

А.Н. Панин
А.В. Моторыгин
Н.С. Абросимова
З.Х. Межиева
О.В. Прасолова ✉
М.Г. Маноян

Всероссийский государственный
 центр качества и стандартизации
 лекарственных средств для животных
 и кормов, Москва, Россия

✉ o.prasolova@vgnki.ru

Поступила в редакцию: 06.11.2025

Одобрена после рецензирования: 11.11.2025

Принята к публикации: 26.11.2025

© Панин А.Н., Моторыгин А.В.,
 Абросимова Н.С., Межиева З.Х.,
 Прасолова О.В., Маноян М.Г.

Alexander N. Panin
Anton V. Motorygin
Nadezhda S. Abrosimova
Zarina K. Mezhieva
Olga V. Prasolova ✉
Marina G. Manoyan

The Russian State Center for Animal
 Feed and Drug Standardization and
 Quality, Moscow, Russia

✉ o.prasolova@vgnki.ru

Received by the editorial office: 06.11.2025

Accepted in revised: 11.11.2025

Accepted for publication: 26.11.2025

© Panin A.N., Motorygin A.V.,
 Abrosimova N.S., Mezhieva Z.K.,
 Prasolova O.V., Manoyan M.G.

Определение вида *Escherichia coli*: проблемы таксономии и филогении

РЕЗЮМЕ

Escherichia coli является компонентом нормальной кишечной микробиоты человека и животных. Фенотипические и генотипические характеристики позволяют идентифицировать патогенные штаммы *E. coli*. Многочисленные патотипы, представляющие собой группы штаммов со специфическими патогенными характеристиками, были описаны на основе гетерогенных критериев. Использование возможностей полногеномного секвенирования привело к накоплению геномных данных, которые делают возможным популяционно-филогенетический подход к возникновению вирулентности, таким образом, *E. coli* дополнительно можно классифицировать на филогенетические группы. При анализе литературных данных установлено, что непатогенные *E. coli*, обитающие в желудочно-кишечном тракте животных, относятся к группе А, комменсальные и некоторые патогенные штаммы относятся к группе В1, InPEC — к группам D1, D2 и Е, большинство ExPEC относятся к группе В2, а штаммы, которые фенотипически неразличимы и генетически разнообразны, относятся к кладу I. Появляющиеся штаммы *E. coli* с множественной лекарственной устойчивостью сложнее поддаются лечению и обуславливают более высокий риск бактериемии. Для эффективной профилактики и лечения инфекций, этиологическим агентом которых является *E. coli*, необходимо различать штаммы (патотипы, филогенетические группы) микроорганизма, вызывающие заболевания у животных, и штаммы, которые поражают человека через пищевую цепь, поскольку животные являются их резервуаром. Для разработки и внедрения эффективных профилактических стратегий необходимо лучшее понимание современной таксономии возбудителя, а также прослеживание геномной эволюции для формирования фундаментальных знаний с целью разработки не только эффективных вакцин, но и новых терапевтических средств для борьбы с этой группой разнообразных патогенов в рамках подхода «Единое здоровье».

Ключевые слова: *Escherichia coli*, эволюция, таксономия, филогения, классификация, патогенность, факторы вирулентности

Для цитирования: Панин А.Н., Моторыгин А.В., Абросимова Н.С., Межиева З.Х., Прасолова О.В., Маноян М.Г. Определение вида *Escherichia coli*: проблемы таксономии и филогении. *Аграрная наука*. 2025; 401 (12): 22–27.
<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-401-12-22-27>

Definition of the species *Escherichia coli*: problems of taxonomy and phylogeny

ABSTRACT

Escherichia coli is a component of the normal intestinal microbiota of humans and animals. Phenotypic and genotypic characteristics allow the identification of pathogenic *E. coli* strains. Numerous pathotypes, representing groups of strains with specific pathogenic characteristics, have been described based on heterogeneous criteria. The use of whole-genome sequencing has led to the accumulation of genomic data that enable a population-phylogenetic approach to the emergence of virulence, thus allowing *E. coli* to be further classified into phylogenetic groups. An analysis of the literature data revealed that non-pathogenic *E. coli* living in the gastrointestinal tract of animals belong to group A, commensal and some pathogenic strains belong to group B1, InPEC belong to groups D1, D2 and E, most ExPEC belong to group B2, and strains that are phenotypically indistinguishable and genetically diverse, belong to Clade I. Emerging multidrug-resistant *E. coli* strains are more difficult to treat and pose a higher risk of bacteremia. Effective prevention and treatment of *E. coli* infections requires distinguishing between strains (pathotypes, phylogenetic groups) of the microorganism that cause disease in animals and strains that infect humans through the food chain, as animals serve as their reservoir. The development and implementation of effective preventive strategies requires a better understanding of the current taxonomy of the pathogen, as well as tracing its genomic evolution to generate fundamental knowledge for the development of not only effective vaccines but also new therapeutics to combat this diverse group of pathogens within the framework of a One Health approach.

Key words: *Escherichia coli*, evolution, taxonomy, phylogeny, classification, pathogenicity, virulence factors

For citation: Panin A.N., Motorygin A.V., Abrosimova N.S., Mezhieva Z.K., Prasolova O.V., Manoyan M.G. Definition of the species *Escherichia coli*: problems of taxonomy and phylogeny. *Agrarian science*. 2025; 401 (12): 22–27 (in Russian).
<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-401-12-22-27>

Введение/Introduction

Первоначально выделенная *E. coli* была обозначена как *Bacillus coli communis*, латинизация, описывающая ее характерную особенность как «обычную кишечную бактерию», которую можно было легко культивировать в различных субстратах. Исходный образец, впервые описанный в 1885 году, отличался морфологией колоний и клеток, а также способностью сбраживать глюкозу, продуцировать кислоту и сквашивать молоко [1].

После переименования в 1919 году в честь ее первооткрывателя и в последующие десятилетия признаки, используемые для отнесения к этому виду, были расширены и теперь включают набор признаков, отличающих *E. coli* от других кишечных видов [2, 3]. В частности, *E. coli* являются лактозо-, каталазо- и индолположительными, а также оксидазо-, уреазо- и цитратотрицательными, хотя для многих из этих свойств наблюдается низкий уровень полиморфизма.

Генетические и геномные признаки были включены в классификацию *E. coli* в 1960-х годах с применением процедур ДНК-гибридизации [4]. Согласно этому методу, штаммы считались представителями *E. coli*, если их ДНК-сходство с референтными штаммами составляло $\geq 70\%$ [5]. Впоследствии для разграничения видов бактерий применялись другие пороговые значения на основе анализа нуклеиновых кислот, такие как $\geq 97\%$ [6, 7] и позднее $\geq 99\%$ [8] идентичности последовательности 16S РНК или $\geq 95\%$ средней идентичности нуклеотидов [9] для основного набора генов, общих для штаммов [10].

В этом подходе есть определенная цикличность, поскольку пороговые значения идентичности последовательностей были установлены на основе штаммов, которые уже были отнесены к *E. coli* на основе метаболических, морфологических или биохимических признаков, тем самым ограничивая генетические пороговые значения границами видов, которые были установлены. Чтобы учесть быстрорастущее число секвенированных штаммов во всех таксонах, База данных таксономии генома (GTDB; gtdb.ecogenomic.org/) рекомендовала применять порог идентичности по всему геному (аналог ANI) для определения видов бактерий [11].

Если использовать предложенные метрики, то штаммы, которые в настоящее время классифицируются как *E. coli*, можно разделить на шесть видов: *E. coli*, *E. coli* E, *Escherichia ruysiae*, *Escherichia marmotae*, *Escherichia sp001660175* и *Escherichia sp005843885*. При этом большинство из них будут отнесены к *E. coli* [12].

Классификация *E. coli* также осложняется сложностью дифференциации от *Shigella* как от отдельного рода. Каждый штамм, отнесенный к *Shigella*, попадает в область изменчивости, охватываемую геномом *E. coli* [13, 14], что доказывает независимое происхождение четырех видов *Shigella* от *E. coli* [15, 16]. Очевидно, что таксономия *E. coli* специфична и сложна.

Цель данной работы — систематизация современных данных о таксономии, филогении и классификации бактерии *Escherichia coli* для комплексного анализа проблем определения видовых границ и эволюции патогенных штаммов в контексте подхода «Единое здоровье».

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Проведен всесторонний поиск литературы по основным базам данных (Google Scholar, PubMed, Scopus, Elsevier, Springer, Taylor & Francis и Wiley). В PubMed поиск использовал термины MeSH (медицинские предметные рубрики), такие как NPs and Veterinary Medicine. Для других баз данных (Scopus, Web of Science, Elsevier, Springer и т. д.), которые используют иные системы индексации (например, Emtree в Embase или подходы, основанные на ключевых словах), применяли эквивалентный контролируемый словарь и ключевые слова свободного текста для обеспечения единообразия при поиске соответствующих исследований.

Критерии включения в данный мини-обзор были тщательно разработаны для обеспечения отбора высококачественных и релевантных исследований. В обзор вошли рецензируемые научные статьи, посвященные различным видам таксономии и геномной эволюции *E. Coli*, глубина поиска более 50 лет.

Рассматривали исследования, проведенные в лабораторных условиях *in vivo* или *in vitro* экспериментах с четко измеримыми и представленными результатами. Кроме того, для обеспечения единообразия анализа и интерпретации был ограничен обзор публикациями на английском языке согласно поисковым критериям запроса «патогенная *Escherichia coli*», «эволюция микроорганизмов», «таксономия», «филогения, классификации *Escherichia coli*».

Результаты и обсуждение / Results and discussion

Escherichia coli — граммотрицательная, неспорообразующая, палочковидная бактерия, принадлежащая к семейству *Enterobacteriaceae*. Встречается у теплокровных животных, людей, в воде, окружающей среде и в некоторых случаях — в загрязненных пищевых продуктах. Обладает высокой степенью адаптации, может выживать и размножаться в различных условиях окружающей среды [17]. Классифицируется на 150–200 серотипов или серогрупп на основе трех антигенов: соматического (O) (или антигена клеточной стенки), капсульного (K) и жгутикового (H) антигена. Выявлены 75 типов H (или жгутикового антигена), 173 типа O (или соматических антигенов) и 103 типа K (или капсульных антигенов) [18].

Изоляты *E. coli* подразделяются на комменсальные, патогенные кишечно-патогенные штаммы *E. coli* (InPEC) и внекишечно-патогенные штаммы

E. coli (ExPEC) в зависимости от генотипических и фенотипических признаков [19].

Гены, кодирующие факторы вирулентности, отвечают за различные размеры генома *E. coli*, поскольку комменсальные и патогенные штаммы различаются на 1 млн пар оснований [20]. Эти гены расположены на генетически мобильных элементах, таких как транспозоны, инсерционные последовательности, бактериофаги и плазмиды, что приводит к горизонтальному переносу генов и внутривидовой генетической изменчивости, которая может привести к дифференциальной колонизации хозяев. Поэтому важно изучать воздействие патогена на здоровье разных видов животных для качественного внедрения программы лечения и профилактики, включенных в концепцию «Единое здоровье» [21].

Всего в литературе описаны 7 патотипов как кишечные патогенные:

- ✓ энтеропатогенные *E. coli* (EPEC),
- ✓ энтерогеморрагические *E. coli* (EHEC) [подгруппа *E. coli*, продуцирующая шига-токсин (STEC)],
- ✓ энтеротоксигенные *E. coli* (ETEC),
- ✓ энтероинвазивные *E. coli* (EIEC),
- ✓ энтероагрегативные *E. coli* (EAEC),
- ✓ диффузно адгезивные *E. coli* (DAEC),
- ✓ адгезивно-инвазивные *E. coli* (AIEC) [22, 23].

В широком смысле ETEC — это патогруппа InPEC, наиболее связанная с заболеваниями животных, поскольку она является возбудителем диареи у молодняка сельскохозяйственных животных. EPEC и STEC часто выделяются от больных диареей и здоровых животных, но их роль в развитии заболеваний животных остается спорной. Однако крупный рогатый скот — основной переносчик EPEC и резервуар STEC, которые являются важными патогенами для человека. EAEC, DAEC и EIEC менее изучены у животных [21].

Каждый патотип *E. coli* имеет свои характерные механизмы патогенности и определенный профиль факторов вирулентности, кодируемых определенными кластерами генов. Гены, связанные с патогенностью, могут кодировать такие активности, как адгезия, инвазия, прикрепление, приобретение железа, подвижность и токсинная активность. Всего можно выделить четыре основных класса вирулентности, характерных для всех патотипов *E. coli*: колонизация, приспособленность, токсины и эффекторы. Каждый состоит из нескольких специфических факторов вирулентности с определенной функцией и активностью. В дополнение к факторам вирулентности всё более распространенной становится устойчивость к антибиотикам. Бактериям нужны факторы вирулентности, чтобы отключить защитные системы хозяина, а устойчивость к антибиотикам не позволяет препаратам бороться с болезнями или инфекциями [24].

Мобильные генетические элементы несут гены, которые устойчивы к антибиотикам и могут передаваться другим бактериям посредством

горизонтального переноса генов. Это означает, что бактерии одного вида могут обладать общими признаками устойчивости и потенциально иметь пул генов устойчивости к антибиотикам. Такая способность подчеркивает важность понимания эволюции и распространения устойчивости к антибиотикам [25].

Кроме того, многочисленные исследования продемонстрировали, что различные факторы, такие как окружающая среда, динамика численности поголовья и экологические условия, приводят к изменчивости популяций *E. coli*. Это говорит о том, что данный микроорганизм способен адаптироваться к различным условиям.

Штаммы *E. coli* дополнительно классифицируются на филогенетические группы A, B1, B2, D1, D2, E, F, относятся к *E. coli sensu stricto* и клад I [26]. Непатогенные *E. coli*, обитающие в желудочно-кишечном тракте, относятся к группе A, комменсальные и некоторые патогенные штаммы — к группе B1, InPEC — к группам D1, D2 и E, большинство ExPEC относятся к группе B2, а штаммы, которые фенотипически неразличимы и генетически разнообразны, относятся к кладу I [27].

Содержание *E. coli* в микробиоте сельскохозяйственных животных характеризуется (по сравнению с дикими животными) более высокой долей штаммов A и B1 и более низкой долей штаммов B2 и D [28, 29]. Патогенные штаммы, относящиеся к филогенетическим группам B2 и D, проявляют более высокую вирулентность, но при этом более восприимчивы к антибиотикам, чем изоляты филогрупп A и B1. Однако использование противомикробных препаратов для лечения эшерихиозов, этиологическим агентом которых является *E. coli* O157:H7, может быть крайне проблематичным [30].

Этот патоген выделяет токсин и, следовательно, относится к группе кишечной палочки, продуцирующей шигатоксин (STEC), которая включает такие серотипы, как O26, O121 и O146 [31, 32]. Поэтому поиск альтернативы антибиотикам набирает популярность в научных, ветеринарных и медицинских кругах [33].

Биология и эволюция различных патоваров *E. coli* сложны [34]. Глубокое понимание молекулярных механизмов патогенеза *E. coli* раскрыло новые аспекты ответа организма хозяина на инфекционные патогены [35]. Использование пробиотиков и бактериофагов в случаях лечения болезней, этиологическим агентом которых являются кишечнопатогенные *E. coli*, продуцирующие шигатоксин, в некоторых случаях может быть эффективным [24].

Вакцины и антибиотики играют важную роль в борьбе с инфекционными болезнями уже много лет. Однако в связи с широким применением антибиотиков увеличилась популяция штаммов, выработавших устойчивость к ним [36–40]. Сокращение числа животных, являющихся источником внекишечнопатогенных *E. coli*, путем замены или

снижения использования противомикробных препаратов вакцинами может снизить потери, вызванные ими, и ограничить распространение данных патогенов среди людей.

Выводы/Conclusions

Современная таксономия вида *Escherichia coli* представляет собой сложную и динамичную систему, где традиционная классификация по серотипам и биохимическим свойствам дополняется более точными геномными подходами. Анализ литературы показывает, что вид не является единым целым, а распадается на несколько филогенетических групп, каждая из которых связана с определенной экологической нишей и патогенным потенциалом.

Критически важным является различие штаммов, вызывающих заболевания у животных, и штаммов, представляющих угрозу для человека через пищевую цепь, поскольку животные часто выступают их резервуаром. Эта дифференциация

лежит в основе подхода «Единое здоровье», который признает неразрывную связь между здоровьем людей, животных и экосистем.

Для эффективного контроля над инфекциями, вызываемыми *E. coli*, необходимы стратегии, выходящие за рамки традиционной антибиотикотерапии. Широкая распространенность мобильных генетических элементов обуславливает быструю эволюцию и распространение как факторов вирулентности, так и генов устойчивости к антибиотикам среди различных патотипов. В связи с этим первостепенное значение приобретают разработка и внедрение альтернативных методов, таких как использование пробиотиков, бактериофагов, и прежде всего эффективных вакцин.

Таким образом, углубленное изучение геномной эволюции и филогении *E. coli* является фундаментальной основой для создания новых терапевтических и профилактических средств, направленных на борьбу с этой разнообразной группой патогенов.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу. Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data. All authors made an equal contribution to the work. The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism. The authors declare no conflict of interest.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Исследование выполнено при финансовой поддержке Российского научного фонда № 24-26-00202. <https://rscf.ru/project/24-26-00202>

FUNDING

The research was carried out with the financial support of the Russian Science Foundation No. 24-26-00202. <https://rscf.ru/project/24-26-00202>

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Escherich T. Die Darmbakterien des Neugeborenen und Sauglings. *Fortschritte der Medizin*. 1885; 3(16–17): 515–522.
- Koser S.A. Utilization of the salts of organic acids by the colon-aerogenes group. *Journal of Bacteriology*. 1923; 8(5): 493–520. <https://doi.org/10.1128/jb.8.5.493-520.1923>
- Kauffmann F. Zur Serologie der Coli-Gruppe. *Acta Pathologica Microbiologica Scandinavica*. 1944; 21(1): 20–45. <https://doi.org/10.1111/j.1699-0463.1944.tb00031.x>
- Marmur J., Seaman E., Levine J. Interspecific transformation in *Bacillus*. *Journal of Bacteriology*. 1963; 85(2): 461–467. <https://doi.org/10.1128/jb.85.2.461-467.1963>
- Brenner D.J., Fanning G.R., Skerman F.J., Falkow S. Polynucleotide sequence divergence among strains of *Escherichia coli* and closely related organisms. *Journal of Bacteriology*. 1972; 109(3): 953–965. <https://doi.org/10.1128/jb.109.3.953-965.1972>
- Tindall B.J., Rosselló-Móra R., Busse H.-J., Ludwig W., Kämpfer P. Notes on the characterization of prokaryote strains for taxonomic purposes. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2010; 60(1): 249–266. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.016949-0>
- Yarza P. et al. Uniting the classification of cultured and uncultured bacteria and archaea using 16S rRNA gene sequences. *Nature Reviews Microbiology*. 2014; 12(9): 635–645. <https://doi.org/10.1038/nrmicro3330>
- Edgar R.C. Accuracy of taxonomy prediction for 16S rRNA and fungal ITS sequences. *PeerJ*. 2018; 6: e4652. <https://doi.org/10.7717/peerj.4652>
- Konstantinidis K.T., Tiedje J.M. Genomic insights that advance the species definition for prokaryotes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2005; 102(7): 2567–2572. <https://doi.org/10.1073/pnas.0409727102>
- Jain C., Rodriguez-R L.M., Phillippy A.M., Konstantinidis K.T., Aluru S. High throughput ANI analysis of 90K prokaryotic genomes reveals clear species boundaries. *Nature Communications*. 2018; 9: 5114. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-07641-9>
- Parks D.H. et al. A standardized bacterial taxonomy based on genome phylogeny substantially revises the tree of life. *Nature Biotechnology*. 2018; 36(10): 996–1004. <https://doi.org/10.1038/nbt.4229>

REFERENCES

- Escherich T. The intestinal bacteria of the newborn and infant. *Advances in Medicine*. 1885; 3(16–17): 515–522 (in German).
- Koser S.A. Utilization of the salts of organic acids by the colon-aerogenes group. *Journal of Bacteriology*. 1923; 8(5): 493–520. <https://doi.org/10.1128/jb.8.5.493-520.1923>
- Kauffmann F. On the serology of the *E. coli* group. *Acta Pathologica Microbiologica Scandinavica*. 1944; 21(1): 20–45 (in German). <https://doi.org/10.1111/j.1699-0463.1944.tb00031.x>
- Marmur J., Seaman E., Levine J. Interspecific transformation in *Bacillus*. *Journal of Bacteriology*. 1963; 85(2): 461–467. <https://doi.org/10.1128/jb.85.2.461-467.1963>
- Brenner D.J., Fanning G.R., Skerman F.J., Falkow S. Polynucleotide sequence divergence among strains of *Escherichia coli* and closely related organisms. *Journal of Bacteriology*. 1972; 109(3): 953–965. <https://doi.org/10.1128/jb.109.3.953-965.1972>
- Tindall B.J., Rosselló-Móra R., Busse H.-J., Ludwig W., Kämpfer P. Notes on the characterization of prokaryote strains for taxonomic purposes. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2010; 60(1): 249–266. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.016949-0>
- Yarza P. et al. Uniting the classification of cultured and uncultured bacteria and archaea using 16S rRNA gene sequences. *Nature Reviews Microbiology*. 2014; 12(9): 635–645. <https://doi.org/10.1038/nrmicro3330>
- Edgar R.C. Accuracy of taxonomy prediction for 16S rRNA and fungal ITS sequences. *PeerJ*. 2018; 6: e4652. <https://doi.org/10.7717/peerj.4652>
- Konstantinidis K.T., Tiedje J.M. Genomic insights that advance the species definition for prokaryotes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2005; 102(7): 2567–2572. <https://doi.org/10.1073/pnas.0409727102>
- Jain C., Rodriguez-R L.M., Phillippy A.M., Konstantinidis K.T., Aluru S. High throughput ANI analysis of 90K prokaryotic genomes reveals clear species boundaries. *Nature Communications*. 2018; 9: 5114. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-07641-9>
- Parks D.H. et al. A standardized bacterial taxonomy based on genome phylogeny substantially revises the tree of life. *Nature Biotechnology*. 2018; 36(10): 996–1004. <https://doi.org/10.1038/nbt.4229>

12. Parks D.H., Chuvochina M., Reeves P.R., Beatson S.A., Hugenholtz P. Reclassification of *Shigella* species as later heterotypic synonyms of *Escherichia coli* in the Genome Taxonomy Database. *BioRxiv*. 2021; 15. <https://doi.org/10.1101/2021.09.22.461432>
13. Brenner D.J., Fanning G.R., Miklos G.V., Steigerwalt A.G. Polynucleotide sequence relatedness among *Shigella* species. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 1973; 23(1): 1–7. <https://doi.org/10.1099/00207713-23-1-1>
14. Ochman H., Whittam T.S., Caugant D.A., Selander R.K. Enzyme polymorphism and genetic population structure in *Escherichia coli* and *Shigella*. *Journal of General Microbiology*. 1983; 129(9): 2715–2726. <https://doi.org/10.1099/00221287-129-9-2715>
15. Pupo G.M., Lan R., Reeves P.R. Multiple independent origins of *Shigella* clones of *Escherichia coli* and convergent evolution of many of their characteristics. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2000; 97(19): 10567–10572. <https://doi.org/10.1073/pnas.180094797>
16. Lan R., Reeves P.R. *Escherichia coli* in disguise: molecular origins of *Shigella*. *Microbes and Infection*. 2002; 4(11): 1125–1132. [https://doi.org/10.1016/S1286-4579\(02\)01637-4](https://doi.org/10.1016/S1286-4579(02)01637-4)
17. Jang J., Hur H.-G., Sadowsky M.J., Byappanahalli M.N., Yan T., Ishii S. Environmental *Escherichia coli*: ecology and public health implications — a review. *Journal of Applied Microbiology*. 2017; 123(3): 570–581. <https://doi.org/10.1111/jam.13468>
18. Van Dijk W.C., Verbrugh H.A., van der Tol M.E., Peters R., Verhoef J. Role of *Escherichia coli* K capsular antigens during complement activation, C3 fixation, and opsonization. *Infection and Immunity*. 1979; 25(2): 603–609. <https://doi.org/10.1128/iai.25.2.603-609.1979>
19. Ramos S. et al. *Escherichia coli* Commensal and Pathogenic Bacteria among Food-Producing Animals: Health Implications of Extended Spectrum β -Lactamase (ESBL) Production. *Animals*. 2020; 10(12): 2239. <https://doi.org/10.3390/ani1012239>
20. Croxen M.A., Law R.J., Scholz R., Keeney K.M., Wlodarska M., Finlay B.B. Recent advances in understanding enteric pathogenic *Escherichia coli*. *Clinical Microbiology Reviews*. 2013; 26(4): 822–880. <https://doi.org/10.1128/cmr.00022-13>
21. Etcheverría A.I., Lucchesi P.M.A., Krüger A., Bentancor A.B., Padola N.L. *Escherichia coli* in Animals. Torres A. (ed.). *Escherichia coli* in the Americas. Cham: Springer. 2016; 149–172. https://doi.org/10.1007/978-3-319-45092-6_7
22. Pakbin B., Brück W.M., Rossen J.W.A. Virulence Factors of Enteric Pathogenic *Escherichia coli*: A Review. *International Journal of Molecular Sciences*. 2021; 22(18): 9922. <https://doi.org/10.3390/ijms22189922>
23. Nasrollahian S., Graham J.P., Halaji M. A review of the mechanisms that confer antibiotic resistance in pathotypes of *E. coli*. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. 2024; 14: 1387497. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2024.1387497>
24. Livermore D.M. Bacterial resistance: origins, epidemiology, and impact. *Clinical Infectious Diseases*. 2003; 36(S1): S11–S23. <https://doi.org/10.1086/344654>
25. Lermينياux N.A., Cameron A.D. Horizontal transfer of antibiotic resistance genes in clinical environments. *Canadian Journal of Microbiology*. 2019; 65(1): 34–44. <https://doi.org/10.1139/cjm-2018-0275>
26. Coura F.M. et al. Detection of virulence genes and the phylogenetic groups of *Escherichia coli* isolated from dogs in Brazil. *Ciência Rural*. 2018; 48(2): e20170478. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20170478>
27. Chakraborty A., Saralaya V., Adhikari P., Shenoy S., Baliga S., Hegde A. Characterization of *Escherichia coli* phylogenetic groups associated with extraintestinal infections in South Indian population. *Annals of Medical and Health Sciences Research*. 2015; 5(4): 241–246.
28. Hrala M. et al. Extraintestinal *Escherichia coli* from camel carcasses: Phylogroups, serotypes, and markers of virulence. *PLOS One*. 2025; 20(10): e0334045. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0334045>
29. Abul Y., Engin C., Öztürk M.C., Kekeç A.I., Nowakiewicz A., Bağcıgil A.F. First study on *Escherichia coli* isolates from Free-Ranging red deer in a natural park in Türkiye. *European Journal of Wildlife Research*. 2025; 71(5): 102. <https://doi.org/10.1007/s10344-025-01986-5>
30. Holzer K., Marongiu L., Detert K., Venturelli S., Schmidt H., Hoelzle L.E. Phage applications for biocontrol of enterohemorrhagic *E. coli* O157:H7 and other Shiga toxin-producing *Escherichia coli*. *International Journal of Food Microbiology*. 2025; 439: 111267. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2025.111267>
12. Parks D.H., Chuvochina M., Reeves P.R., Beatson S.A., Hugenholtz P. Reclassification of *Shigella* species as later heterotypic synonyms of *Escherichia coli* in the Genome Taxonomy Database. *BioRxiv*. 2021; 15. <https://doi.org/10.1101/2021.09.22.461432>
13. Brenner D.J., Fanning G.R., Miklos G.V., Steigerwalt A.G. Polynucleotide sequence relatedness among *Shigella* species. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 1973; 23(1): 1–7. <https://doi.org/10.1099/00207713-23-1-1>
14. Ochman H., Whittam T.S., Caugant D.A., Selander R.K. Enzyme polymorphism and genetic population structure in *Escherichia coli* and *Shigella*. *Journal of General Microbiology*. 1983; 129(9): 2715–2726. <https://doi.org/10.1099/00221287-129-9-2715>
15. Pupo G.M., Lan R., Reeves P.R. Multiple independent origins of *Shigella* clones of *Escherichia coli* and convergent evolution of many of their characteristics. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2000; 97(19): 10567–10572. <https://doi.org/10.1073/pnas.180094797>
16. Lan R., Reeves P.R. *Escherichia coli* in disguise: molecular origins of *Shigella*. *Microbes and Infection*. 2002; 4(11): 1125–1132. [https://doi.org/10.1016/S1286-4579\(02\)01637-4](https://doi.org/10.1016/S1286-4579(02)01637-4)
17. Jang J., Hur H.-G., Sadowsky M.J., Byappanahalli M.N., Yan T., Ishii S. Environmental *Escherichia coli*: ecology and public health implications — a review. *Journal of Applied Microbiology*. 2017; 123(3): 570–581. <https://doi.org/10.1111/jam.13468>
18. Van Dijk W.C., Verbrugh H.A., van der Tol M.E., Peters R., Verhoef J. Role of *Escherichia coli* K capsular antigens during complement activation, C3 fixation, and opsonization. *Infection and Immunity*. 1979; 25(2): 603–609. <https://doi.org/10.1128/iai.25.2.603-609.1979>
19. Ramos S. et al. *Escherichia coli* Commensal and Pathogenic Bacteria among Food-Producing Animals: Health Implications of Extended Spectrum β -Lactamase (ESBL) Production. *Animals*. 2020; 10(12): 2239. <https://doi.org/10.3390/ani1012239>
20. Croxen M.A., Law R.J., Scholz R., Keeney K.M., Wlodarska M., Finlay B.B. Recent advances in understanding enteric pathogenic *Escherichia coli*. *Clinical Microbiology Reviews*. 2013; 26(4): 822–880. <https://doi.org/10.1128/cmr.00022-13>
21. Etcheverría A.I., Lucchesi P.M.A., Krüger A., Bentancor A.B., Padola N.L. *Escherichia coli* in Animals. Torres A. (ed.). *Escherichia coli* in the Americas. Cham: Springer. 2016; 149–172. https://doi.org/10.1007/978-3-319-45092-6_7
22. Pakbin B., Brück W.M., Rossen J.W.A. Virulence Factors of Enteric Pathogenic *Escherichia coli*: A Review. *International Journal of Molecular Sciences*. 2021; 22(18): 9922. <https://doi.org/10.3390/ijms22189922>
23. Nasrollahian S., Graham J.P., Halaji M. A review of the mechanisms that confer antibiotic resistance in pathotypes of *E. coli*. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. 2024; 14: 1387497. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2024.1387497>
24. Livermore D.M. Bacterial resistance: origins, epidemiology, and impact. *Clinical Infectious Diseases*. 2003; 36(S1): S11–S23. <https://doi.org/10.1086/344654>
25. Lermينياux N.A., Cameron A.D. Horizontal transfer of antibiotic resistance genes in clinical environments. *Canadian Journal of Microbiology*. 2019; 65(1): 34–44. <https://doi.org/10.1139/cjm-2018-0275>
26. Coura F.M. et al. Detection of virulence genes and the phylogenetic groups of *Escherichia coli* isolated from dogs in Brazil. *Ciência Rural*. 2018; 48(2): e20170478. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20170478>
27. Chakraborty A., Saralaya V., Adhikari P., Shenoy S., Baliga S., Hegde A. Characterization of *Escherichia coli* phylogenetic groups associated with extraintestinal infections in South Indian population. *Annals of Medical and Health Sciences Research*. 2015; 5(4): 241–246.
28. Hrala M. et al. Extraintestinal *Escherichia coli* from camel carcasses: Phylogroups, serotypes, and markers of virulence. *PLOS One*. 2025; 20(10): e0334045. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0334045>
29. Abul Y., Engin C., Öztürk M.C., Kekeç A.I., Nowakiewicz A., Bağcıgil A.F. First study on *Escherichia coli* isolates from Free-Ranging red deer in a natural park in Türkiye. *European Journal of Wildlife Research*. 2025; 71(5): 102. <https://doi.org/10.1007/s10344-025-01986-5>
30. Holzer K., Marongiu L., Detert K., Venturelli S., Schmidt H., Hoelzle L.E. Phage applications for biocontrol of enterohemorrhagic *E. coli* O157:H7 and other Shiga toxin-producing *Escherichia coli*. *International Journal of Food Microbiology*. 2025; 439: 111267. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2025.111267>

31. van Hoek A.H.A.M. *et al.* Virulence and antimicrobial resistance of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* from dairy goat and sheep farms in the Netherlands. *Journal of Applied Microbiology*. 2023; 134(6): lxad119.
<https://doi.org/10.1093/jambio/lxad119>
32. Alhadlaq M.A. *et al.* Overview of pathogenic *Escherichia coli*, with a focus on Shiga toxin-producing serotypes, global outbreaks (1982–2024) and food safety criteria. *Gut Pathogens*. 2024; 16: 57.
<https://doi.org/10.1186/s13099-024-00641-9>
33. O'Connell L.M., Coffey A., O'Mahony J.M. Alternatives to antibiotics in veterinary medicine: considerations for the management of Johne's disease. *Animal Health Research Reviews*. 2023, 24(1): 12–27.
<https://doi.org/10.1017/S146625232300004X>
34. Denamur E., Clermont O., Bonacorsi S., Gordon D. The population genetics of pathogenic *Escherichia coli*. *Nature Reviews Microbiology*. 2021; 19(1): 37–54.
<https://doi.org/10.1038/s41579-020-0416-x>
35. Croxen M.A., Finlay B.B. Molecular mechanisms of *Escherichia coli* pathogenicity. *Nature Reviews Microbiology*. 2010; 8(1): 26–38.
<https://doi.org/10.1038/nrmicro2265>
36. Гулюкин А.М., Капустин А.В., Мищенко А.В. Антибиотикорезистентность как фактор, препятствующий борьбе с инфекционными заболеваниями животных. *Вестник Российской академии наук*. 2024; (1): 19–24.
<https://doi.org/10.31857/S0869587324010049>
37. Пирадов М.А. Антибиотикорезистентность — один из глобальных вызовов человечеству. *Вестник Российской академии наук*. 2025; (4): 22–24.
<https://doi.org/10.31857/S0869587325040044>
38. Олсуфьева Е.Н., Янковская В.С. Анализ проблемы антибиотикорезистентности в агропромышленном комплексе. *Антибиотики и химиотерапия*. 2024; 69(9–10): 108–132.
<https://doi.org/10.37489/0235-2990-2024-69-9-10-108-132>
39. Грацианская А.Н., Теплова Н.В., Белоусова Л.Б. Новые возможности преодоления антибиотикорезистентности бактерий. *Антибиотики и химиотерапия*. 2024; 69(11–12): 121–126.
<https://doi.org/10.37489/0235-2990-2024-69-11-12-121-126>
40. Karwowska E. Antibiotic Resistance in the Farming Environment. *Applied Sciences (Switzerland)*. 2024; 14(13): 5776.
<https://doi.org/10.3390/app14135776>
31. van Hoek A.H.A.M. *et al.* Virulence and antimicrobial resistance of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* from dairy goat and sheep farms in the Netherlands. *Journal of Applied Microbiology*. 2023; 134(6): lxad119.
<https://doi.org/10.1093/jambio/lxad119>
32. Alhadlaq M.A. *et al.* Overview of pathogenic *Escherichia coli*, with a focus on Shiga toxin-producing serotypes, global outbreaks (1982–2024) and food safety criteria. *Gut Pathogens*. 2024; 16: 57.
<https://doi.org/10.1186/s13099-024-00641-9>
33. O'Connell L.M., Coffey A., O'Mahony J.M. Alternatives to antibiotics in veterinary medicine: considerations for the management of Johne's disease. *Animal Health Research Reviews*. 2023, 24(1): 12–27.
<https://doi.org/10.1017/S146625232300004X>
34. Denamur E., Clermont O., Bonacorsi S., Gordon D. The population genetics of pathogenic *Escherichia coli*. *Nature Reviews Microbiology*. 2021; 19(1): 37–54.
<https://doi.org/10.1038/s41579-020-0416-x>
35. Croxen M.A., Finlay B.B. Molecular mechanisms of *Escherichia coli* pathogenicity. *Nature Reviews Microbiology*. 2010; 8(1): 26–38.
<https://doi.org/10.1038/nrmicro2265>
36. Gulyukin A.M., Kapustin A.V., Mishchenko A.V. Antibiotic resistance as a factor hindering the fight against infectious diseases of animals. *Herald of the Russian Academy of Sciences*. 2024; (1): 19–24 (in Russian).
<https://doi.org/10.31857/S0869587324010049>
37. Piradov M.A. Antibiotic resistance is one of the global challenges to humanity. *Herald of the Russian Academy of Sciences*. 2025; (4): 22–24 (in Russian).
<https://doi.org/10.31857/S0869587325040044>
38. Olsufyeva E.N., Yankovskaya V.S. Analysis of the Antibiotic Resistance Problem in the Agricultural Sector. *Antibiotics and Chemotherapy*. 2024; 69(9–10): 108–132 (in Russian).
<https://doi.org/10.37489/0235-2990-2024-69-9-10-108-132>
39. Gratsianskaya A.N., Teplova N.V., Belousova L.B. New Possibilities for Overcoming Antibiotic Resistance in Bacteria. *Antibiotics and Chemotherapy*. 2024; 69(11–12): 121–126 (in Russian).
<https://doi.org/10.37489/0235-2990-2024-69-11-12-121-126>
40. Karwowska E. Antibiotic Resistance in the Farming Environment. *Applied Sciences (Switzerland)*. 2024; 14(13): 5776.
<https://doi.org/10.3390/app14135776>

ОБ АВТОРАХ**Александр Николаевич Панин**

доктор ветеринарных наук, профессор, академик
Российской академии наук, советник
alexanderpanin5083@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-6001-6739>

Антон Валерьевич Моторыгин

кандидат ветеринарных наук, заведующий научно-технологической лабораторией
avmatorygin@vgnki.ru
<https://orcid.org/0000-0003-3374-2601>

Надежда Сергеевна Абросимова

старший научный сотрудник научно-технологической лаборатории
n.abrosimova@vgnki.ru
<https://orcid.org/0009-0001-8701-301X>

Зарина Хамзатовна Межиева

кандидат ветеринарных наук, главный специалист отдела бактериологии
zarina@vgnki.ru

Ольга Владимировна Прасолова

доктор ветеринарных наук, ведущий научный сотрудник отдела молекулярной биологии
o.prasolova@vgnki.ru
<https://orcid.org/0000-0001-8924-2273>

Марина Геворковна Маноян

кандидат ветеринарных наук, заведующая отделом микологии
mycology@vgnki.ru
<https://orcid.org/0000-0001-6347-413X>

Всероссийский государственный центр качества и стандартизации лекарственных средств для животных и кормов,
Звенигородское шоссе, 5, Москва, 123022, Россия

ABOUT THE AUTHORS**Alexander Nikolaevich Panin**

Doctor of Veterinary Sciences, Professor, Academician of the Russian Academy of Sciences, Advisor
alexanderpanin5083@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-6001-6739>

Anton Valerievich Motorygin

Candidate of Veterinary Sciences, Head of the Scientific and Technological Laboratory
avmatorygin@vgnki.ru
<https://orcid.org/0000-0003-3374-2601>

Nadezhda Sergeevna Abrosimova

Senior Researcher at the Scientific and Technological Laboratory
n.abrosimova@vgnki.ru
<https://orcid.org/0009-0001-8701-301X>

Zarina Khamzatovna Mezhieva

Candidate of Veterinary Sciences, Chief Specialist of the Department of Bacteriology
zarina@vgnki.ru

Olga Vladimirovna Prasolova

Doctor of Veterinary Sciences, Senior Researcher at the Department of Molecular Biology
o.prasolova@vgnki.ru
<https://orcid.org/0000-0001-8924-2273>

Marina Gevorkovna Manoyan

Candidate of Veterinary Sciences, Head of the Department of Mycology
mycology@vgnki.ru
<https://orcid.org/0000-0001-6347-413X>

The Russian State Center for Animal Feed and Drug Standardization and Quality,
5 Zvenigorodskoe highway, Moscow, 123022, Russia