

**ОСОБО ОПАСНЫЕ ПАТОГЕНЫ БАКТЕРИАЛЬНОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ
В ПРЕСНОВОДНОМ ИНДУСТРИАЛЬНОМ РЫБОВОДСТВЕ СЕВЕРО-ЗАПАДА РОССИИ**

Племяшов К. В. — д-р ветеринар. наук, проф., член-корр. РАН, ректор (ORCID 0000-0002-3658-5886); Крутикова А. А. * — канд. биол. наук, доц. каф. генетических и репродуктивных биотехнологий (ORCID 0000-0003-2561-145x); Костромин Е. А. — канд. биол. наук, доц. каф. аквакультуры и болезней рыб (0000-0002-1242-8392); Кузнецова Т. Ш. — канд. биол. наук, доц. каф. генетических и репродуктивных биотехнологий (ORCID 0000-0002-8981-0696).

ФГБОУ ВО «Санкт-Петербургский государственный университет ветеринарной медицины».

* anntim2575@mail.ru.

Ключевые слова: аквакультура, бактериальные патогены рыб, сиговые, гольцовые, антибиотикорезистентность, молекулярная диагностика.

Key words: aquaculture, bacterial fish pathogens, coregonids, chars, antimicrobial resistance, molecular diagnostics.

Поступила в редакцию / Received: 15.02.2026

Одобрена после рецензирования / Revised: 11.06.2026

Принята к печати / Accepted: 25.06.2026



РЕФЕРАТ. Пресноводная аквакультура северо-западных регионов России, таких как Республика Карелия, Ленинградская, Вологодская и Мурманская области, специализируется преимущественно на разведении рыб семейства лососёвых (*Salmo*, *Oncorhynchus*, *Salvelinus*) и сиговых — (*Coregonus*). В условиях интенсификации производства, трансформации природных свойств водных объектов и специфики гидроклиматических условий региона бактериальные инфекции приобретают характер наиболее распространённой и экономически значимой угрозы отрасли. Целью работы является системный анализ актуальных данных международных баз генетической информации по вопросам этиологии, молекулярно-генетических механизмов вирулентности, а также анализ научных публикаций о проблемах эпидемиологии и экономической значимости ведущих бактериальных патогенов пресноводной аквакультуры северо-западного региона России. Проведен систематический анализ баз данных генетической информации (NCBI GenBank, UniProt) о ведущих бактериальных патогенах пресноводной аквакультуры в условиях холодноводного рыбоводства. Рассмотрены наиболее опасные нозологии, такие как фурункулёз лососёвых (*Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida*), болезни холодной воды (*Flavobacterium psychrophilum*), болезни красного рта (*Yersinia ruckeri*), бактериальной болезни почек (*Renibacterium salmoninarum*) и колумнариозы (*Flavobacterium columnare*). Рассмотрены молекулярно-генетические детерминанты вирулентности каждого патогена, включая системы секреции типа III (T3SS) и VI (T6SS), основные токсины и факторы адгезии. Показана нарастающая роль антибиотикорезистентности, в том числе горизонтального переноса генов резистентности, как системной угрозы в контексте концепции «Единого здоровья» (*One Health*). Сделан вывод о необходимости внедрения в отечественную практику мультиплексной молекулярной диагностики, регулярного геномного надзора за циркулирующими штаммами и совершенствования биобезопасности рыбоводных хозяйств.

ВВЕДЕНИЕ / INTRODUCTION. Индустриальное рыбоводство является одним из наиболее динамично развивающихся секторов агропромышленного комплекса России. По данным Росрыболовства, объём производства продукции аквакультуры в Российской Федерации по итогам 2023 года превысил 380 тыс. тонн, при этом значительная доля продукции приходится на пресноводные хозяйства Северо-Западного федерального округа. Республика Карелия остаётся крупнейшим регионом — продуцентом товарной форели и лосося в пресноводном рыбоводстве страны, а промышленное разведение сигов (*Coregonus* spp.) и гольцов (*Salvelinus* spp.) приобретает всё большее значение в Ленинградской, Вологодской и Мурманской областях. Между тем, в 2025 году отмечено уменьшение объёма товарного производства рыбы по причине

роста бактериальных инфекционных заболеваний в аквакультуре Северо-Запада.

Интенсификация производства, рост плотности посадки, трансформация природных свойств водных объектов, расширение оборота живой рыбы между хозяйствами неизбежно сопровождаются усилением эпизоотической нагрузки. Инфекционные болезни рыб, по различным оценкам, ответственны за 10—30 % совокупных потерь мировой аквакультуры [1]. Среди инфекционных агентов бактериальные патогены занимают лидирующее положение: они обуславливают наибольшее число регистрируемых вспышек, причиняют значительный прямой экономический ущерб вследствие гибели рыбы и косвенный — в связи с затратами на антибиотикопрофилактику, дезинфекцию и вынужденный убой поголовья [2].

Северо-западные регионы России характеризуются специфическим гидроклиматическим профилем: низкая температура воды (4–14°C в течение большей части года), высокая кислородная ёмкость, олиготрофность большинства озёрных водоёмов Карелии и Мурманской области. Эти условия, с одной стороны, благоприятны для выращивания холодноводных рыб, с другой — создают оптимум для размножения психрофильных и психротрофных бактериальных патогенов, прежде всего *Aeromonas salmonicida subsp. salmonicida*, *Flavobacterium psychrophilum* и *Yersinia ruckeri* [3].

Особую научную и практическую актуальность представляет изучение бактериозов применительно к сиговым и гольцовым рыбам. Промышленное разведение пеляди (*Coregonus peled*), сига-лудогги (*C. lavaretus*), нельмы (*Stenodus nelma*), а также арктического гольца (*Salvelinus alpinus*) и кумжи (*Salmo trutta*) в последние годы существенно расширилось. Между тем восприимчивость этих видов к основным бактериальным патогенам аквакультуры изучена значительно хуже, чем у радужной форели (*Oncorhynchus mykiss*), а специфических диагностических протоколов и вакцин для данных видов в России практически не разработано.

Дополнительной угрозой служит нарастание антибиотикорезистентности среди возбудителей болезней рыб — явление, являющееся не только актуальной проблемой ветеринарной медицины, но и приобретающее характер проблемы общественного здравоохранения в контексте концепции «Единого здоровья» (*One Health*) [4].

Целью настоящей работы является системный анализ актуальных данных международных баз генетической информации по вопросам этиологии, молекулярно-генетических механизмов вирулентности, а также анализ научных публикаций о проблемах эпидемиологии и экономической значимости ведущих бактериальных патогенов пресноводной аквакультуры северо-западного региона России. Приоритетом является уязвимость сиговых (*Coregonidae*) и гольцовых (*Salvelinus spp.*) видов рыб и выработка рекомендаций по совершенствованию молекулярно-диагностической базы.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ / MATERIALS AND METHODS. Выполнен системный аналитический обзор. Дополнительно использованы геномные базы данных NCBI GenBank и RefSeq для верификации генетических данных о патогенах, а также данные UniProt для анализа белков-факторов вирулентности. Проанализированы материалы методических руководств FAO и WOAH (МЭБ) по диагностике нотифицируемых болезней рыб.

РЕЗУЛЬТАТЫ / RESULTS. Исходя из анализа экспериментальных данных рыбоводческих хозяйств, наиболее опасным возбудителем системного бактериоза — фурункулёза — является грамотрицательная, неподвижная, факультативно-анаэробная гамма-протеобактерия *Aeromonas salmonicida* подвид *Salmonicida* из семейства *Aeromonadaceae*. Возбудитель известен в аква-

культуре более ста лет [5]. Для патогена характерно психрофильное поведение: оптимальная температура роста составляет 22–25°C, однако клинически значимые вспышки регистрируются при 8–18°C, что принципиально важно для условий Северо-Запада России.

Центральным молекулярным детерминантом вирулентности *A. salmonicida* служит система секретиции типа III (T3SS), кодируемая генами *asc*-оперона, опосредующая инъекцию эффекторных белков AopP, AopO, AexT непосредственно в цитоплазму клеток-хозяев с целью подавления иммунного ответа [6]. Поверхностный S-слой (белок VarA, кодируемый хромосомным геном *varA*) обеспечивает защиту от опсонизации и фагоцитоза, образуя антифагоцитарный барьер [7]. Кроме того, патоген продуцирует экзоферменты (протеазы, хитиназу, аэролизин-подобные гемолизины), усугубляющие деструкцию тканей и развитие некротических поражений мышц [8].

В отношении сиговых и гольцовых рыб показательны результаты стандартизированной модели заражения *Salvelinus fontinalis* (ручьевая форель) штаммом *A. salmonicida* 890054: вид оказался высоко восприимчивым при внутрибрюшинном инфицировании, а клинические признаки фурункулёза не отличались от таковых у радужной форели [9]. Имеющиеся данные свидетельствуют, что сиговые, в частности (*C. lavaretus* и *C. maraena*) восприимчивы к *A. salmonicida* в условиях промышленного разведения; в европейских специализированных сиговых хозяйствах зарегистрированы рецидивирующие вспышки фурункулёза с клиническими признаками, аналогичными таковым у лососёвых [10].

Нарастание резистентности к антибактериальным препаратам у *A. salmonicida* задокументировано во многих странах. По данным комплексного геномного анализа штаммов из европейской аквакультуры, значительная их доля несёт детерминанты резистентности к тетрациклинам (*tet*), хинолонам (мутации *gyrA*) и β-лактамам на мобильных генетических элементах [11]. Схожая ситуация зафиксирована для возвратных штаммов из чилийской аквакультуры [12]. Принципиально важно, что данных о профилях резистентности штаммов *A. salmonicida* из российских аквакультурных хозяйств в международных базах генетической информации крайне мало: этот пробел препятствует сравнительному анализу и требует целенаправленного устранения.

Не менее актуальным патогеном является *Flavobacterium psychrophilum* (тип *Bacteroidota*, класс *Flavobacteriia*) — психрофильная грамотрицательная палочка размером 3–5 мкм, возбудитель «болезни холодной воды» (Bacterial Cold Water Disease, BCWD) и синдрома мальков радужной форели (Rainbow Trout Fry Syndrome, RTFS) [13]. Впервые возбудитель изолирован в 1948 году при гибели кижуча (*Oncorhynchus kisutch*) в США, с 1980-х годов распространился по всем регионам промышленного разведения лососевых в Европе, включая страны Балтийского и Беломорского бассейнов.

Оптимальная температура роста возбудителя — 15 °С, клиническая манифестация типична при температуре воды ниже 16 °С. Возбудитель обладает выраженной скользящей подвижностью, растёт в виде жёлтых колоний с ризоидными краями на агаре TYES или Cytophaga-агаре спустя 5–7 суток инкубации [14]. Геномный анализ штаммов, представленных в базе NCBI GenBank, демонстрирует значительное межштаммовое разнообразие с выделением нескольких генотипов (GenBank accession NC_009613.1 — референсный геном). Факторы вирулентности включают металлопротеазы (FrpP1, FrpMMP) и внеклеточные гликозидазы, которые совокупно обуславливают лизис эритроцитов и тканевую деструкцию [15].

Для сиговых рыб (*Coregonus spp.*) зарегистрированы клинически подтверждённые случаи флавобактериоза: в Финляндии возбудитель изолирован от *C. muksun*, *Perca fluviatilis* и *Rutilus rutilus* в прибрежных хозяйствах Балтийского бассейна [16]. Для арктического гольца (*Salvelinus alpinus*) установлено, что инфекция *F. psychrophilum* может протекать с преимущественным поражением почек и развитием сепсиса, причём летальность у данного вида при экспериментальном заражении достигает 70 % [18].

Трансмиссия патогена осуществляется как горизонтальным, так и вертикальным путём. Взрослые переболевшие рыбы служат хроническими носителями и источником инфицирования мальков, что создаёт устойчивый инфекционный резервуар в хозяйстве [19]. Выработка антител у вакцинированных рыб была продемонстрирована для инъекционной вакцины против штаммов серотипа Fd, однако перекрестная протекция против гетерологичных штаммов остается ограниченной [20]. В России коммерческих вакцин против *F. psychrophilum* не зарегистрировано — в отличие от ряда европейских стран, где экспериментальные иммунопрофилактические препараты уже проходят доклинические испытания.

Не менее значимым в Северо-Западном регионе является возбудитель болезни красного рта или энтерической краснухи лососевых (Enteric Redmouth Disease, ERM) — *Yersinia ruckeri* — грамотрицательная энтеробактерия (тип *Proteobacteria*, семейство *Yersiniaceae*). Впервые описана у радужной форели в США в 1950-х годах, к настоящему времени распространена в рыбоводческих хозяйствах Европы, Северной и Южной Америки, Ближнего Востока, Китая [21]. Геном *Y. ruckeri* размером 3,7 Мб содержит 3406—3530 кодирующих последовательностей (GenBank CP013682.1 — референсный геном штамма 150, изолированного от радужной форели).

Молекулярные детерминанты вирулентности включают гемолизин YhlA и металлопротеазу YgrP1 — ключевые факторы тканевой инвазии и уклонения от иммунного ответа хозяина [22]. Возбудитель проникает в организм рыбы преимущественно через вторичные жаберные ламеллы и диссеминирует через кровоток во внутренние

органы, вызывая геморрагическую септицемию с характерными кровоизлияниями в ротовой полости и вокруг глаз, экзофтальмом и воспалением кишечника [23]. Классификация *Y. ruckeri* включает четыре серотипа O (O1–O4) и два биотипа (биотип 1 — подвижный, биотип 2 — неподвижный); большинство эпизоотий в хозяйствах связано со штаммами серотипа O1, биотипа 1. Однако рост числа вспышек у вакцинированных рыб свидетельствует об экспансии биотипа 2, против которого стандартные вакцины менее эффективны [24].

Данные о восприимчивости сиговых и гольцовых рыб к *Y. ruckeri* в литературе ограничены, однако имеющиеся сведения указывают на то, что патоген способен инфицировать широкий круг видов рыб включая хариуса (*Thymallus thymallus*) и щуку (*Esox lucius*) при стрессовых условиях содержания [25]. Потенциальный риск для хозяйств, совмещающих разведение радужной форели и сиговых видов, состоит в том, что последние могут поддерживать субклиническое носительство, не проявляя выраженной клиники, и служить источником заражения более чувствительных видов лососевых.

Особо значимой нозологической единицей для стран Северо-Западной Европы является бактериальная болезнь почек лососевых (Bacterial Kidney Disease, BKD). Возбудитель заболевания *Renibacterium salmoninarum* (тип *Actinobacteria*, семейство *Micrococcaceae*) — грамположительный, неподвижный, нечленившийся диплобацилл размером 0,3—1,0 × 1,0—1,5 мкм, факультативный внутриклеточный патоген. Впервые *Renibacterium salmoninarum* описан в 1930-х годах в атлантическом лососе на реках Ди и Спей в Шотландии [26]. В настоящее время BKD регистрируется во всех регионах промышленного разведения лососевых.

Ключевым фактором вирулентности у *R. salmoninarum* служит секретируемый иммуносупрессорный белок p57 (продукт гена *msa*), который подавляет пролиферацию лимфоцитов хозяина и блокирует фагоцитарную активность макрофагов [27]. Это позволяет возбудителю длительно персистировать в паренхиматозных органах — прежде всего в почках — с образованием гранулематозных очагов некроза, асцитом и сплено- и гепатомегалией. Биологически значимая особенность *R. salmoninarum* — крайне медленный рост *in vitro* (10—12 недель инкубации на среде KDM-2) и редкое ложноотрицательное бактериологическое исследование, что обуславливает необходимость применения ПЦР для надёжной диагностики.

В Скандинавии установлена высокая чувствительность арктического гольца (*Salvelinus alpinus*) к BKD. Экспериментальные заражения гольцов в Исландии показали, что клинические признаки заболевания и гибель рыб развивались в течение 6—13 недель после внутрибрюшинной инъекции дозой 5 × 10⁶ КОЕ/рыбу [28]. Это делает *S. alpinus* одним из наиболее уязвимых видов в условиях промышленного рыбоводства. Применительно к Северо-Западной России это особен-

но значимо, поскольку ПЦР-диагностика ВКД не стандартизована в российских ветеринарных лабораториях, что повышает риск пропущенного диагноза при рутинном мониторинге. Результаты шведского эпизоотологического обследования дикой ихтиофауны нескольких речных бассейнов зафиксировали наличие *R. salmoninarum* в образцах арктического гольца с визуально наблюдаемыми гранулемами почек [29]. При рассмотрении полных геномов норвежских изолятов *R. salmoninarum* в 2022—2024 годах было установлено, что они представляют собой две генетические близкие группы, связанные с одной эволюционной ветвью, которая в последние годы все шире регистрируется в аквакультурных хозяйствах [30]. Обнаружение эндемических резервуаров в дикой ихтиофауне европейских водных систем — включая *S. alpinus* Исландии — указывает на циркуляцию патогена, независимую от актуальных вспышек в хозяйствах, и на потенциальный риск его заноса в российские водоёмы через мигрирующую рыбу.

Актуальным для рыбоводческих хозяйств Северо-Запада России также представляется *Flavobacterium columnare* (тип *Bacteroidota*) — возбудитель жаберного и кожного флавобактериоза, широко распространенного в пресноводной аквакультуре умеренного климата. Патоген обладает скользящей подвижностью, формирует характерные «стогаобразные» колонии с ризоидными краями на агаре Ши, агаре Сьюй-Шоттса, агаре Анакера-Ордала. Подразделяется на пять геноваров (I, I/II, II, II-V и III), различающихся по вирулентности и географическому распространению [31].

Клинически жаберный и кожный флавобактериоз проявляется желтоватыми некротическими очагами на коже (чаще всего в области дорсального плавника и хвостового стебля), жаберными поражениями со снижением газообмена, геморрагиями и язвами. Возбудитель широко инфицирует пресноводных рыб умеренного климата — карпа, карася, угря, лосося, форель, окуня — без выраженной специфичности хозяина [32]. Вспышки флавобактериоза чаще происходят при повышении температуры воды выше 15°C, что особенно актуально для летне-осеннего периода в хозяйствах Ленинградской и Вологодской областей.

Для сиговых видов зарегистрированы коинфекции *F. columnare* с *A. hydrophila*, приводящие к выраженной лимфогематопозитической депрессии [17]. Сравнительный геномный анализ штаммов *F. columnare* выявил ряд потенциально мобильных генов резистентности, включая детерминанты устойчивости к тетрациклинам и хинолонам, что указывает на участие горизонтального переноса генов в распространении антибиотикорезистентности в аквакультурных системах [33].

Практика антибиотикотерапии (прежде всего тетрациклины, хинолоны, флорфеникол) широко применяется в российской аквакультуре при бактериозах рыб. Нерегулируемое или нерациональное применение антибиотиков создает селектив-

ное давление, благоприятствующее аккумуляции и горизонтальному переносу генов резистентности через мобилом (плазмиды, транспозоны, интегроны) [4]. Среди рассматриваемых патогенов мультилекарственная резистентность (MDR) наиболее часто документируется для *A. hydrophila* и *A. salmonicida*: показатели распространённости MDR-изолятов в различных регионах достигают 51,6 % и выше [34].

Для *A. hydrophila* в международных базах данных накоплены данные о вирулентных генах *aerA* (аэролизин) и *hlyA* (гемолизин), присутствующих в 80,5 % и 80,1 % клинических изолятов соответственно [35]. Сочетание вирулентных и резистентных фенотипов на уровне одного штамма создаёт наиболее опасный эпидемиологический сценарий. Резистентные изоляты водной среды — независимо от прямой связи с аквакультурными хозяйствами — могут служить резервуаром генов антибиотикорезистентности, доступным для всех бактериальных патогенов рыб и, потенциально, для зоонозных возбудителей [36].

Принципиальной методологической проблемой диагностики рассматриваемых патогенов является их морфологическое и культуральное сходство, а также возможность субклинического носительства. Мультиплексная ПЦР на основе гена 16S рРНК позволит одновременно идентифицировать *A. salmonicida*, *F. psychrophilum* и *Y. ruckeri* с пределами детекции 6, 0,6 и 27 КОЕ/реакцию, соответственно [37].

Перспективным направлением является разработка CRISPR/Cas12a-совместимых диагностических платформ (CRISPR-Dx), обеспечивающих чувствительность уровня ПЦР без необходимости термоциклирования в сочетании с визуальным детектированием результата [38]. Метагеномное секвенирование (eDNA-профилирование) открывает возможности не только для детекции известных патогенов, но и для обнаружения некультивируемых форм и новых потенциальных возбудителей в водных объектах рыбохозяйственного значения [38]. Полногеномное секвенирование (WGS) патогенных изолятов с последующим анализом мобилома и профиля резистентности признаётся золотым стандартом молекулярной эпидемиологии в рыбоводстве [39].

ВЫВОДЫ / CONCLUSION. Проведённый анализ позволяет выделить пять приоритетных бактериальных патогенов пресноводной аквакультуры Северо-Западной России, совокупное воздействие которых определяет эпизоотическую обстановку в отрасли: *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida* (фурункулёз), *Flavobacterium psychrophilum* (болезнь холодной воды), *Yersinia ruckeri* (болезнь красного рта), *Renibacterium salmoninarum* (бактериальная болезнь почек) и *Flavobacterium columnare* (флавобактериоз). Каждый из перечисленных патогенов при стечении неблагоприятных условий (температурный стресс, высокая плотность посадки, иммуносупрессия)

способен вызывать эпизоотии с летальностью до 70—90 % у восприимчивых видов — прежде всего молоди и мальков. Следует учитывать, что сиговые (*Coregonus spp.*) и гольцовые (*Salvelinus spp.*) рыбы, являющиеся приоритетными объектами разведения в Карелии, Ленинградской и Вологодской областях, демонстрируют высокую, зачастую превышающую таковую у радужной форели, восприимчивость к *F. psychrophilum*, *R. salmoninarum* и *A. salmonicida*. Данные по восприимчивости *Coregonus* к *Y. ruckeri* в условиях российских рыбоводных хозяйств не верифицированы ни в одной опубликованной работе — этот вопрос остаётся открытым и требует целенаправленного эпизоотологического мониторинга.

Молекулярно-генетические факторы вирулентности рассматриваемых патогенов (T3SS, гемолизины, металлопротеазы, белок p57 *R. salmoninarum*) обеспечивают уклонение от иммунного ответа хозяина и длительную персистенцию.

Геномное разнообразие штаммов, обращающихся в европейских хозяйствах, свидетельствует о продолжающейся эволюции патогенов и возможности реэмергенции высокопатогенных генотипов.

Антибиотикорезистентность бактериальных патогенов аквакультуры носит нарастающий характер; MDR-изоляты с мобильными генами резистентности зарегистрированы для *A. salmonicida*, *A. hydrophila* и *F. columnare*. Это подчёркивает необходимость рационального применения антибиотиков, регулярного мониторинга чувствительности изолятов и развития альтернативных стратегий — вакцинации, пробиотиков, фаготерапии.

Внедрение в практику российских рыбоводных хозяйств мультиплексных ПЦР-панелей, охватывающих приоритетные патогены, полногеномное секвенирование клинических изолятов и регулярный надзор за резистентностью водной среды методами метагеномики является неотложной задачей для обеспечения биобезопасности отрасли.

PARTICULARLY DANGEROUS BACTERIAL PATHOGENS IN FRESHWATER INDUSTRIAL FISH FARMING IN THE NORTH-WEST OF RUSSIA

Plemyashov K. V. — D. Sc. (Veterinary Science), Professor, Corresponding Member of the Russian Academy of Sciences, Rector (ORCID 0000-0002-3658-5886); **Krutikova A. A.*** — Ph.D. (Biology), Assoc. Professor, Department of Genetic and Reproductive Biotechnology (ORCID 0000-0003-2561-145x); **Kostromin E. A.**, Ph.D. (Biology), Assoc. Professor, Department of Aquaculture and Fish Diseases (0000-0002-1242-8392); **Kuznetsova T. Sh.** — Ph.D. (Biology), Assoc. Professor, Department of Genetic and Reproductive Biotechnology (ORCID 0000-0002-8981-0696).

Saint Petersburg State University of Veterinary Medicine.

*anntim2575@mail.ru.

ABSTRACT. Freshwater aquaculture in northwestern Russia, including the Republic of Karelia and the Leningrad, Vologda, and Murmansk regions, primarily specializes in the farming of salmonids (*Salmo*, *Oncorhynchus*, *Salvelinus*) and whitefish (*Coregonus*). With production intensifying, the natural properties of water bodies changing, and the region's unique hydroclimatic conditions, bacterial infections are becoming the most widespread and economically significant threat to the industry. The aim of this study is to systematically analyze current data from international genetic databases on the etiology and molecular genetic mechanisms of virulence, as well as to analyze scientific publications on the epidemiology and economic significance of leading bacterial pathogens in freshwater aquaculture in northwestern Russia. A systematic analysis of genetic databases (NCBI GenBank, UniProt) on leading bacterial pathogens in freshwater aquaculture under cold-water fish farming conditions was conducted. The most dangerous nosologies are considered, such as salmon furunculosis (*Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida*), cold-water disease (*Flavobacterium psychrophilum*), red mouth disease (*Yersinia ruckeri*), bacterial kidney disease (*Renibacterium salmoninarum*), and columnaris (*Flavobacterium columnare*). The molecular genetic determinants of virulence for each pathogen are examined, including the type III (T3SS) and type VI (T6SS) secretion systems, the main toxins, and adhesion factors. The increasing role of antibiotic resistance, including horizontal transfer of resistance genes, as a systemic threat in the context of the One Health concept is demonstrated. A conclusion is drawn regarding the need to introduce multiplex molecular diagnostics, regular genomic surveillance of circulating strains, and improved biosecurity on fish farms into domestic practice.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Shinn A.P. et al. Economic costs of freshwater fish diseases // Journal of Fish Diseases. — 2015. — Vol. 38. — P. 1—10. DOI: 10.1111/jfd.12244.
2. Maezono Y. et al. The current state of knowledge of the economic impact of diseases in global aquaculture // Reviews in Aquaculture. — 2025. DOI: 10.1111/raq.70039. DOI: 10.1111/raq.70039.

REFERENCES

1. Shinn A.P. et al. Economic costs of freshwater fish diseases // Journal of Fish Diseases. — 2015. — Vol. 38. — P. 1—10. DOI: 10.1111/jfd.12244.
2. Maezono Y. et al. The current state of knowledge of the economic impact of diseases in global aquaculture // Reviews in Aquaculture. — 2025. DOI: 10.1111/raq.70039. DOI: 10.1111/raq.70039.

3. Ahmed I. et al. An overview on understanding the major bacterial fish diseases in freshwater salmonids // *Frontiers in Aquaculture*. — 2025. — Vol. 4. — Art. 1515831. DOI: 10.3389/faqc.2025.1515831.
4. Rodgers C. J. et al. Antimicrobial resistance in aquaculture: risk mitigation within the One Health context // *Pathogens*. — 2024. — Vol. 13. DOI: 10.3390/pathogens13060501.
5. Austin B., Austin D. A. *Bacterial Fish Pathogens: Disease of Farmed and Wild Fish*. — 6th ed. — Springer, Cham. — 2016. — 653 p. DOI: 10.1007/978-3-319-32674-0.
6. Vanden Bergh P., Frey J. *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida* in the light of its type-three secretion system // *Microbial Biotechnology*. — 2014. — Vol. 7(5). — P. 381–400. DOI: 10.1111/1751-7915.12091.
7. Dallaire-Dufresne S., Tanaka K. H. et al. Virulence, genomic features, and plasticity of *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida*, the causative agent of fish furunculosis // *Veterinary Microbiology*. — 2014. — Vol. 169(1-2). — P. 1–7. DOI: 10.1016/j.vetmic.2013.06.025.
8. Vincent A.T. et al. The *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida* exoproteome: global analysis, moonlighting proteins and putative antigens for vaccination against furunculosis // *Proteomics*. — 2013. — Vol. 13. — P. 3101–3116. DOI: 10.1002/pmic.201200577.
9. Charette S.J. et al. Genomic perspectives on *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida* strain 890054 as a model system for pathogenicity studies and mitigation of fish infections // *Frontiers in Marine Science*. — 2021. — Vol. 8. — Art. 744052. DOI: 10.3389/fmars.2021.744052.
10. Bader C. et al. The Power of Preventive Protection: Effects of Vaccination Strategies on Furunculosis Resistance in Large-Scale Aquaculture of *Morone whitefish* // *Fishes*. — 2025. — Vol. 10(8). — Art. 374. DOI: 10.3390/fishes10080374.
11. Desmecht S. et al. Genomic and virulence insights of Western European *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida* and development of *Galleria mellonella* infection assay // *Journal of Applied Microbiology*. — 2025. — Vol. 136(8). — Art. 1xaf193. DOI: 10.1093/jambio/1xaf193.
12. Godoy M. et al. Genomics of Re-Emergent *Aeromonas salmonicida* in Atlantic Salmon Outbreaks // *Microorganisms*. — 2024. — Vol. 12(1). — Art. 64. DOI: 10.3390/microorganisms12010064.
13. Starliper C. E. Bacterial coldwater disease of fishes caused by *Flavobacterium psychrophilum* // *Journal of Advanced Research*. — 2011. — Vol. 2. — №. 2. — P. 97–108. DOI: 10.1111/j.1365-2761.2010.01224.x.
14. Ciulli S. et al. First detection of *Flavobacterium psychrophilum* in juvenile Siberian sturgeons (*Acipenser baerii*) and description of the pathological findings // *Journal of Fish Diseases*. — 2023. — Vol. 46. — P. 887–894. DOI: 10.1111/jfd.13801.
15. Castillo D. et al. Comparative genome analysis provides insights into the pathogenicity of *Flavobacterium psychrophilum* // *PLOS ONE*. — 2016. — Vol. 11. — Art. e0152515. DOI: 10.1371/journal.pone.0152515.
16. Starliper C. E. Bacterial coldwater disease of fishes caused by *Flavobacterium psychrophilum* // *Journal of Advanced Research*. — 2011. — Vol. 2(2). — P. 97–108. DOI: 10.1016/j.jare.2010.04.001.
17. Scott M., Bollinger T. Coinfection with *Flavobacterium columnare* and *Aeromonas hydrophila* in lake whitefish
3. Ahmed I. et al. An overview on understanding the major bacterial fish diseases in freshwater salmonids // *Frontiers in Aquaculture*. — 2025. — Vol. 4. — Art. 1515831. DOI: 10.3389/faqc.2025.1515831.
4. Rodgers C. J. et al. Antimicrobial resistance in aquaculture: risk mitigation within the One Health context // *Pathogens*. — 2024. — Vol. 13. DOI: 10.3390/pathogens13060501.
5. Austin B., Austin D. A. *Bacterial Fish Pathogens: Disease of Farmed and Wild Fish*. — 6th ed. — Springer, Cham. — 2016. — 653 p. DOI: 10.1007/978-3-319-32674-0.
6. Vanden Bergh P., Frey J. *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida* in the light of its type-three secretion system // *Microbial Biotechnology*. — 2014. — Vol. 7(5). — P. 381–400. DOI: 10.1111/1751-7915.12091.
7. Dallaire-Dufresne S., Tanaka K. H. et al. Virulence, genomic features, and plasticity of *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida*, the causative agent of fish furunculosis // *Veterinary Microbiology*. — 2014. — Vol. 169(1-2). — P. 1–7. DOI: 10.1016/j.vetmic.2013.06.025.
8. Vincent A.T. et al. The *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida* exoproteome: global analysis, moonlighting proteins and putative antigens for vaccination against furunculosis // *Proteomics*. — 2013. — Vol. 13. — P. 3101–3116. DOI: 10.1002/pmic.201200577.
9. Charette S.J. et al. Genomic perspectives on *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida* strain 890054 as a model system for pathogenicity studies and mitigation of fish infections // *Frontiers in Marine Science*. — 2021. — Vol. 8. — Art. 744052. DOI: 10.3389/fmars.2021.744052.
10. Bader C. et al. The Power of Preventive Protection: Effects of Vaccination Strategies on Furunculosis Resistance in Large-Scale Aquaculture of *Morone whitefish* // *Fishes*. — 2025. — Vol. 10(8). — Art. 374. DOI: 10.3390/fishes10080374.
11. Desmecht S. et al. Genomic and virulence insights of Western European *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida* and development of *Galleria mellonella* infection assay // *Journal of Applied Microbiology*. — 2025. — Vol. 136(8). — Art. 1xaf193. DOI: 10.1093/jambio/1xaf193.
12. Godoy M. et al. Genomics of Re-Emergent *Aeromonas salmonicida* in Atlantic Salmon Outbreaks // *Microorganisms*. — 2024. — Vol. 12(1). — Art. 64. DOI: 10.3390/microorganisms12010064.
13. Starliper C. E. Bacterial coldwater disease of fishes caused by *Flavobacterium psychrophilum* // *Journal of Advanced Research*. — 2011. — Vol. 2. — №. 2. — P. 97–108. DOI: 10.1111/j.1365-2761.2010.01224.x.
14. Ciulli S. et al. First detection of *Flavobacterium psychrophilum* in juvenile Siberian sturgeons (*Acipenser baerii*) and description of the pathological findings // *Journal of Fish Diseases*. — 2023. — Vol. 46. — P. 887–894. DOI: 10.1111/jfd.13801.
15. Castillo D. et al. Comparative genome analysis provides insights into the pathogenicity of *Flavobacterium psychrophilum* // *PLOS ONE*. — 2016. — Vol. 11. — Art. e0152515. DOI: 10.1371/journal.pone.0152515.
16. Starliper C. E. Bacterial coldwater disease of fishes caused by *Flavobacterium psychrophilum* // *Journal of Advanced Research*. — 2011. — Vol. 2(2). — P. 97–108. DOI: 10.1016/j.jare.2010.04.001.
17. Scott M., Bollinger T. Coinfection with *Flavobacterium columnare* and *Aeromonas hydrophila* in lake whitefish

- (*Coregonus clupeaformis*) and yellow perch (*Perca flavescens*) // *Journal of Wildlife Diseases*. — 2014. — Vol. 50. — P. 442—446.
18. Nematollahi A., Decostere A., Pasmans F., Haesebrouck F. *Flavobacterium psychrophilum* infections in salmonid fish // *Journal of Fish Diseases*. — 2003. — Vol. 26. — No. 10. — P. 563—574. DOI: 10.1046/j.1365-2761.2003.00488.x.
19. Marana M. H. et al. *Flavobacterium psychrophilum*: Response of Vaccinated Large Rainbow Trout to Different Strains // *Biology*. — 2022. — Vol. 11. — Art. 1701. DOI: 10.3390/biology11121701.
20. Lorenzen E. et al. *Flavobacterium psychrophilum* vaccination strategies in rainbow trout // *Diseases of Aquatic Organisms*. — 2010. — Vol. 88. — P. 167—179. DOI: 10.3354/dao02179.
21. Kumar G. et al. *Yersinia ruckeri*, the causative agent of enteric redmouth disease in fish // *Veterinary Research*. — 2015. — Vol. 46. — Art. 103. DOI: 10.1186/s13567-015-0238-4.
22. Fàbrega A. et al. Overcoming fish defences: the virulence factors of *Yersinia ruckeri* // *Genes*. — 2019. — Vol. 10. — Art. 700. DOI: 10.3390/genes10090700.
23. Tobback E. et al. The infection process of *Yersinia ruckeri*: reviewing the pieces of the jigsaw puzzle // *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. — 2018. — Vol. 8. — Art. 370. DOI: 10.3389/fcimb.2018.00370.
24. Cascales D. et al. Genome sequence of the fish pathogen *Yersinia ruckeri* strain 150, isolated from diseased rainbow trout // *Genome Announcements*. — 2016. — Vol. 4. — Art. e01331-16. DOI: 10.1128/genomeA.01331-16.
25. Pajdak-Czaus J., Platt-Samoraj A., Szweda W., Siwicki A.K., Terech-Majewska E. *Yersinia ruckeri* — A threat not only to rainbow trout // *Aquaculture Research*. — 2019. — Vol. 50(11). — P. 3083—3096. DOI: 10.1111/are.14274.
26. Evenden A.J. et al. *Renibacterium salmoninarum* — the causative agent of bacterial kidney disease in salmonid fish // *Pathogens*. — 2020. — Vol. 9. — Art. 916. DOI: 10.3390/pathogens9110916.
27. Aguilar M. et al. Genomic and proteomic aspects of p57 protein from *Renibacterium salmoninarum*: characteristics in virulence patterns // *Microbial Pathogenesis*. — 2023. — Vol. 174. — Art. 105932. DOI: 10.1016/j.micpath.2022.105932.
28. Gudmundsdóttir S. et al. Experimental challenges with *Renibacterium salmoninarum* in Arctic charr *Salvelinus alpinus* // *Diseases of Aquatic Organisms*. — 2017. — Vol. 124. — P. 1—12. DOI: 10.3354/dao03107.
29. Sundberg L. et al. Assessing the presence and spread of *Renibacterium salmoninarum* between farmed and wild fish in Sweden // *Journal of Fish Diseases*. — 2022. — Vol. 45. — P. 613—621. DOI: 10.1111/jfd.13586.
30. Nunn F. et al. Whole-genome sequencing reveals a novel *Renibacterium salmoninarum* lineage and suggests geographic endemism combined with anthropogenic spread in the North-East Atlantic area // *Applied and Environmental Microbiology*. — 2026. DOI: 10.1128/aem.00347-26.
31. Kunttu H.M.T. et al. Comparative genomics of *Flavobacterium columnare* unveils novel insights in virulence and antimicrobial resistance mechanisms // *BMC Genomics*. — 2021. — Vol. 22. — Art. 116. DOI: 10.1186/s12864-021-07406-3.
32. Sahoo P. K. et al. *Bacterial diseases in freshwater fish* // *Aquatic Animal Health Management*. — Springer, (Coregonus clupeaformis) and yellow perch (*Perca flavescens*) // *Journal of Wildlife Diseases*. — 2014. — Vol. 50. — P. 442—446.
18. Nematollahi A., Decostere A., Pasmans F., Haesebrouck F. *Flavobacterium psychrophilum* infections in salmonid fish // *Journal of Fish Diseases*. — 2003. — Vol. 26. — No. 10. — P. 563—574. DOI: 10.1046/j.1365-2761.2003.00488.x.
19. Marana M. H. et al. *Flavobacterium psychrophilum*: Response of Vaccinated Large Rainbow Trout to Different Strains // *Biology*. — 2022. — Vol. 11. — Art. 1701. DOI: 10.3390/biology11121701.
20. Lorenzen E. et al. *Flavobacterium psychrophilum* vaccination strategies in rainbow trout // *Diseases of Aquatic Organisms*. — 2010. — Vol. 88. — P. 167—179. DOI: 10.3354/dao02179.
21. Kumar G. et al. *Yersinia ruckeri*, the causative agent of enteric redmouth disease in fish // *Veterinary Research*. — 2015. — Vol. 46. — Art. 103. DOI: 10.1186/s13567-015-0238-4.
22. Fàbrega A. et al. Overcoming fish defences: the virulence factors of *Yersinia ruckeri* // *Genes*. — 2019. — Vol. 10. — Art. 700. DOI: 10.3390/genes10090700.
23. Tobback E. et al. The infection process of *Yersinia ruckeri*: reviewing the pieces of the jigsaw puzzle // *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. — 2018. — Vol. 8. — Art. 370. DOI: 10.3389/fcimb.2018.00370.
24. Cascales D. et al. Genome sequence of the fish pathogen *Yersinia ruckeri* strain 150, isolated from diseased rainbow trout // *Genome Announcements*. — 2016. — Vol. 4. — Art. e01331-16. DOI: 10.1128/genomeA.01331-16.
25. Pajdak-Czaus J., Platt-Samoraj A., Szweda W., Siwicki A.K., Terech-Majewska E. *Yersinia ruckeri* — A threat not only to rainbow trout // *Aquaculture Research*. — 2019. — Vol. 50(11). — P. 3083—3096. DOI: 10.1111/are.14274.
26. Evenden A.J. et al. *Renibacterium salmoninarum* — the causative agent of bacterial kidney disease in salmonid fish // *Pathogens*. — 2020. — Vol. 9. — Art. 916. DOI: 10.3390/pathogens9110916.
27. Aguilar M. et al. Genomic and proteomic aspects of p57 protein from *Renibacterium salmoninarum*: characteristics in virulence patterns // *Microbial Pathogenesis*. — 2023. — Vol. 174. — Art. 105932. DOI: 10.1016/j.micpath.2022.105932.
28. Gudmundsdóttir S. et al. Experimental challenges with *Renibacterium salmoninarum* in Arctic charr *Salvelinus alpinus* // *Diseases of Aquatic Organisms*. — 2017.- Vol. 124. — P. 1—12. DOI: 10.3354/dao03107.
29. Sundberg L. et al. Assessing the presence and spread of *Renibacterium salmoninarum* between farmed and wild fish in Sweden // *Journal of Fish Diseases*. — 2022. — Vol. 45. — P. 613—621. DOI: 10.1111/jfd.13586.
30. Nunn F. et al. Whole-genome sequencing reveals a novel *Renibacterium salmoninarum* lineage and suggests geographic endemism combined with anthropogenic spread in the North-East Atlantic area // *Applied and Environmental Microbiology*. — 2026. DOI: 10.1128/aem.00347-26.
31. Kunttu H.M.T. et al. Comparative genomics of *Flavobacterium columnare* unveils novel insights in virulence and antimicrobial resistance mechanisms // *BMC Genomics*. — 2021. — Vol. 22. — Art. 116. DOI: 10.1186/s12864-021-07406-3.
32. Sahoo P. K. et al. *Bacterial diseases in freshwater fish* // *Aquatic Animal Health Management*. — Springer,

Singapore, 2025. DOI: 10.1007/978-981-96-7987-4_1.

33. Kumru S. et al. Current trends in approaches to prevent and control antimicrobial resistance in aquatic veterinary medicine // *Pathogens*. — 2025. — Vol. 14. — Art. 701. DOI: 10.3390/pathogens14070701.

34. Ninh D. T. et al. Prevalence, virulence gene distribution and alarming the multidrug resistance of *Aeromonas hydrophila* associated with disease outbreaks in freshwater aquaculture // *Antibiotics*. — 2021. — Vol. 10. — Art. 532. DOI: 10.3390/antibiotics10050532.

35. Shabana S.M. et al. Characterization of *Aeromonas hydrophila* isolated from freshwater fish with control trial // *Scientific Reports*. — 2025. — Vol. 15. DOI: 10.1038/s41598-025-19907-6.

36. Syanya C.O. et al. Fish pathogens and associated zoonotic risks in aquaculture: a global One Health perspective // *Aquaculture, Fish and Fisheries*. — 2025. DOI: 10.1002/aff2.70150.

37. Gibello A. et al. Simultaneous detection of *Aeromonas salmonicida*, *Flavobacterium psychrophilum*, and *Yersinia ruckeri*, three major fish pathogens, by multiplex PCR // *Applied and Environmental Microbiology*. — 2002. — Vol. 68. — P. 5177—5180. DOI: 10.1128/AEM.68.10.5177-5180.2002.

38. Rieder R. et al. The future of pathogen detection in aquaculture: miniature labs, field-compatible assays, environmental DNA and RNA, CRISPR and metatranscriptomics // *Aquaculture, Fish and Fisheries*. — 2025. DOI: 10.1002/aff2.70062.

39. Sheppard S.K. et al. The promise of whole genome pathogen sequencing for the molecular epidemiology of emerging aquaculture pathogens // *Pathogens and Disease*. — 2017. — Vol. 75. — Art. ftx017. DOI: 10.1093/femspd/ftx017.

Singapore, 2025. DOI: 10.1007/978-981-96-7987-4_1.

33. Kumru S. et al. Current trends in approaches to prevent and control antimicrobial resistance in aquatic veterinary medicine // *Pathogens*. — 2025. — Vol. 14. — Art. 701. DOI: 10.3390/pathogens14070701.

34. Ninh D. T. et al. Prevalence, virulence gene distribution and alarming the multidrug resistance of *Aeromonas hydrophila* associated with disease outbreaks in freshwater aquaculture // *Antibiotics*. — 2021. — Vol. 10. — Art. 532. DOI: 10.3390/antibiotics10050532.

35. Shabana S.M. et al. Characterization of *Aeromonas hydrophila* isolated from freshwater fish with control trial // *Scientific Reports*. — 2025. — Vol. 15. DOI: 10.1038/s41598-025-19907-6.

36. Syanya C.O. et al. Fish pathogens and associated zoonotic risks in aquaculture: a global One Health perspective // *Aquaculture, Fish and Fisheries*. — 2025. DOI: 10.1002/aff2.70150.

37. Gibello A. et al. Simultaneous detection of *Aeromonas salmonicida*, *Flavobacterium psychrophilum*, and *Yersinia ruckeri*, three major fish pathogens, by multiplex PCR // *Applied and Environmental Microbiology*. — 2002. — Vol. 68. — P. 5177—5180. DOI: 10.1128/AEM.68.10.5177-5180.2002.

38. Rieder R. et al. The future of pathogen detection in aquaculture: miniature labs, field-compatible assays, environmental DNA and RNA, CRISPR and metatranscriptomics // *Aquaculture, Fish and Fisheries*. — 2025. DOI: 10.1002/aff2.70062.

39. Sheppard S.K. et al. The promise of whole genome pathogen sequencing for the molecular epidemiology of emerging aquaculture pathogens // *Pathogens and Disease*. — 2017. — Vol. 75. — Art. ftx017. DOI: 10.1093/femspd/ftx017.