов патогенности, инвазии, адгезии. Полученные данные соотносятся с литературными источниками [11, 12, 14] в том, что *E. marmotae* может быть внекишечным и потенциально инвазивным патогеном (как, например, экстраинтестинальные кишечные палочки, ExPEC), требующим особого внимания и пристального изучения.

Антибиотикочувствительность. Чувствительность исследуемого штамма изучена по отношению к 20 антибиотикам различных групп. Резистентность выявлена к цефиксиму (цефалоспорины), имипенему (карбапенемы), гентамицину, тобрамицину, амикацину (аминогликозиды) (табл. 1). Фенотипическая устойчивость к исследуемым антибиотикам, возможно, связана с наличием следующих генов: *marA*, *kpnF*, *kpnE*, *tolC*, *acrA*, *acrB*, *H-NS*, *acrS*, *acrF*, *ampC*, *soxS*, *soxR* (резистентность к цефалоспорином); *marA*, *tolC*, *soxS* (резистентность

Таблица 1 / Table 1

Результаты антибиотикочувствительности штамма *E. marmotae* M-597
Antibiotic susceptibility test results for *E. marmotae* strain M-597

Класс антибиотиков Antibiotic class	Антибиотики Antibiotics	Диаметр зон подавления роста, мм Diameter of growth inhibition zones, mm	Интерпретация Interpretation
1	2	3	4
Пенициллины Penicillins	Ампициллин / Ampicillin	21	Ч / S
	Амоксициллин/клавуланат Amoxicillin/clavulanate	17	П / I
Цефалоспорины Cephalosporins	Цефазолин / Cefazolin	17	П / I
	Цефаклор / Cefaclor	15	П / I
	Цефуросим / Cefuroxime	23	Ч / S
	Цефокситин / Cefoxitin	16	П / I
	Цефоперазон / Cefoperazone	25	Ч / S
	Цефотаксим / Cefotaxime	25	Ч / S
	Цефтриаксон / Ceftriaxone	27	Ч / S
	Цефтазидим / Ceftazidime	23	Ч / S
	Цефиксим / Cefixime	11	P / R
Монобактамы Monobactams	Цефепим / Cefepime	27	Ч / S
	Азтреонам / Aztreons	25	Ч / S
Карбапенемы Karbapenems	Имипенем / Imipenem	6	P / R
	Меропенем / Meropenem	22	Ч / S
Аминогликозиды Aminoglycosides	Канамицин / Kanamycin	15	П / I
	Гентамицин / Gentamicin	11	P / R
	Тобрамицин / Tobramycin	11	P / R
	Нетилмицин / Netilmicin	17	Ч / S
	Амикацин / Amikacin	14	P / R
Хинолоны Quinolones	Налидиксовая кислота / Nalidixic acid	23	Ч / S
Фторхинолоны Fluorquinolones	Норфлоксацин / Norfloxacin	25	Ч / S
	Пефлоксацин / Pefloxacin	22	Ч / S
	Офлоксацин / Ofloxacin	26	Ч / S
	Ципрофлоксацин / Ciprofloxacin	30	Ч / S
	Ломефлоксацин / Lomefloxacin	22	Ч / S
	Левифлоксацин / Levofloxacin	25	Ч / S

Окончание табл. 1 / Ending of the table 1

1	2	2	4
Тетрациклин Tetracyclins	Тетрациклин / Tetracycline	20	Ч / S
	Доксициклин / Doxycycline	23	Ч / S
Амфениколы Amphenicols	Хлорамфеникол / Chloramphenicol	25	Ч / S
Сульфаниламиды Sulfonamides	Ко-тримоксазол / Co-trimoxazole	26	Ч / S

Примечание: Ч – чувствительный, Р – резистентный, П – промежуточная чувствительность.

Note: S – sensitive, R – resistant, I – intermediate sensitivity.

к карбапенемам); *acrD*, *kpnF*, *kpnE*, *kdpE*, *tolC*, *baeR* (резистентность к аминогликозидам); *marA*, *CRP*, *tolC*, *acrA*, *acrB*, *H-NS*, *acrE*, *acrF*, *mdtE*, *mdtF*, *ampC*, *soxS*, *soxR* (резистентность к пенициллинам). У ранее описанных штаммов *E. marmotae*, выделенных на территории РФ, также отмечалась резистентность к ампициллину, гентамицину (16guk) и тобрамицину (М-12).

Филогенетический анализ. Геном *E. marmotae* М-597 имеет наибольшее сходство с геномом штамма HT073016, выделенного в Китае (Цинхай-Тибетское нагорье) в 2012 г. из фекалий монгольского сурка (табл. 2, рисунок).

С учетом того факта, что штамм М-597 был выделен в Забайкальском крае, имеющем общие границы с Китаем и Монголией, можно сделать предположение, что штаммы данных территорий достаточно близки в генетическом плане. При этом нет близкого родства со штаммами, выделенными на территории Российской Федерации в 2021 г. (16guk и М-12). Среди штаммов, изолированных в разных странах, не прослеживается закономерностей в формировании групп по географической приуроченности или принадлежности к отдельным видам животных-хозяев. Отмечена филогенетическая гетерогенность и среди штаммов, выделенных от людей, что также не позво-

Таблица 2 / Table 2

Штаммы *E. marmotae*, использованные в исследованииStrains of *E. marmotae* used for the study

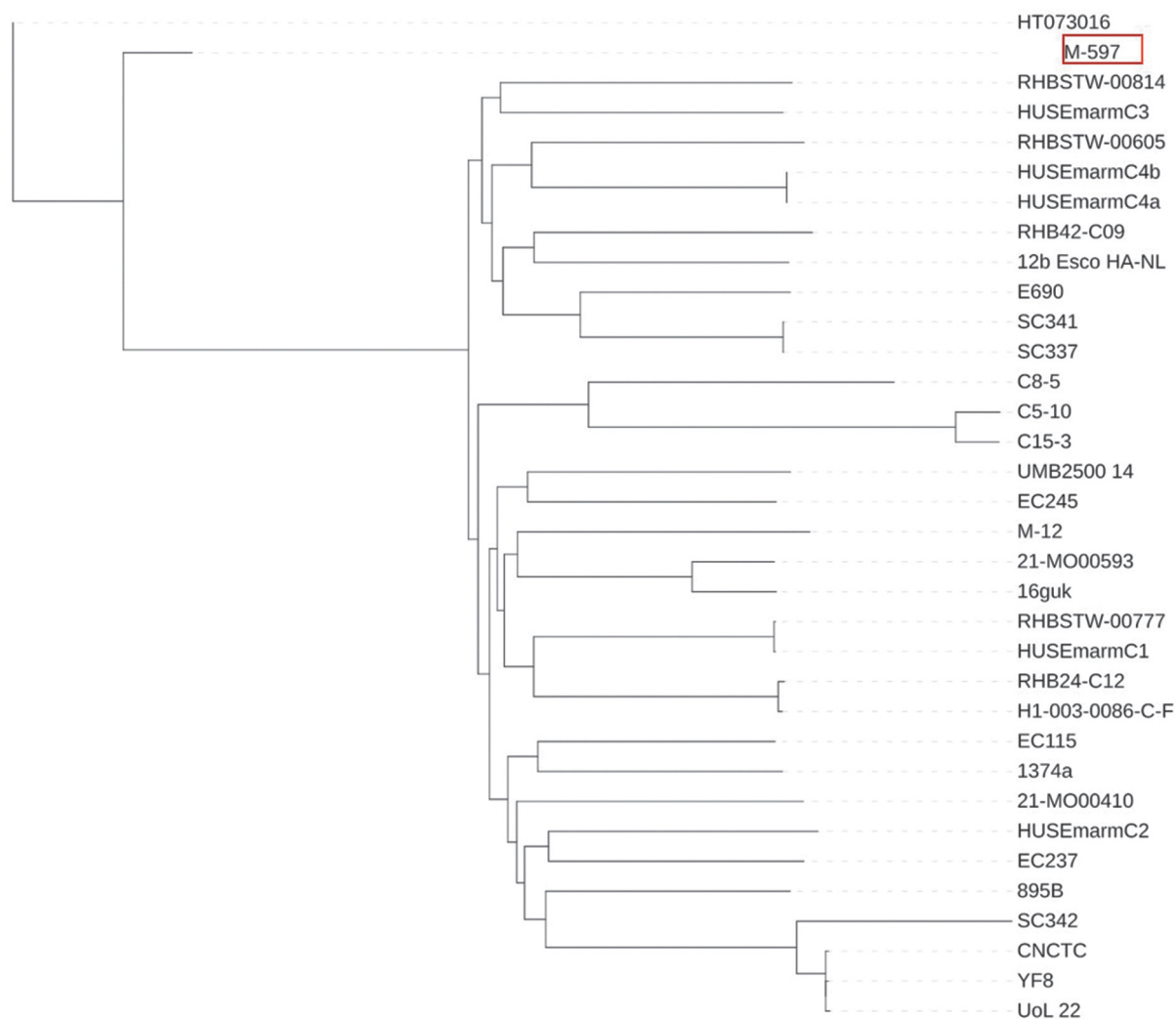
Штамм Strain	Место, год выделения Site, year of isolation	Источник Source	Номер доступа Access number
1	2	3	4
HT073016	Китай / China 2012	Фекалии / Feces of <i>Marmotae himalayana</i>	GCF_000807695.1
М-12	Российская Федерация / Russian Federation 2021	Легкие / Lungs of <i>Myodes glareolus</i>	GCA_029102925.1
16guk		Фекалии / Feces of <i>Vulpes lagopus</i>	JAXOTS000000000
YF8	Австралия / Australia 2001	Ректальный мазок собаки / Rectal swab of a dog	GCA_029962465.1
HUSEmarmC1	Норвегия / Norway 2021	Спондилит / Spondylodiscitis	GCF_916400015.1
HUSEmarmC2		Моча / Urine	GCF_916397085.1
HUSEmarmC3			GCF_916398445.1
HUSEmarmC4a		Кровь / Blood	GCF_916401145.1
HUSEmarmC4b		Гной / Pus	GCF_916401445.1
CNCTC 8131	Чехия / Czech Republic 2022	Кровь / Blood	GCA_037055335.1
UMB2500_14	США / USA н/д / n/d	Человек / Human	GCA_011751205.1
12_Esco_HA-NL	Нидерланды / Netherlands 2012	Ректальный мазок / Rectal swab	GCA_002573245.1
EC245	Италия / Italy 2017	Диафрагма кабана / Wild boar diaphragm	GCA_014330995.1
EC237			GCF_014331035.1
EC115			GCF_014331505.1
1374a	Австралия / Australia 2018	Двухполосный зуек / <i>Charadrius bicinctus</i>	GCF_014332865.1
UoL_22	Великобритания / United Kingdom 2018	Моча кошки / Cat urine	GCF_014878825.1
E690	Испания / Spain 2016	Ректальный мазок / Rectal swab	GCF_013363435.1
RHB42-C09	Великобритания / United Kingdom 2017	Фекалии овец / Sheep feces	GCF_013636045.1
RHB24-C12			GCF_013636235.1
C8-5	Великобритания / United Kingdom 2018	Фекалии цыплят / Chicken feces	GCF_019841255.1
C15-3			GCF_019840275.1
C5-10			GCF_019841305.1

Окончание табл. 2 / Ending of the table 2

1	2	3	4
SC342	США / USA 2005	Вода / Water	GCA_003358435.1
SC341		Вода / Water	GCA_003358465.1
SC337		Вода / Water	GCA_003358535.1
21-MO00593	Германия / Germany 2020	Кабан / Wild boar	GCA_031194835.1
21-MO00410	Германия / Germany 2016		GCA_031194645.1
RHBSTW-00814	Великобритания / United Kingdom 2017	Вода / Water	GCA_013732895.1
RHBSTW-00777		Вода / Water	GCA_013745515.1
RHBSTW-00605		Вода / Water	GCA_013746655.1
895B	Франция / France 2018	Ректальный мазок / Rectal swab	GCA_900499915.1
H1-003-0086-C-F	Франция / France н/д / n/d	Кровь / Blood	GCA_902709585.2
M-597	СССР / USSR 1979	Почва норы даурского суслика Soil of the Daurian ground squirrel burrow	micr029357*

Примечания: * номер доступа в VGARUS; н/д – нет данных.

Notes: * the access number in VGARUS; n/d – no data.



Филогенетическое дерево взаимоотношений различных изолятов *E. marmotae*, построенное на основе коровых SNP. Исследуемый штамм M-597 – в красной рамке

Phylogenetic tree of relationships between different *E. marmotae* isolates, constructed based on core SNPs. The studied strain M-597 is in the red frame

ляет определить линию возбудителя, ответственно за клинические случаи. В целом можно сказать, что филогеномный анализ штаммов *E. marmotae* показал дисперсную филогенетическую структуру среди изолятов разного происхождения.

Вид *E. marmotae* является фенотипически неотличимым от штаммов *E. coli*, и можно предположить, что существует значительное количество неverified случаев инфекции у людей, связанных с данным микроорганизмом. Надежная идентификация штаммов *E. marmotae* возможна с помощью MALDI-TOF MS, но соответствующие спектры могут отсутствовать в коммерческих базах данных. Также достоверно определить видовую принадлежность *E. marmotae* можно с помощью секвенирования 16S рРНК или полногеномного секвенирования.

Благодаря детальным исследованиям с использованием высокодискриминационных методов обнаружения/типирования делаются попытки установить геномные особенности и функции вида *E. marmotae* и, что еще важнее, понять контекст, в котором изоляты данного вида распространяются не только как комменсалы, но и как потенциальные оппортунистические патогены.

Таким образом, изучение экологии, географического распространения, особенностей геномного разнообразия и филогенетических связей с другими представителями рода *Escherichia*, а также совершенствование методов индикации/идентификации помогут развитию мониторинга за новым потенциальным возбудителем.

Конфликт интересов. Авторы подтверждают отсутствие конфликта финансовых/нефинансовых интересов, связанных с написанием статьи.

Финансирование. Авторы заявляют об отсутствии дополнительного финансирования при проведении данного исследования.

Список литературы

- Chmel M., Ježek P., Šafránková R., Ileninová Z., Vlasatá V., Mališová L. *Escherichia marmotae*: a multidrug-resistant opportunistic human pathogen – first clinical isolation in the Czech Republic. *Folia Microbiol. (Praha)*. 2025. DOI: 10.1007/s12223-025-01267-3.
- Воробьев А.А., Быков А.С., редакторы. Атлас по медицинской микробиологии, вирусологии и иммунологии: Учеб. пособие для студентов медицинских вузов. М.: Медицинское информационное агентство; 2003. С. 43–4.
- Allocati N., Masulli M., Alexeyev M.F., Di Ilio C. *Escherichia coli* in Europe: an overview. *Int. J. Environ. Res. Public Health*. 2013; 10(12):6235–54. DOI: 10.3390/ijerph10126235.
- Gomes T.A.T., Ooka T., Hernandez R.T., Yamamoto D., Hayashi T. *Escherichia albertii* pathogenesis. *EcoSal. Plus*. 2020; 9(1):10.1128/ecosalplus.ESP-0015-2019. DOI: 10.1128/ecosalplus.ESP-0015-2019.
- Shah A., Alam S., Kabir M., Fazal S., Khurshid A., Iqbal A., Khan M.M., Khan W., Qayyum A., Hussain M., El Askary A., Gharib A.F., Elesawy B.H., Bibi Y. Migratory birds as the vehicle of transmission of multi drug resistant extended spectrum β -lactamase producing *Escherichia fergusonii*, an emerging zoonotic pathogen. *Saudi J. Biol. Sci.* 2022; 29(5):3167–76. DOI: 10.1016/j.sjbs.2022.01.057.
- Liu S., Jin D., Lan R., Wang Y., Meng Q., Dai H., Lu S., Hu S., Xu J. *Escherichia marmotae* sp. nov., isolated from faeces of *Marmota himalayana*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2015; 65(7):2130–4. DOI: 10.1099/ijss.0.000228.
- Denamur E., Clermont O., Bonacorsi S., Gordon D. The population genetics of pathogenic *Escherichia coli*. *Nat. Rev. Microbiol.* 2021; 19(1):37–54. DOI: 10.1038/s41579-020-0416-x.
- Walk S.T., Alm E.W., Gordon D.M., Ram J.L., Toranzos G.A., Tiedje J.M., Whittam T.S. Cryptic lineages of the genus *Escherichia*. *Appl. Environ. Microbiol.* 2009; 75(20):6534–44. DOI: 10.1128/AEM.01262-09.
- Ocejo M., Tello M., Oporto B., Lavín J.L., Hurtado A. Draft genome sequence of *Escherichia marmotae* E690, isolated from beef cattle. *Microbiol. Resour. Announc.* 2020; 9(32):e00739-20. DOI: 10.1128/MRA.00739-20.
- Thomson N.M., Gilroy R., Getino M., Foster-Nyarko E., van Vliet A.H.M., La Ragione R.M., Pallen M.J. Remarkable genomic diversity among *Escherichia* isolates recovered from healthy chickens. *PeerJ*. 2022; 10:e12935. DOI: 10.7717/peerj.12935.
- Sivertsen A., Dyrhovden R., Tellevik M.G., Bruvold T.S., Nybakken E., Skutlberg D.H., Skarstein I., Kommedal Ø. *Escherichia marmotae* – a human pathogen easily misidentified as *Escherichia coli*. *Microbiol. Spectr.* 2022; 10(2):e0203521. DOI: 10.1128/spectrum.02035-21.
- Zhurilov P.A., Andriyanov P.A., Tutrina A.I., Razheva I.V., Liskova E.A., Gladkova N.A., Kashina D.D., Yashin I.V., Blokhin A.A. Characterization and comparative analysis of the *Escherichia marmotae* M-12 isolate from bank vole (*Myodes glareolus*). *Sci. Rep.* 2023; 13(1):13949. DOI: 10.1038/s41598-023-41223-0.
- Асланов Б.И., Гончаров А.Е., Колодziejewa B.B., Азаров Д.В. Первая находка эмерджентного патогена *Escherichia marmotae* в Арктике. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2024; 23(5):50–5. DOI: 10.31631/2073-3046-2024-23-5-50-55.
- Liu S., Feng J., Pu J., Xu X., Lu S., Yang J., Wang Y., Jin D., Du X., Meng X., Luo X., Sun H., Xiong Y., Ye C., Lan R., Xu J. Genomic and molecular characterisation of *Escherichia marmotae* from wild rodents in Qinghai-Tibet plateau as a potential pathogen. *Sci. Rep.* 2019; 9(1):10619. DOI: 10.1038/s41598-019-46831-3.
- APIWEB™. [Электронный ресурс]. URL: <https://apiweb.biomerieux.com/> (дата обращения: 13.02.2025).
- MALDI Biotyper 3.0. User Manual. Revision 1, January 2011. Bruker Daltonics GmbH.
- Chen S., Zhou Y., Chen Y., Gu J. fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor. *Bioinformatics*. 2018; 34(17):i884-i890. DOI: 10.1093/bioinformatics/bty560.
- Wick R.R., Judd L.M., Gorrie C.L., Holt K.E. Unicycler: Resolving bacterial genome assemblies from short and long sequencing reads. *PLoS Comput. Biol.* 2017; 13(6):e1005595. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1005595.
- RAST Server. [Электронный ресурс]. URL: <http://rast.nmpdr.org> (дата обращения: 10.03.2025).
- The Comprehensive Antibiotic Resistance Database. [Электронный ресурс]. URL: <https://card.mcmaster.ca/home> (дата обращения: 10.03.2025).
- GitHub. [Электронный ресурс]. URL: <https://github.com/tseemann/snippy> (дата обращения: 01.07.2025).
- Minh B.Q., Schmidt H.A., Chernomor O., Schrempf D., Woodhams M.D., von Haeseler A., Lanfear R. IQ-TREE 2: new models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. *Mol. Biol. Evol.* 2020; 37(5):1530–4. DOI: 10.1093/molbev/msaa015.
- Letunic I., Bork P. Interactive Tree Of Life (iTOL) v5: an online tool for phylogenetic tree display and annotation. *Nucleic Acids Res.* 2021; 49(W1):W293–W296. DOI: 10.1093/nar/gkab301.
- Warr A.R., Giorgio R.T., Waldor M.K. Genetic analysis of the role of the conserved inner membrane protein CvpA in EHEC resistance to deoxycholate. *J. Bacteriol.* 2020; 203(6):e00661-20. DOI: 10.1128/JB.00661-20.
- Detweiler C.S., Monack D.M., Brodsky I.E., Mathew H., Falkow S. *virK*, *somA* and *rcsC* are important for systemic *Salmonella enterica* serovar Typhimurium infection and cationic peptide resistance. *Mol. Microbiol.* 2003; 48(2):385–400. DOI: 10.1046/j.1365-2958.2003.03455.x.
- Vega-Hernández R., Ochoa S.A., Valle-Rios R., Jaimes-Ortega G.A., Arellano-Galindo J., Aparicio-Ozores G., Ibarra J.A., Hernández-Castro R., Cruz-Córdova A., Xicohtencatl-Cortes J. Flagella, type I fimbriae and curli of uropathogenic *Escherichia coli* promote the release of proinflammatory cytokines in a coculture system. *Microorganisms*. 2021; 9(11):2233. DOI: 10.3390/microorganisms9112233.
- Croxen M.A., Finlay B.B. Molecular mechanisms of *Escherichia coli* pathogenicity. *Nat. Rev. Microbiol.* 2010; 8(1):26–38. DOI: 10.1038/nrmicro2265.

References

- Chmel M., Ježek P., Šafránková R., Ileninová Z., Vlasatá V., Mališová L. *Escherichia marmotae*: a multidrug-resistant opportunistic human pathogen – first clinical isolation in the Czech Republic. *Folia Microbiol. (Praha)*. 2025. DOI: 10.1007/s12223-025-01267-3.
- Vorobiev A.A., Bykov A.S., editors. [Atlas of Medical Microbiology, Virology, and Immunology: Textbook for Students of Medical Universities]. Moscow: Medical Information Agency; 2003. P. 43–4.

3. Allocati N., Masulli M., Alexeyev M.F., Di Ilio C. *Escherichia coli* in Europe: an overview. *Int. J. Environ. Res. Public Health*. 2013; 10(12):6235–54. DOI: 10.3390/ijerph10126235.
4. Gomes T.A.T., Ooka T., Hernandez R.T., Yamamoto D., Hayashi T. *Escherichia albertii* pathogenesis. *EcoSal. Plus*. 2020; 9(1):10.1128/ecosalplus.ESP-0015-2019. DOI: 10.1128/ecosalplus.ESP-0015-2019.
5. Shah A., Alam S., Kabir M., Fazal S., Khurshid A., Iqbal A., Khan M.M., Khan W., Qayyum A., Hussain M., El Askary A., Gharib A.F., Elesawy B.H., Bibi Y. Migratory birds as the vehicle of transmission of multi drug resistant extended spectrum β -lactamase producing *Escherichia fergusonii*, an emerging zoonotic pathogen. *Saudi J. Biol. Sci.* 2022; 29(5):3167–76. DOI: 10.1016/j.sjbs.2022.01.057.
6. Liu S., Jin D., Lan R., Wang Y., Meng Q., Dai H., Lu S., Hu S., Xu J. *Escherichia marmotae* sp. nov., isolated from faeces of *Marmota himalayana*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2015; 65(7):2130–4. DOI: 10.1099/ijss.0.000228.
7. Denamur E., Clermont O., Bonacorsi S., Gordon D. The population genetics of pathogenic *Escherichia coli*. *Nat. Rev. Microbiol.* 2021; 19(1):37–54. DOI: 10.1038/s41579-020-0416-x.
8. Walk S.T., Alm E.W., Gordon D.M., Ram J.L., Toranzos G.A., Tiedje J.M., Whittam T.S. Cryptic lineages of the genus *Escherichia*. *Appl. Environ. Microbiol.* 2009; 75(20):6534–44. DOI: 10.1128/AEM.01262-09.
9. Oejo M., Tello M., Oporto B., Lavin J.L., Hurtado A. Draft genome sequence of *Escherichia marmotae* E690, isolated from beef cattle. *Microbiol. Resour. Announc.* 2020; 9(32):e00739-20. DOI: 10.1128/MRA.00739-20.
10. Thomson N.M., Gilroy R., Getino M., Foster-Nyarko E., van Vliet A.H.M., La Ragione R.M., Pallen M.J. Remarkable genomic diversity among *Escherichia* isolates recovered from healthy chickens. *PeerJ*. 2022; 10:e12935. DOI: 10.7717/peerj.12935.
11. Sivertsen A., Dyrhøvdén R., Tellevis M.G., Bruvold T.S., Nybakken E., Skutlaberg D.H., Skarstein I., Kommedal Ø. *Escherichia marmotae* – a human pathogen easily misidentified as *Escherichia coli*. *Microbiol. Spectr.* 2022; 10(2):e0203521. DOI: 10.1128/spectrum.02035-21.
12. Zhurilov P.A., Andriyanov P.A., Tutrina A.I., Razheva I.V., Liskova E.A., Gladkova N.A., Kashina D.D., Yashin I.V., Blokhin A.A. Characterization and comparative analysis of the *Escherichia marmotae* M-12 isolate from bank vole (*Myodes glareolus*). *Sci. Rep.* 2023; 13(1):13949. DOI: 10.1038/s41598-023-41223-0.
13. Aslanov B.I., Goncharov A.E., Kolodzhieva V.V., Azarov D.V. [First findings of the emerging pathogen *Escherichia marmotae* in the Arctic]. *Epidemiologiya i Vaktsinoprofilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2024; 23(5):50–5. DOI: 10.1631/2073-3046-2024-23-5-50-55.
14. Liu S., Feng J., Pu J., Xu X., Lu S., Yang J., Wang Y., Jin D., Du X., Meng X., Luo X., Sun H., Xiong Y., Ye C., Lan R., Xu J. Genomic and molecular characterisation of *Escherichia marmotae* from wild rodents in Qinghai-Tibet plateau as a potential pathogen. *Sci. Rep.* 2019; 9(1):10619. DOI: 10.1038/s41598-019-46831-3.
15. APIWEB™. (Cited 13 Feb 2025). [Internet]. Available from: <https://apiweb.biomerieux.com/>.
16. MALDI Biotyper 3.0. User Manual. Revision 1, January 2011. Bruker Daltonics GmbH.
17. Chen S., Zhou Y., Chen Y., Gu J. fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor. *Bioinformatics*. 2018; 34(17):i884–i890. DOI: 10.1093/bioinformatics/bty560.
18. Wick R.R., Judd L.M., Gorrie C.L., Holt K.E. Unicycler: Resolving bacterial genome assemblies from short and long sequencing reads. *PLoS Comput. Biol.* 2017; 13(6):e1005595. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1005595.
19. RAST Server. (Cited 10 March 2025). [Internet]. Available from: <http://rast.nmpdr.org>.
20. The Comprehensive Antibiotic Resistance Database. (Cited 10 March 2025). [Internet]. Available from: <https://card.mcmaster.ca/home>.
21. GitHub. (Cited 01 July 2025). [Internet]. Available from: <https://github.com/tseemann/snippy>.
22. Minh B.Q., Schmidt H.A., Chernomor O., Schrempf D., Woodhams M.D., von Haeseler A., Lanfear R. IQ-TREE 2: new models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. *Mol. Biol. Evol.* 2020; 37(5):1530–4. DOI: 10.1093/molbev/msaa015.
23. Letunic I., Bork P. Interactive Tree Of Life (iTOL) v5: an online tool for phylogenetic tree display and annotation. *Nucleic Acids Res.* 2021; 49(W1):W293–W296. DOI: 10.1093/nar/gkab301.
24. Warr A.R., Giorgio R.T., Waldor M.K. Genetic analysis of the role of the conserved inner membrane protein CvpA in EHEC resistance to deoxycholate. *J. Bacteriol.* 2020; 203(6):e00661-20. DOI: 10.1128/JB.00661-20.
25. Detweiler C.S., Monack D.M., Brodsky I.E., Mathew H., Falkow S. *virK*, *somA* and *rcsC* are important for systemic *Salmonella enterica* serovar Typhimurium infection and cationic peptide resistance. *Mol. Microbiol.* 2003; 48(2):385–400. DOI: 10.1046/j.1365-2958.2003.03455.x.
26. Vega-Hernández R., Ochoa S.A., Valle-Rios R., Jaimes-Ortega G.A., Arellano-Galindo J., Aparicio-Ozores G., Ibarra J.A., Hernández-Castro R., Cruz-Córdova A., Xicohtencatl-Cortés J. Flagella, type I fimbriae and curli of uropathogenic *Escherichia coli* promote the release of proinflammatory cytokines in a coculture system. *Microorganisms*. 2021; 9(11):2233. DOI: 10.3390/microorganisms9112233.
27. Croxen M.A., Finlay B.B. Molecular mechanisms of *Escherichia coli* pathogenicity. *Nat. Rev. Microbiol.* 2010; 8(1):26–38. DOI: 10.1038/nrmicro2265.

Authors:

Agafonova E.Yu., Naryshkina E.A., Sharapova N.A., Fedorov A.V., Proskuryakova M.V., Shcherbakova N.E., Osin A.V. Russian Research Anti-Plague Institute “Microbe”. 46, Universitetskaya St., Saratov, 410005, Russian Federation. E-mail: rusrapi@microbe.ru.

Об авторах:

Агафонова Е.Ю., Нарышкина Е.А., Шаропова Н.А., Федоров А.В., Проскурякова М.В., Щербакова Н.Е., Осин А.В. Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб». Российская Федерация, 410005, Саратов, ул. Университетская, 46. E-mail: rusrapi@microbe.ru.