

УДК 579.254 : 579.842.11 (470.61)

**АНАЛИЗ ДЕТЕРМИНАНТ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ
ИЗОЛЯТОВ *ESCHERICHIA COLI* В РОДНИКАХ ГОРОДОВ РОСТОВСКОЙ
ОБЛАСТИ****Морозова Марина Александровна,**

кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник,
ФБУН «Ростовский научно-исследовательский институт микробиологии и паразитологии»
Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия
человека
e-mail: morozova.q@mail.ru

Шадрин Филипп Станиславович,

младший научный сотрудник,
ФБУН «Ростовский научно-исследовательский институт микробиологии и паразитологии»
Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия
человека
e-mail: filipp.shadrin@yandex.ru

Аннотация

В работе представлен анализ детерминант антибиотикорезистентности у изолятов *Escherichia coli*, выделенных из 23 родников на территории городов Ростов-на-Дону, Аксай и Азов. Выделение и идентификация бактерий осуществлялись стандартными микробиологическими методами в соответствии с нормативно-методическими документами. Для молекулярно-генетической диагностики генов резистентности использовали наборы реагентов «АмплиСенс». Установлено, что доминирующими детерминантами антибиотикорезистентности у изолятов *E. coli* являются: *bla*SHV (100%) > *bla*TEM (93,8%) > *bla*CTX-M-1 (75,0%) > *bla*OXA-51-like (62,5%) > *mecA* (43,8%). Из азовского родника был выделен штамм, обладающий профилем, который включает 10 генов резистентности, в том числе ключевые карбапенемазы (IMP, VIM, KPC, NDM, *bla*OXA-48-like), а также гены *van A/B* и *mecA*.

Ключевые слова: гены антибиотикорезистентности, *Escherichia coli*, родники, β -лактамазы, карбапенемазы, источники

**ANALYSIS OF ANTIBIOTIC RESISTANCE DETERMINANTS IN
ESCHERICHIA COLI ISOLATES FROM SPRINGS IN THE CITIES OF THE
ROSTOV REGION****Morozova Marina Aleksandrovna,**

Candidate of Biological Sciences, Leading Researcher, «Rostov Research Institute of Microbiology and Parasitology» Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing

e-mail: morozova.q@mail.ru

Shadrin Philipp Stanislavovich,

junior researcher, «Rostov Research Institute of Microbiology and Parasitology» Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing

e-mail: filipp.shadrin@yandex.ru

ABSTRACT

The paper presents an analysis of antibiotic resistance determinants in *Escherichia coli* isolates recovered from 23 springs located in the cities of Rostov-on-Don, Aksay, and Azov. Isolation and identification of bacteria were performed using standard microbiological methods in accordance with regulatory and methodological documents. For molecular genetic detection of resistance genes, the "AmpliSens" reagent kits were used. It was established that the dominant antibiotic resistance determinants in *E. coli* isolates are: blaSHV (100%) > blaTEM (93.8%) > blaCTX-M-1 (75.0%) > blaOXA-51-like (62.5%) > mecA (43.8%). A strain was isolated from a spring in Azov that possesses a profile comprising 10 resistance genes, including key carbapenemases (IMP, VIM, KPC, NDM, blaOXA-48-like), as well as the van A/B and mecA genes.

Keywords: antibiotic resistance genes, *Escherichia coli*, springs, β -lactamases, carbapenemases, water sources

Введение.

Исследования, проведённые в разных странах, подтверждают широкое распространение антибиотикорезистентных *E. coli* в водной среде. В исследовании подземных вод бассейна реки Маочжоу (Китай) среди 76 изолятов, выделенных из подземных вод, 74% были устойчивы как минимум к одному антибиотику (чаще всего к ампициллину), а 7,9% – полирезистентны. С помощью ПЦР были выявлены разнообразные детерминанты резистентности: гены устойчивости к аминогликозидам (*aadA*), β -лактамам (*blaTEM*), тетрациклинам (*tetC*, *tetG*, *tetH*, *tetO*, *tetW*, *tetB/P*), сульфаниламидам (*sul1*, *sul2*), хинолонам (*qnrD*, *qnrS*), макролидам (*ereA*), хлорамфениколу (*cfr*, *fexA*, *floR*, *cmlA*) и полимиксинам (*mcr-1*), а также мобильные генетические элементы (*intl1*, *intl2*, *tn916/1514*) [1].

В Турции в образцах питьевой воды изоляты *E. coli* проявляли устойчивость к ампициллину, тетрациклину, стрептомицину, налидиксовой кислоте и триметоприму/сульфаметоксазолу. Два изолята продуцировали БЛРС. Интегроны 1-го или 2-го класса с кассетами *aadA*, *sat*, *estX* обнаружены у 37 (15,16%) изолятов; *blaTEM* – у 32 (21,47%), *blaSHV* – у 5 (3,33%), гены группы *blaCTX-M* – у 2 (1,3%). Высокая частота детекции отмечена для *tetA* (81,25%) и *tetB* (91,66%), *qnrS* (26,92%) – среди устойчивых к налидиксовой кислоте изолятов, *qnrB* и *aac(6')-Ib-cr* по 3,84%. Среди генов вирулентности *fimA* обнаружен у всех ампициллин-резистентных изолятов, *iutA* и *iroN* – у 34% и 30% соответственно, *aer* – у 12,6%, *sfa* – у 9,3% [2].

Для оценки уровня множественной лекарственной устойчивости бактерий используется индекс множественной лекарственной устойчивости (MAR index) [2]. MAR-индекс выше 0,2, традиционно используемый для разграничения низко- и высокорисковых источников контаминации [3], зарегистрирован у 44 из 244 изолятов (18,03%) [2]. Следует отметить, что сам порог 0,2 является произвольным, а значения в диапазоне 0,200-0,250 находятся в зоне неопределённости [3].

Гены устойчивости к сульфаниламидам – одни из наиболее часто детектируемых ARGs в водных изолятах *E. coli* [4, 5]. Особенно распространены *sul1* и *sul2*, суммарная частота встречаемости которых достигает 42,7% [4]. Также с высокой частотой выявляется мутация *glpT_E448K* в гене *glpT* (64 изолята, 78%) и ген *tet(A)* (39 изолятов, 46,6%) [4]. Относительно новый ген *sul3*, впервые идентифицированный в Швейцарии в конъюгативной плазмиде pVP440 [6], впоследствии был найден у различных бактериальных видов во многих странах, однако его распространённость обычно ниже, чем у *sul1* и *sul2* [5].

Семейства генов β -лактамаз *blaTEM*, *blaSHV* и *blaCTX-M* часто детектируются в водных изолятах *E. coli* [2]. Особенно высока встречаемость группы *blaTEM* – в некоторых исследованиях она обнаружена у 21,47% ампициллин-резистентных изолятов [2]. Постоянное обнаружение ESBL-продуцирующих *E. coli* в водной среде может отражать поступление резистентных штаммов в водные объекты, а геномные исследования подтверждают передачу устойчивости между людьми, животными и окружающей средой, включая водные пути [7].

Механизмы плазмид-опосредованной устойчивости к хинолонам (PMQR) включают *qnrS*, *qnrB*, *aac(6')-Ib-cr*, *qepA* и эффлюксную систему *OqxAB* [8]. Особое внимание привлекает *qnrB19*, распространённый среди изолятов из реки Матаснильо [9]. Секвенирование выявило мутации в генах *gyrA*, *parC* и *parE*, обуславливающие устойчивость к хинолонам: у изолята из реки (MTR-12) – *gyrA* (S83L, D87N) и *parC* (S80I, E84G), у двух изолятов из сточных вод – *parC* (S80I) и *parE* (S458A) [9]. Изоляты *E. coli* из реки Матаснильо демонстрировали устойчивость к ципрофлоксацину (8%) и промежуточную устойчивость к ципрофлоксацину (22%), тогда как изоляты из сточных вод были устойчивы к широкому спектру антибиотиков [9].

Эти данные подчёркивают важность мониторинга загрязнения пресных и сточных вод антибиотикорезистентными бактериями для снижения риска распространения устойчивых патогенов и возникновения эпидемических вспышек [9].

Геномный анализ штамма *E. coli* WG5D, изолированного из системы питьевого водоснабжения в ЮАР, выявил множественные гены антибиотикорезистентности к тетрациклинам, цефалоспорином, гликопептидам (ванкомицину) и аминогликозидам, гены вирулентности, указывающие на потенциальную патогенность, а также мобильные генетические элементы. Штамм идентифицирован как потенциальный человеческий патоген, что подчёркивает роль питьевой воды как резервуара резистентных и патогенных *E. coli* и обосновывает необходимость геномного мониторинга водных источников [10].

В условиях антропогенной нагрузки на урбанизированные территории регулярный мониторинг природных источников водоснабжения приобретает важное значение. Проводимые в г. Ростове-на-Дону исследования выходов подземных вод направлены на объективную оценку их санитарно-микробиологического состояния [11]. Использование *Escherichia coli* в качестве одного из ключевых санитарно-показательного микроорганизма позволяет оперативно верифицировать факты фекального загрязнения водоносных горизонтов [12, 13].

Материал и методы.

Объекты исследования – 23 родника Ростовской области: городов Ростов-на-Дону (21), Азов (1), Аксай (1).

Отбор 150 проб воды осуществляли в период 2025-2026 гг. в соответствии с требованиями ГОСТ Р 59024-2020 Вода. Общие требования к отбору проб; ГОСТ 31942. – 2012 (ISO 19458:2006). Вода. Отбор проб для микробиологического анализа.

Микробиологический анализ включал обнаружение *Escherichia coli* с использованием титрационного метода. Выделение и идентификация бактерий проводилась в соответствии МУК 4.2.3963-23 «Бактериологические методы исследования

воды», ГОСТ 34786-2021 Методы определения общего числа микроорганизмов, колиформных бактерий, *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa* и энтерококков.

Выделение нуклеиновых кислот проводили из инокулятов суточных бактериальных культур с использованием коммерческого набора реагентов «РИБО-преп» (АмплиСенс, Россия) для экстракции РНК/ДНК из клинического материала. Детекцию генов антибиотикорезистентности (АРГ) осуществляли методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с применением коммерческого набора реагентов «БакРезиста GLA» (АмплиСенс, Россия), позволяющего идентифицировать 14 генетических детерминант: IMP, CTX-M-1, van A/B, OXA-48-like, VIM, OXA-23-like, SHV, OXA-51-like, TEM, mecA, OXA-40-like, KPC, NDM, GES.

Результаты исследования.

В ходе исследования установлено, что вода ростовских родников отличается нестабильным составом по содержанию *E. coli*. В Центральном районе, Западном (ЗЖМ) и Северном (СЖМ) жилых массивах кишечная палочка была обнаружена в 50-67% проб, тогда как в восточной части города в 30% проб.

Центральный район города характеризуется плотной исторической застройкой и наличием сектора индивидуальных жилых строений, в части которого отсутствует централизованная система водоотведения, что приводит к поступлению фекального загрязнения в водоносные слои. В качестве примера родника в центральной части города, в котором не обнаруживаются *E. coli*, необходимо выделить Городищенский источник (рис.1).

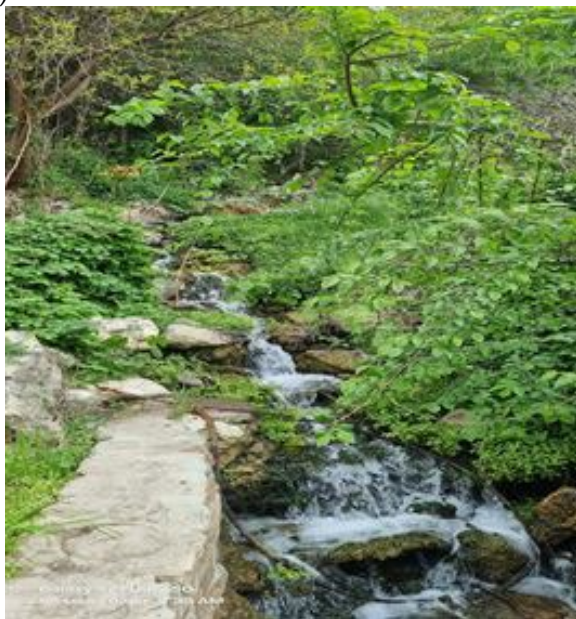


Рис.1 – Городищенский источник (фото авторов)

Отсутствие кишечных палочек во многом обусловлено благоустройством прилегающей территории и защитным влиянием современных высотных жилых комплексов, инженерные коммуникации которых минимизируют прямую инфильтрацию поверхностного стока в водоносный горизонт. В свою очередь, интенсивное бактериальное загрязнение родников Западного жилого массива (ЗЖМ) служит прямым следствием влияния прилегающих к реке Дон массивов индивидуальной застройки без центральной канализации, непосредственно на территории, которых и расположены данные источники. На этом фоне выделяется родник «Гремучий» (рис.2).

Полное отсутствие в воде этого источника кишечных палочек, несмотря на специфику его географического расположения, объясняется гидродинамическими факторами: высоким дебитом (порядка 30 л/с), обеспечивающим высокую скорость

обновления подземных вод, а также качественным и герметичным техническим обустройством каптажа. Поскольку родники СЖМ связаны с верхними, малоглубокими водоносными горизонтами, над которыми практически отсутствует надежный водоупорный слой, а сами они вскрыты глубоким эрозионным врезом реки Темерник, это обуславливает их значительно большую уязвимость к фекальному загрязнению по сравнению с более глубокими и гидрогеологическими защищенными источниками ЗЖМ.



Рис. 2 – Родник «Гремучий» (фото авторов)

В условиях слабого гидродинамического режима, обусловленного низким дебитом и периодическим пересыханием источника в г. Азов, а также из-за его непосредственной близости к плотной индивидуальной жилой застройки старой части города, создаются условия для контаминации *E. coli* родниковой воды. Частота обнаружения составила 100% случаев.

На фоне бактериального загрязнения городских родников Ростова-на-Дону и Азова, в источнике на территории Мухиной балки кишечные палочки не обнаружены (г. Аксай) (рис.3).

Мухина балка является природоохранным заповедником областного значения. Действующий здесь охранный режим полностью исключает капитальное строительство, ведение сельского хозяйства и организацию промышленных объектов, минимизирует техногенную нагрузку на локальные водоносные горизонты: Склоны балки покрыты густым естественным байрачным лесом, и не подвергается загрязнению от канализационных стоков и выгребных ям.



Рис. 3 – Источник на территории Мухиной балки (фото авторов)

Результаты молекулярно-генетического скрининга 32 изолятов *E. coli* на наличие генов, обуславливающих устойчивость к антибактериальным препаратам, продемонстрировали абсолютную частоту встречаемости (100%) гена *blaSHV*. Высокий уровень распространения зафиксирован также для гена *blaTEM*, который был обнаружен у 93,8% изолятов. Наличие данных детерминант свидетельствует о повсеместной продукции бета-лактамаз расширенного спектра действия (БЛРС) среди *E. coli*. Гены *blaCTX-M-1*, кодирующие продукцию цефалоспоринов БЛРС, определялись у 75,0% изолятов, что указывает на высокий потенциал устойчивости бактерий к цефалоспориновым III–IV поколений.

Изучение детерминант устойчивости к карбапенемам выявило гетерогенный характер их распределения. Наиболее распространенными оказались гены *blaOXA-51-like*, выявленные у 62,5%. Карбапенемазы *blaOXA-48-like* встречались существенно реже и были обнаружены в 18,8% случаев (табл. 1).

Таблица 1.

Частота встречаемости генов антибиотикорезистентности у изолятов *Escherichia coli* [составлено авторами на основе базы данных]

АРГ	Абсолютное число изолятов (n=32)	Доля от общего количества штаммов (%)
shv	32	100,0
tem	30	93,8
ctx-m1	24	75,0
OXA-51-like	20	62,5
mec A	14	43,8
OXA-48-like	6	18,8
imp	4	12,5
vim	1	3,1
kpc	1	3,1

Факт определения детерминант метициллинорезистентности: ген *mecA* у изолятов (43,8%) является нетипичным для грамотрицательных энтеробактерий и косвенно

указывает на процессы горизонтального переноса генетического материала между филогенетически отдаленными таксонами в водной среде. Кроме того, из родника в г. Азове был выделен штамм, обладающий профилем полирезистентности, включающим 10 генов АРГ: ключевые карбапенемазы (IMP, VIM, KPC, NDM, OXA-48), а также детерминанты *vanA/B* и *mecA* (рис. 4).

Микроорганизм	Бета-лактамазы												Гликопептидная резистентность	Метициллин-резистентность
	Сериновые								Металло-лактамазы					
	<i>ctx-m1</i>	<i>tem</i>	<i>ges</i>	<i>kpc</i>	<i>shv</i>	<i>oxa-23-like</i>	<i>oxa-40-like</i>	<i>oxa-48-like</i>	<i>oxa-51-like</i>	<i>imp</i>	<i>vim</i>	<i>ndm</i>		
<i>E. coli</i> 1														
<i>E. coli</i> 2														
<i>E. coli</i> 3														
<i>E. coli</i> 4														
<i>E. coli</i> 5														
<i>E. coli</i> 6														
<i>E. coli</i> 7														
<i>E. coli</i> 8														
<i>E. coli</i> 9														
<i>E. coli</i> 10														
<i>E. coli</i> 11														
<i>E. coli</i> 12														
<i>E. coli</i> 13														
<i>E. coli</i> 14														
<i>E. coli</i> 15														
<i>E. coli</i> 16														

Рис.4 – Варианты сочетаний генов антибиотикорезистентности у изолятов *Escherichia coli* [разработан авторами на основе базы данных]

Заключение. В ходе исследования показана прямая зависимость качества и безопасности родниковых вод от характера землепользования и развитости коммунальной инфраструктуры в зонах их питания. В урбанизированных районах с плотным сектором индивидуальной застройки и децентрализованным водоотведением частота загрязнения родниковой воды *Escherichia coli* определяется более чем в половине исследованных проб. Напротив, защищенность водосборной площади статусом особо охраняемой природной территории (источник в Мухиной балке, г. Аксай) обеспечивает отсутствие кишечных палочек в подземных водах. Гидродинамические параметры и особенности каптажа могут снизить риски антропогенного воздействия. Высокий дебит родника «Гремучий» (30 л/с) и качественная герметизация его каптажных сооружений обеспечивают отсутствие кишечных палочек.

Выделенные из родников изоляты *E. coli* обладают выраженным потенциалом устойчивости к антибактериальным препаратам. Распространение гена *blaSHV* (100%), *TEM* (93,8%) и *blaCTX-M-1* (75,0%) свидетельствует о циркуляции генов бета-лактамаз расширенного спектра (БЛРС). В свою очередь, детекция гена *mecA* у 43,8% изолятов косвенно доказывает процесс горизонтального переноса генов между филогенетически отдаленными таксонами в водной среде.

Список литературы:

1. Wu D. From river to groundwater: Antibiotics pollution, resistance prevalence, and source tracking / D. Wu, H. Bai, L.-Y. He [et al.] // Environment International. 2025. Vol. 196. Art. 109305. DOI: 10.1016/j.envint.2025.109305
2. Occurrence of antimicrobial resistance, integrons and virulence genes in *Escherichia coli* isolated from drinking water in Van, Türkiye: a cross-sectional study / E. Rakici, E. Aydin,

- E.S. Tanriverdi [et al.] // BMC Microbiology. 2025. Vol. 25, №1. Art. 345. DOI: 10.1186/s12866-025-04046-9
3. Krumperman, P.H. Multiple antibiotic resistance indexing of *Escherichia coli* to identify high-risk sources of fecal contamination of foods / P.H. Krumperman // Applied and Environmental Microbiology. 1983. Vol. 46, №1. P. 165-170. DOI: 10.1128/aem.46.1.165-170.1983
 4. Akintayo I. Genomic characterization of resistant *Escherichia coli* isolated from household water in municipal Ibadan, Nigeria / I. Akintayo, J.S. Odeyemi, O. S. Alabi [et al.] // PLOS Water. 2026. Vol. 5, № 2. Art. e0000419. DOI: 10.1371/journal.pwat.0000419
 5. Jiang H. Diverse Mobile Genetic Elements and Conjugal Transferability of Sulfonamide Resistance Genes (*sul1*, *sul2*, and *sul3*) in *Escherichia coli* Isolates From *Penaeus vannamei* and Pork From Large Markets in Zhejiang, China / H. Jiang, H. Cheng, Y. Liang [et al.] // Frontiers in Microbiology. 2019. Vol. 10. Art. 1787. DOI: 10.3389/fmicb.2019.01787
 6. Perreten V., Boerlin P. A new sulfonamide resistance gene (*sul3*) in *Escherichia coli* is widespread in the pig population of Switzerland // Antimicrobial Agents and Chemotherapy. 2003. Vol. 47, № 3. P. 1169-1172. DOI: 10.1128/AAC.47.3.1169-1172.2003
 7. Li Z. Genomic investigation of ESBL-producing *Escherichia coli* reveals likely transmission within and between One Health sectors in Jakarta, Indonesia: preprint / Z. Li [et al.] // Research Square. 2020. DOI: 10.21203/rs.3.rs-72181/v1
 8. Amin M.B. High prevalence of plasmid-mediated quinolone resistance (PMQR) among *E. coli* from aquatic environments in Bangladesh / M.B. Amin, S.R. Saha, M.R. Islam [et al.] // PLOS ONE. 2021. Vol. 16, № 12. e0261970. DOI: 10.1371/journal.pone.0261970
 9. Rodríguez Guevara G.A. Determination of Phylogroups, Pathotypes and Antibiotic Resistance Profiles of *E. coli* Isolates from Freshwater and Wastewater in the City of Panama / G.A. Rodríguez Guevara, E. Michelangelli, J.R. Medina-Sánchez [et al.] // Pathogens. 2025. Vol. 14, № 7. Art. 617. DOI: 10.3390/pathogens14070617
 10. Olanrewaju O.S. Genome mining of *Escherichia coli* WG5D from drinking water source: unraveling antibiotic resistance genes, virulence factors, and pathogenicity / O.S. Olanrewaju, L.G. Molale-Tom, R.K. Kritzingier [et al.] // BMC Genomics. 2024. Vol. 25, № 1. Art. 263. DOI: 10.1186/s12864-024-10110-x
 11. Морозова М.А. Эволюция родников Ростова-на-Дону от источника водоснабжения к риску водопользования в контексте современных проблем подземных вод России // Оригинальные исследования. 2026. Т. 16, № 7. С. 422-433.
 12. Зубцов В.С., Шадрин Ф.С. Бактериальные индикаторы фекального загрязнения, выделенные в родниках г. Ростова-на-Дону // Оригинальные исследования. 2026. Т. 16, № 6. С. 189-196.
 13. Зубцов В.С. Обнаружение *Escherichia coli*, энтерококков и сульфитредуцирующих кластридий в родниках Ростова-на-Дону // Актуальные вопросы эпидемиологического надзора за инфекционными и паразитарными заболеваниями на юге России. Ермольевские чтения: материалы конференции. Ростов-на-Дону. 2026. С. 95-102.

References:

1. Wu D. From river to groundwater: Antibiotics pollution, resistance prevalence, and source tracking / D. Wu, H. Bai, L.-Y. He [et al.] // *Environment International*. 2025. Vol. 196. Art. 109305. DOI: 10.1016/j.envint.2025.109305
2. Occurrence of antimicrobial resistance, integrons and virulence genes in *Escherichia coli* isolated from drinking water in Van, Türkiye: a cross-sectional study / E. Rakici, E. Aydin, E.S. Tanriverdi [et al.] // *BMC Microbiology*. 2025. Vol. 25, № 1. Art. 345. DOI: 10.1186/s12866-025-04046-9
3. Krumperman, P.H. Multiple antibiotic resistance indexing of *Escherichia coli* to identify high-risk sources of fecal contamination of foods / P.H. Krumperman // *Applied and Environmental Microbiology*. 1983. Vol. 46, № 1. P. 165-170. DOI: 10.1128/aem.46.1.165-170.1983
4. Akintayo I. Genomic characterization of resistant *Escherichia coli* isolated from household water in municipal Ibadan, Nigeria / I. Akintayo, J.S. Odeyemi, O.S. Alabi [et al.] // *PLOS Water*. 2026. Vol. 5, № 2. Art. e0000419. DOI: 10.1371/journal.pwat.0000419
5. Jiang H. Diverse Mobile Genetic Elements and Conjugal Transferability of Sulfonamide Resistance Genes (*sul1*, *sul2*, and *sul3*) in *Escherichia coli* Isolates From *Panaeus vannamei* and Pork From Large Markets in Zhejiang, China / H. Jiang, H. Cheng, Y. Liang [et al.] // *Frontiers in Microbiology*. 2019. Vol. 10. Art. 1787. DOI: 10.3389/fmicb.2019.01787
6. Perreten V., Boerlin P. A new sulfonamide resistance gene (*sul3*) in *Escherichia coli* is widespread in the pig population of Switzerland // *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*. 2003. Vol. 47, № 3. P. 1169-1172. DOI: 10.1128/AAC.47.3.1169-1172.2003
7. Li Z. Genomic investigation of ESBL-producing *Escherichia coli* reveals likely transmission within and between One Health sectors in Jakarta, Indonesia: preprint / Z. Li [et al.] // *Research Square*. 2020. DOI: 10.21203/rs.3.rs-72181/v1
8. Amin M.B. High prevalence of plasmid-mediated quinolone resistance (PMQR) among *E. coli* from aquatic environments in Bangladesh / M.B. Amin, S.R. Saha, M.R. Islam [et al.] // *PLOS ONE*. 2021. Vol. 16, № 12. e0261970. DOI: 10.1371/journal.pone.0261970
9. Rodríguez Guevara G.A. Determination of Phylogroups, Pathotypes and Antibiotic Resistance Profiles of *E. coli* Isolates from Freshwater and Wastewater in the City of Panama / G. A. Rodríguez Guevara, E. Michelangelli, J. R. Medina-Sánchez [et al.] // *Pathogens*. 2025. Vol. 14, № 7. Art. 617. DOI: 10.3390/pathogens14070617
10. Olanrewaju O.S. Genome mining of *Escherichia coli* WG5D from drinking water source: unraveling antibiotic resistance genes, virulence factors, and pathogenicity / O.S. Olanrewaju, L.G. Molale-Tom, R.K. Kritzinger [et al.] // *BMC Genomics*. 2024. Vol. 25, № 1. Art. 263. DOI: 10.1186/s12864-024-10110-x
11. Morozova M.A. Evolution of Rostov-on-Don springs from a water supply source to a water use risk in the context of modern groundwater problems in Russia // *Original Research*. 2026. Vol. 16, № 7. P. 422-433.
12. Zubtsov V.S., Shadrin F.S. Bacterial indicators of fecal contamination isolated in the springs of Rostov-on-Don // *Original Research*. 2026. Vol. 16, № 6. P. 189-196.
13. Zubtsov V.S. Detection of *Escherichia coli*, enterococci and sulfite-reducing clostridia in the springs of Rostov-on-Don // *Topical issues of epidemiological surveillance of infectious*

and parasitic diseases in the south of Russia. Yermolyeva readings: conference proceedings.
Rostov-on-Don. 2026. P. 95-102.