

Изучение факторов патогенности бактерий рода *Enterococcus* из водных экосистем с антропогенной нагрузкой

© 2025. С. С. Ускова¹, аспирант,

А. В. Мартынова^{1,2}, д. м. н., профессор,

¹Дальневосточный федеральный университет,

690922, Россия, г. Владивосток, о. Русский, п. Аякс, д. 10,

²Тихоокеанский государственный медицинский университет Минздрава России,

690002, Россия, г. Владивосток, пр-т Острякова, д. 2,

e-mail: uskova.ss@yandex.ru

Представители рода *Enterococcus* распространены повсеместно и входят в состав многих экосистем. Энтерококки выделяют из организма человека, млекопитающих, птиц, насекомых и растений, а также из продуктов питания, воды и почвы. До настоящего времени остаётся дискуссионной оценка роли этих микроорганизмов в экосистемах с антропогенной и без антропогенной нагрузки: будучи широко распространёнными, эти микроорганизмы рассматривались даже в качестве санитарно-показательных индикаторов, и в то же самое время они могут быть одними из основных причин внутрибольничных инфекций. Целью исследования являлось изучение видового состава и факторов патогенности бактерий рода *Enterococcus*, выделенных из р. Вторая Речка. Исследованы 61 штамм рода *Enterococcus*, выделенных в водных пробах р. Вторая речка, полученных на территории г. Владивостока. Определён видовой состав микроорганизмов рода *Enterococcus*, выделенных в р. Вторая Речка, представленный в большинстве случаев такими видами как *Enterococcus faecalis* и *E. faecium*. Встречены и более редкие виды: *E. durans* и *E. casseliflavus*. При изучении факторов патогенности выявлено, что штаммы, выделенные в р. Вторая Речка, чаще всего обладали γ -гемолитической активностью (51 штамм, 85,24%) и только 10 штаммов (14,75%) – β -гемолитической активностью. ДНКазу синтезировало 5 штаммов изучаемой коллекции (8,19%), а коллагеназу – 1 штамм (1,62%). Чаще всего встречались штаммы, не способные разжижать желатин, – 51 штамм (85,24%), а 10 штаммов (14,75%) – разжижали. В результате исследования проб воды из р. Вторая речка, подверженной антропогенному воздействию, были обнаружены штаммы бактерий рода *Enterococcus*, способные проявлять различные факторы патогенности. Их отличительной чертой было наличие комплекса гемолитической активности и способности синтезировать желатиназу. Это позволяет предположить, что штаммы бактерий рода *Enterococcus*, выделенные в р. Вторая речка, могут представлять серьёзную угрозу для здоровья человека.

Ключевые слова: факторы патогенности, *Enterococcus*, гемолиз, желатиназа, коллагеназа, ДНКазы.

Study of pathogenicity factors of the genus *Enterococcus* bacteria isolated from the aquatic environment

© 2025. S. S. Uskova¹ ORCID: 0000-0001-7515-1207⁹

A. V. Martynova^{1,2} ORCID: 0000-0001-6823-5971⁹

¹Far Eastern Federal University,

10, p. Ajax, o. Russian, Vladivostok, Russia, 690922,

²Pacific State Medical University of the Ministry of Health of Russia,

2, Ostryakova Ave., Vladivostok, Russia, 690002,

e-mail: uskova.ss@yandex.ru

The genus *Enterococcus* is ubiquitous and included in many ecosystems. To date, the assessment of the role of these microorganisms in ecosystems with and without anthropogenic load remains controversial. Being widespread, these microorganisms have even been considered as sanitary indicators, and at the same time they can be one of the main causes of hospital diseases. This cannot but be absolutely due to changes in the microbiological properties of these bacteria, which are identified by the expression of pathogenicity factors that determines the microecological characteristics of enterococcal strains both within the genus and within the species. In this regard, it is relevant to study the species composition of the genus *Enterococcus* strains in combination with the characteristics of their pathogenicity factors using the example of strains isolated from the environment, in particular water bodies. The aim was to study the species composition and pathogenicity factors of the genus *Enterococcus* bacteria isolated from the aquatic environment. A study of 61 strains of the genus *Enterococcus* isolated in water samples from the Vtoraya Rechka River obtained in the city of Vladivostok

was carried out from March 10, 2018, to September 24, 2020. The species composition of microorganisms of the genus *Enterococcus* isolated in the Vtoraya Rechka River is represented in most cases by such species as *Enterococcus faecalis* and *E. faecium*. The rarer species *E. durans* and *E. casseliflavus* were also found. In the Vtoraya Rechka River γ -hemolytic activity was most common – 85.24% of strains; and only 14.75% of strains had β -hemolytic activity. We found that 8.19% of the studied strains synthesized DNase, and 1.62% synthesized collagenase. The most common strains were those that were not capable to liquefy gelatin – 85.24%. The genus *Enterococcus* strains capable to synthesize various pathogenicity factors were found as a result of the studied water samples from the Vtoraya Rechka River exposed to anthropogenic impact. Hemolytic activity complex and the ability to synthesize gelatinase were their specific attributes. This suggests that *Enterococcus* strains isolated in an aquatic ecosystem may pose a serious threat to human health.

Keywords: pathogenicity factors, *Enterococcus*, hemolysis, gelatinase, collagenase, DNase.

В настоящее время исследования энтерококков как широко распространённых бактерий заставляют изучать энтерококки с позиций не только санитарно-показательных микроорганизмов, но и возбудителей оппортунистических инфекций, число которых постоянно растёт. Вместе с тем, нельзя не учитывать и того, что они являются значимой частью естественной микробиоты не только человека, но и животных и растений. В настоящее время известно, что в состав рода *Enterococcus* входит 16 основных видов, наиболее распространёнными из которых являются *Enterococcus faecalis* и *E. faecium*, при этом энтерококковые инфекции до сих пор остаются практически неразрешимой проблемой для врачей, занятых в лечении пациентов с оппортунистическими инфекциями [1].

Таким образом, *E. faecalis* и *E. faecium* являются частью нормальной микробиоты кишечника человека и животных, а также повсеместно встречаются в окружающей среде (ОС) [2]. Они способны занимать разнообразные экологические ниши благодаря своей устойчивости к различным факторам среды. Такие виды как *E. mundtii* и *E. casseliflavus* приспособились к эпифитному обитанию на растениях [3]. Отдельные виды энтерококков способны обитать только в желудочно-кишечном тракте, например, такие как *E. columbae* и *E. asini*. *Enterococcus hirae*, *E. durans* и *E. casseliflavus* способны адаптироваться к условиям ОС. А *E. faecalis* и *E. faecium* – распространены повсеместно. Их обнаружение может указывать на фекальное загрязнение ОС [3, 4].

При экологической и микробиологической характеристиках штаммов рода *Enterococcus* очевидно, что при видовом разнообразии и однозначно идентифицированных видах внутри этого рода можно отметить вариабельность экспрессии факторов патогенности, что во многом связано с природной способностью энтерококков приобретать, аккумулировать и трансформировать экстрахромосомные элементы, кодирующие патогенность. Таким

образом, помимо академического интереса к скринингу факторов патогенности отдельных видов энтерококков, не может не представлять интерес характеристика патогенности штаммов внутри рода, так как она наиболее полно будет отражать мобильность генетических элементов в популяции энтерококков, выделенных в той или иной экологической нише.

Например, было показано, что *E. faecalis* и *E. faecium*, изолированные от пациентов в больницах, чаще содержат, например, ген желатиназы, *gelE* (желатиназа) по сравнению со штаммами, обнаруженными у негоспитализированных лиц, животных и в продуктах питания. Комменсальные, то есть безвредные, *E. faecalis* и *E. faecium* могут стать условно-патогенными микроорганизмами, приобретая устойчивые к антибиотикам и предполагаемые вирулентные гены от других бактерий посредством горизонтального переноса генов [5]. Это может быть связано с тем, что энтерококки достаточно легко приобретают компетентность генома, что позволяет им легко приобретать мобильные генетические элементы, создавать гибридные геномы с другими энтерококками и передавать гены между видами [6]. Пластичность генома клинического *E. faecium* можно объяснить отсутствием защитных механизмов генома, ограничивающих горизонтальный перенос генов, таких как CRISPR-Cas и системы рестрикции-модификации [7].

Целью исследования являлось изучение видового состава и факторов патогенности бактерий рода *Enterococcus*, выделенных из р. Второй Речки.

Объекты и методы исследования

Для исследования факторов патогенности штаммов р. *Enterococcus* с учётом их экологической характеристики были изучены 18 образцов воды из устья р. Второй Речки (координаты 43°9'37.642" с. ш., 131°54'21.467" в. д.), так как они находятся в черте города [8]. От-

Праймеры для определения вида микроорганизмов рода *Enterococcus*
Primers for the genus *Enterococcus* identification

Вид энтерококка <i>Enterococcus</i> species	Праймер Primers	Последовательность 5'–3' Subsequence 5'–3'	Размер продукта реакции Reaction product size
<i>E. faecalis</i>	FL1 FL2	ACTTATGTGACTAACTTAACC TAATGGTGAATATTGGTTTGG	360
<i>E. faecium</i>	FM1 FM2	GAACAAACAATAGAAGAATTAT TGCTTTTTTGAATTCTTCTTTA	215
<i>E. durans</i>	DU1 DU2	CCTACTGATATTAAGACAGCG TAATCCTAAGATAGGTGTTTG	295
<i>E. casseliflavus</i>	CA1 CA2	TCCTGAATTAGGTTGAAAAAAC GCTAGTTTACCGTCTTTAACG	288
<i>E. fallinarum</i>	GA1 GA2	TTACTTGCTGATTTTGATTTCG TGAATTCTTCTTTGAAATCAG	173

бор образцов воды (из р. Второй Речки в период с 10 марта 2018 г. по 24 сентября 2020 г., а также с 10 марта 2021 по 24 сентября 2023 гг.) в стерильные ёмкости объёмом 120 мл на глубине до 10 см, до очистки, вниз по течению реки проводился согласно ГОСТ 31942-2012. Посев происходил через 1–2 ч после отбора проб методом титрования. Был выделен 61 штамм бактерий, которые идентифицировали как бактерии р. *Enterococcus*, в том числе и с помощью молекулярно-генетических методов исследования. Выделение чистой культуры микроорганизма проводили на среде «Энтерококкагар» (ФБУН ГНЦ ПМБ Оболенск, Россия) с добавлением 1,5% дрожжевого экстракта, в результате чего были определены преобладающие виды. Далее идентификация проводилась методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с помощью мультиплексной ПЦР с использованием известных праймеров по видоспецифическим генам, кодирующим синтез супероксиддисмутазы (табл.). Синтез праймеров осуществлён компанией «Синтол» (Москва, Россия).

Гемолитические свойства изучали на кровяном агаре с бараньими эритроцитами при температуре 37 °С в течение 24 ч. Результаты оценивали по типу гемолиза: β-гемолитические, приводящие к полному гемолизу, вследствие чего дают лизис эритроцитов, наиболее патогенные; γ-гемолитические, которые не способны к лизису эритроцитов и не дают гемолиз. Далее изучали наличие желатиназы на мясопептонной желатиной среде (МПЖ) в течение 7–10 сут при комнатной температуре. Разжижение среды МПЖ отмечали визуально [9]. Разрушение коллагена и ДНК исследовали на питательной среде ВД с коллагеном или ДНК при температуре 37 °С в течение 24 ч [10]. Учёт результатов про-

водили по наличию или отсутствию роста на чашках с коллагеном [11] или ДНК [12]. Статистическую обработку данных, построение графиков и формирование таблиц проводили в программе Excel.

Результаты и обсуждение

Видовой состав бактерий р. *Enterococcus* был представлен следующими видами: *E. faecalis*, *E. faecium*, *E. durans* и *E. casseliflavus*. В воде р. Второй Речки преобладающим видом р. *Enterococcus* был *E. faecalis* и составлял 63% штаммов, а *E. faecium* – 31% штаммов, однако помимо этих видов были выделены *E. durans* и *E. casseliflavus*, каждый из которых составлял по 3% штаммов от выборки (рис. 1).

В р. Второй Речке чаще всего встречались штаммы энтерококков, обладающие γ-гемолитической активностью, а именно – 85,24% штаммов, и только у 14,75% имелась β-гемолитическая активность. При этом, среди штаммов *E. faecalis*, 82% штаммов обладали γ-гемолитической активностью, а 18% – β-гемолитической. Среди штаммов *E. faecium* у 84% была зарегистрирована γ-гемолитическая активность, а у 16% – β-гемолитическая. Только по 3% штаммов *E. durans* и *E. casseliflavus* обладали β-гемолитической активностью (рис. 2).

При анализе продукции ДНКазы как фермента, отвечающего за гидролиз молекул ДНК, можно отметить, что 8,19% штаммов, выделенных из воды р. Второй Речки, разлагали ДНК. При анализе продукции коллагеназы коллаген разлагали 1,62% штаммов. Чаще всего встречались штаммы, не способные разжижать желатин, – 85,24%, а 14,75% – разжижали (рис. 3).

Для характеристики комплекса факторов патогенности можно отметить, что наблюда-

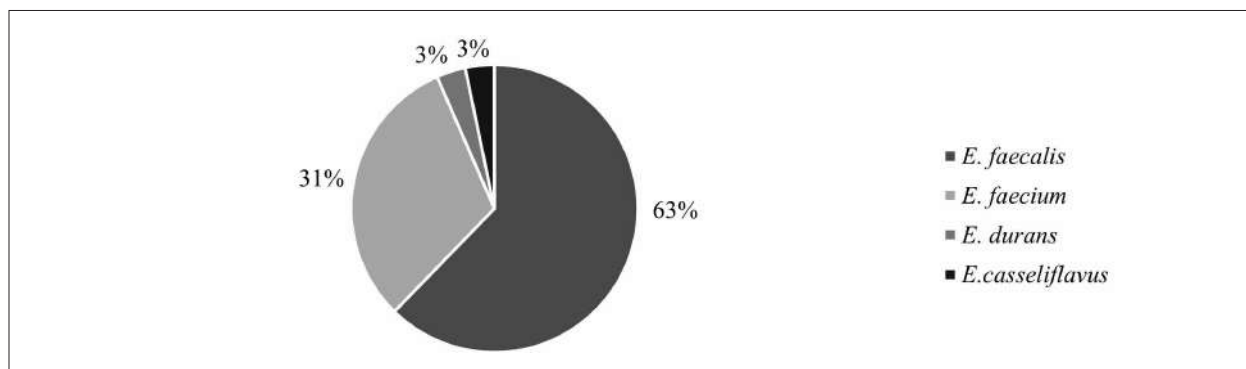


Рис. 1. Видовой состав микроорганизмов рода *Enterococcus* в воде р. Второй Речки
Fig. 1. Species composition of the genus *Enterococcus* in the Vtoraya Rechka River water

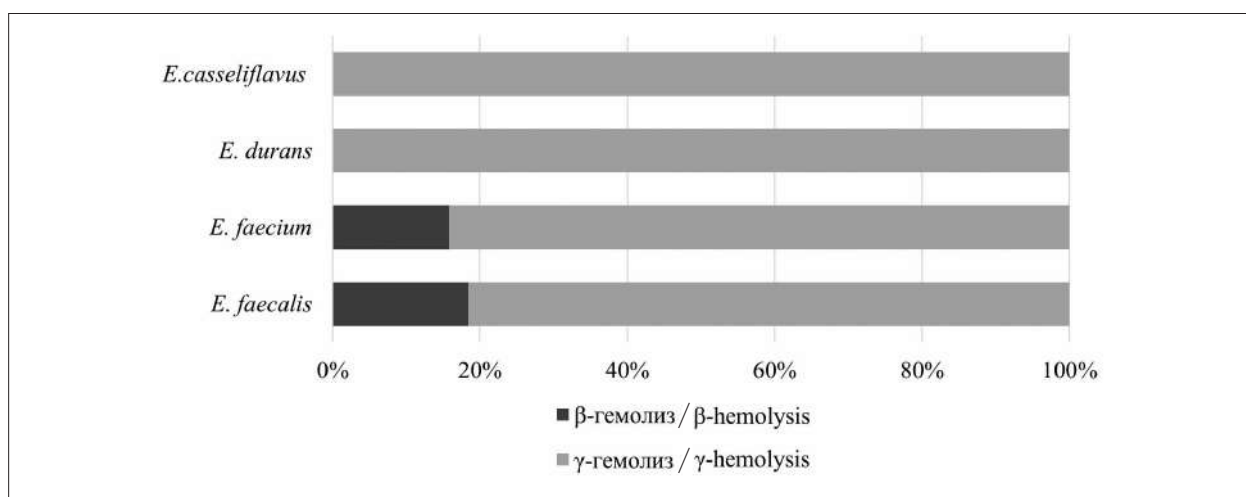


Рис. 2. Гемолитические свойства бактерий рода *Enterococcus*, выделенных из р. Второй Речки, % штаммов / **Fig. 2.** Hemolytic activity of the *Enterococcus* bacteria isolated from the Vtoraya Rechka River, % of strains

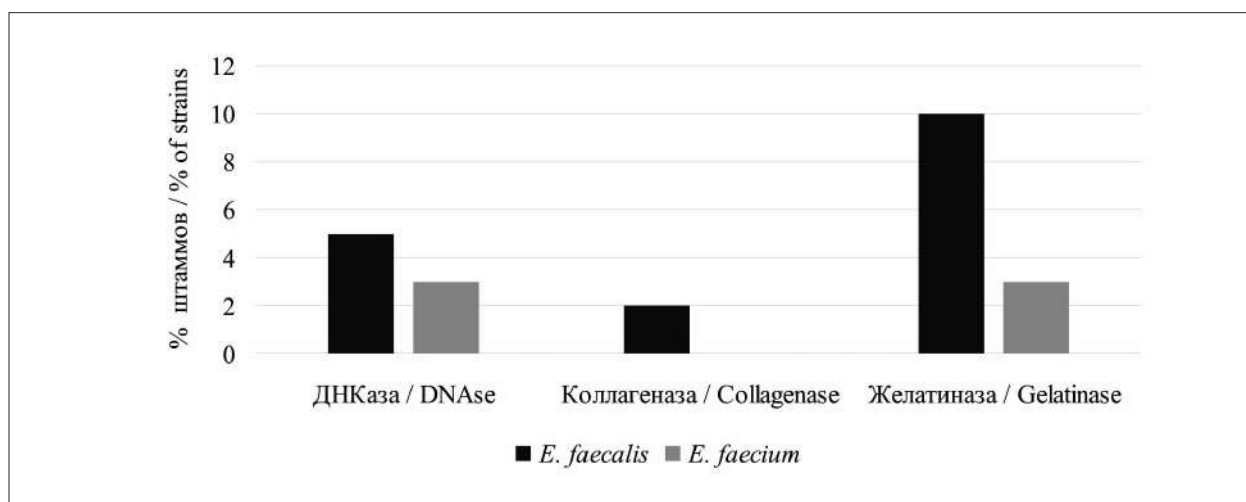


Рис. 3. Факторы патогенности бактерий рода *Enterococcus*, выделенных из воды р. Второй Речки, % штаммов
Fig. 3. Pathogenicity factors of the genus *Enterococcus* bacteria isolated from the Vtoraya Rechka River water, % of strains

лась значимая корреляция рангов Спирмена между гемолитической активностью и способностью разжижать желатин (что чрезвычайно важно при пенетрации бактерии), которая составляла 0,814 ($p < 0,05$). Данная связь характеризует формирование среди штаммов энтерококков, выделенных из р. Вторая Речка (г. Владивосток), водной экосистемы с антропогенной нагрузкой, популяции штаммов энтерококков с высоким патогенным потенциалом.

При анализе видового разнообразия идентифицированных нами энтерококков в водной среде с антропогенной нагрузкой [13] мы подтвердили, что бактерии р. *Enterococcus* могут сохраняться в пресной [14, 15] и солёной воде [16]. Из литературных данных известно, что они считаются представителями нормальной микробиоты кишечника человека и животных [17], что может иметь значение для идентификации фекального загрязнения на основании наличия определённых видов бактерий, связанных с бытовыми сточными водами [18, 19]. Наличие других видов р. *Enterococcus* может быть связано с очисткой бытовых вод [14]. Также в литературных данных показано, что адгезия к планктону жизнеспособных, но не культивируемых клеток способствует более длительному выживанию энтерококков в морских водах [16].

Заключение

В целом, можно отметить, что идентифицированные в пресном водоёме с антропогенной нагрузкой бактерии р. *Enterococcus* характеризовались выработкой различных факторов патогенности, но отличительной особенностью был комплекс гемолитической активности и способности вырабатывать желатиназу, что позволяет предположить больший патогенный потенциал у штаммов р. *Enterococcus*, выделенных в водной экосистеме. Большинство видов р. *Enterococcus* способны образовывать биоплёнки и известны пластичностью своего генома, что позволяет им легко приобретать, сохранять и распространять генетические признаки не только среди других штаммов энтерококков, но и среди других грамположительных бактерий [5].

Учитывая с одной стороны, убиквитарность микроорганизмов, а с другой стороны – пластичность генома бактерий данного рода, можно также прогнозировать и формирование популяции во внутривидовую и внутриродовую вариабельность с возможностью фор-

мирования высокопатогенных для человека или иных объектов живого мира геновариантов. Следовательно, изучение штаммов р. *Enterococcus*, выделенных из окружающей среды, и факторов их патогенности нуждается в особом внимании.

Литература

1. Willems R.J.L., van Schaik W. Transition of *Enterococcus faecium* from commensal organism to nosocomial pathogen // *Future Microbiol.* 2009. V. 4. No. 9. P. 1125–1135. doi: 10.2217/fmb.09.82
2. Byappanahalli M.N., Nevers M.B., Korajkic A., Staley Z.R., Harwood V.J. Enterococci in the environment // *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 2012. V. 76. No. 4. P. 685–706. doi: 10.1128/MMBR.00023-12
3. Osińska A., Korzeniewska E., Harnisz M., Felis E., Bajkacz S., Jachimowicz P., Niestepski S., Konopka I. Small-scale wastewater treatment plants as a source of the dissemination of antibiotic resistance genes in the aquatic environment // *J. Hazard. Mater.* 2020. V. 381. Article No. 121221. doi: 10.1016/j.jhazmat.2019.121221
4. Bürgmann H., Frigon D., Gaze W.H., Manaia C.M., Pruden A., Singer A.C., Smets B.F., Zhang T. Water and sanitation: an essential battlefront in the war on antimicrobial resistance // *FEMS Microbiol. Ecol.* 2018. V. 94. No. 9. Article No. fty101. doi: 10.1093/femsec/fty101
5. Geraldес C., Tavares L., Gil S., Oliveira M. *Enterococcus* virulence and resistant traits associated with its permanence in the hospital environment // *Antibiotics (Basel)*. 2022. V. 11. No. 7. Article No. 857. doi: 10.3390/antibiotics11070857
6. Codelia-Anjum A., Lerner L.B., Elterman D., Zorn K.C., Bhojani N., Chughtai B. Enterococcal urinary tract infections: a review of the pathogenicity, epidemiology, and treatment // *Antibiotics (Basel)*. 2023. V. 12. No. 4. Article No. 778. doi: 10.3390/antibiotics12040778
7. Cattoir V. The multifaceted lifestyle of enterococci: genetic diversity, ecology and risks for public health // *Curr. Opin. Microbiol.* 2022. V. 65. P. 73–80. doi: 10.1016/j.mib.2021.10.013
8. Мощенко А.В., Белан Т.А., Борисов Б.М., Лишавская Т.С., Севастьянов А.В. Современное загрязнение донных отложений и экологическое состояние макрозообентоса в прибрежной зоне Владивостока (залив Петра Великого Японского моря) // *Известия ТИНРО*. 2019. Т. 196. С. 155–181. doi: 10.26428/1606-9919-2019-196-155-181
9. Щепитова Н.Е., Сычёва М.В., Карташова О.Л. Биологические свойства антагонистически активных энтерококков кишечной микрофлоры животных // *Вестник ОГУ*. 2014. № 13. С. 134–138.
10. Брянская А.В., Уварова Ю.Е., Слынько Н.М., Демидов Е.А., Розанов А.С., Пельтек С.Е. Теоретические и практические аспекты проблемы биологического

окисления углеводов микроорганизмами // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2014. Т. 18. № 4/2. С. 999–1012.

11. Shogan B.D., Belogortseva N., Luong P.M., Zaborin A., Lax S., Bethel C., Ward M., Muldoon J.P., Singer M., An G., Umanskiy K., Konda V., Shakhsher B., Luo J., Klabbers R., Hancock L.E., Gilbert J., Zaborina O., Alverdy J.C. Collagen degradation and MMP9 activation by *Enterococcus faecalis* contribute to intestinal anastomotic leak // Sci. Transl. Med. 2015. V. 7. No. 286. Article No. 286ra68. doi: 10.1126/scitranslmed.3010658

12. Вальшев А.В., Герцен Н.В. Бактериоциногенез энтерококков кишечной микрофлоры человека // Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2013. Т. 90. № 5. С. 104–107.

13. Носкова Т.В., Панина М.С., Лабузова О.М., Папина Т.С., Ильина Е.Г. Оценка антропогенной нагрузки на водные объекты в городской черте // Теоретическая и прикладная экология. 2021. № 3. С. 98–103. doi: 10.25750/1995-4301-2021-3-098-103

14. Kühn I., Iversen A., Burman L.G., Olsson-Liljequist B., Franklin A., Finn M., Aarestrup F., Seyfarth A.M., Blanch A.R., Vilanova X., Taylor H., Caplin J., Moreno M.A., Dominguez L., Herrero I.A., Möllby R. Comparison of enterococcal populations in animals, humans, and the environment – a European study // Int. J. Food Microbiol. 2003. V. 88. No. 2–3. P. 133–145. doi: 10.1016/S0168-1605(03)00176-4

15. Gotkowska-Plachta A. The prevalence of virulent and multidrug-resistant enterococci in river water and in treated and untreated municipal and hospital wastewater // Int. J. Environ. Res. Public Health. 2021. V. 18. No. 2. Article No. 563. doi: 10.3390/ijerph18020563

16. Signorello C., Burlacchini G., Lleò M.M., Pruzzo C., Zampini M., Pane L., Franzini G., Canepari P. Adhesion of *Enterococcus faecalis* in the nonculturable state to plankton is the main mechanism responsible for persistence of this bacterium in both lake and seawater // Appl. Environ. Microbiol. 2004. V. 70. No. 11. P. 6892–6896. doi: 10.1128/AEM.70.11.6892-6896.2004

17. Barbosa J., Borges S., Teixeira P. Selection of potential probiotic *Enterococcus faecium* isolated from Portuguese fermented food // Int. J. Food Microbiol. 2014. V. 191. P. 144–148. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2014.09.009

18. Graves A.K., Weaver R.W. Characterization of enterococci populations collected from a subsurface flow constructed wetland // J. Appl. Microbiol. 2010. V. 108. No. 4. P. 1226–1234. doi: 10.1111/j.1365-2672.2009.04516.x

19. Harnisz M., Kiedrzyńska E., Kiedrzyński M., Korzeniewska E., Czatowska M., Koniuszewska I., Józwiak A., Szklarek S., Niestępski S., Zalewski M. The impact of WWTP size and sampling season on the prevalence of antibiotic resistance genes in wastewater and the river system // Sci. Total Environ. 2020. V. 741. Article No. 140466. doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.140466

References

1. Willems R.J.L., van Schaik W. Transition of *Enterococcus faecium* from commensal organism to nosocomial pathogen // Future Microbiol. 2009. V. 4. No. 9. P. 1125–1135. doi: 10.2217/fmb.09.82

2. Byappanahalli M.N., Nevers M.B., Korajkic A., Staley Z.R., Harwood V.J. Enterococci in the environment // Microbiol. Mol. Biol. Rev. 2012. V. 76. No. 4. P. 685–706. doi: 10.1128/MMBR.00023-12

3. Osińska A., Korzeniewska E., Harnisz M., Felis E., Bajkacz S., Jachimowicz P., Niestępski S., Konopka I. Small-scale wastewater treatment plants as a source of the dissemination of antibiotic resistance genes in the aquatic environment // J. Hazard. Mater. 2020. V. 381. Article No. 121221. doi: 10.1016/j.jhazmat.2019.121221

4. Bürgmann H., Frigon D., Gaze W.H., Manaia C.M., Pruden A., Singer A.C., Smets B.F., Zhang T. Water and sanitation: an essential battlefront in the war on antimicrobial resistance // FEMS Microbiol. Ecol. 2018. V. 94. No. 9. Article No. fiy101. doi: 10.1093/femsec/fiy101

5. Geraldes C., Tavares L., Gil S., Oliveira M. *Enterococcus* virulence and resistant traits associated with its permanence in the hospital environment // Antibiotics (Basel). 2022. V. 11. No. 7. Article No. 857. doi: 10.3390/antibiotics11070857

6. Codelia-Anjum A., Lerner L.B., Elterman D., Zorn K.C., Bhojani N., Chughtai B. Enterococcal urinary tract infections: a review of the pathogenicity, epidemiology, and treatment // Antibiotics (Basel). 2023. V. 12. No. 4. Article No. 778. doi: 10.3390/antibiotics12040778

7. Cattoir V. The multifaceted lifestyle of enterococci: genetic diversity, ecology and risks for public health // Curr. Opin. Microbiol. 2022. V. 65. P. 73–80. doi: 10.1016/j.mib.2021.10.013

8. Moshchenko A.V., Belan T.A., Borisov B.M., Lishavskaya T.S., Sevastyanov A.V. Modern contamination of bottom sediments and ecological state of macrozoobenthos in the coastal zone of Vladivostok (Peter the Great Bay, Japan Sea) // Izv. TINRO. 2019. V. 196. P. 155–181 (in Russian). doi: 10.26428/1606-9919-2019-196-155-181

9. Shchepitova N.E., Sycheva M.V., Kartashova O.L. Biological properties of antagonistically active enterococci of the intestine microflora of animals // Bulletin of the Orenburg State University. 2014. No. 13. P. 134–138 (in Russian).

10. Bryanskaya A.V., Uvarova Yu.E., Slynko N.M., Demidov E.A., Rozanov A.S., Peltek S.E. Theoretical and practical issues of biological oxidation of hydrocarbons by microorganisms // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2014. V. 4/2. P. 999–1012 (in Russian).

11. Shogan B.D., Belogortseva N., Luong P.M., Zaborin A., Lax S., Bethel C., Ward M., Muldoon J.P., Singer M., An G., Umanskiy K., Konda V., Shakhsher B., Luo J., Klabbers R., Hancock L.E., Gilbert J., Zaborina O., Al-

verdy J.C. Collagen degradation and MMP9 activation by *Enterococcus faecalis* contributes to intestinal anastomotic leak // Sci. Transl. Med. 2015. V. 7. No. 286. Article No. 286ra68. doi: 10.1126/scitranslmed.3010658

12. Valyshev A.V., Gertsen N.V. Bacteriocinogenesis of enterococci of human intestine microflora // Journal of microbiology, epidemiology and immunobiology. 2013. V. 90. No. 5. P. 104–107 (in Russian).

13. Noskova T.V., Panina M.S., Labuzova O.M., Papina T.S., Ilina E.G. Evaluation of anthropogenic load on water bodies within the city limits // Theoretical and Applied Ecology. 2021. No. 3. P. 98–103 (in Russian). doi: 10.25750/1995-4301-2021-3-098-103

14. Kühn I., Iversen A., Burman L.G., Olsson-Liljequist B., Franklin A., Finn M., Aarestrup F., Seyfarth A.M., Blanch A.R., Vilanova X., Taylor H., Caplin J., Moreno M.A., Dominguez L., Herrero I.A., Möllby R. Comparison of enterococcal populations in animals, humans, and the environment – a European study // Int. J. Food Microbiol. 2003. V. 88. No. 2–3. P. 133–145. doi: 10.1016/S0168-1605(03)00176-4

15. Gotkowska-Plachta A. The prevalence of virulent and multidrug-resistant enterococci in river water and in treated and untreated municipal and hospital wastewater // Int. J.

Environ. Res. Public Health. 2021. V. 18. No. 2. Article No. 563. doi: 10.3390/ijerph18020563

16. Signoretto C., Burlacchini G., Lleo M.M., Pruzzo C., Zampini M., Pane L., Franzini G., Canepari P. Adhesion of *Enterococcus faecalis* in the nonculturable state to plankton is the main mechanism responsible for persistence of this bacterium in both lake and seawater // Appl. Environ. Microbiol. 2004. V. 70. No. 11. P. 6892–6896. doi: 10.1128/AEM.70.11.6892-6896.2004

17. Barbosa J., Borges S., Teixeira P. Selection of potential probiotic *Enterococcus faecium* isolated from Portuguese fermented food // Int. J. Food Microbiol. 2014. V. 191. P. 144–148. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2014.09.009

18. Graves A.K., Weaver R.W. Characterization of enterococci populations collected from a subsurface flow constructed wetland // J. Appl. Microbiol. 2010. V. 108. No. 4. P. 1226–1234. doi: 10.1111/j.1365-2672.2009.04516.x

19. Harnisz M., Kiedrzyńska E., Kiedrzyński M., Korzeniewska E., Czatkwowska M., Koniuszewska I., Jóźwik A., Szklarek S., Niestępski S., Zalewski M. The impact of WWTP size and sampling season on the prevalence of antibiotic resistance genes in wastewater and the river system // Sci. Total Environ. 2020. V. 741. Article No. 140466. doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.140466