

Оригинальное исследование
<https://doi.org/10.36233/0372-9311-607>



Патогенный потенциал орнитогенных штаммов *Escherichia coli*, выявленных в полярных регионах Земли

Асланов Б.И.¹, Азаров Д.В.^{1,2}, Макарова М.А.^{1,3}, Марышева Е.Г.⁴, Краева Л.А.³, Мохов А.С.¹, Лебедева Е.А.¹, Гончаров Н.Е.³, Лебедева Н.В.⁵, Стариков Д.А.⁶, Колодживева В.В.¹, Полев Д.Е.³, Гончаров А.Е.^{1,2✉}

¹Северо-Западный государственный медицинский университет имени И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия;

²Институт экспериментальной медицины, Санкт-Петербург, Россия;

³Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия;

⁴Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия;

⁵Мурманский морской биологический институт, Мурманск, Россия;

⁶Нижне-Свирский государственный природный заповедник, Лодейное Поле, Россия

Аннотация

Введение. Патогенные штаммы *Escherichia coli* являются важным объектом мониторинга в природе, сельском хозяйстве и человеческом обществе в рамках концепции «Единого здоровья». Колонии мигрирующих птиц и птичьих базары в высоких широтах могут быть точками активных внутривидовых и межвидовых контактов между различными видами животных, сопровождающихся распространением микроорганизмов. В то же время филогеография *E. coli* в контексте наличия природных очагов колибактериозов в полярных регионах практически не изучалась.

Цель работы: оценка патогенного потенциала штаммов *E. coli*, распространённых в полярных регионах Земли, на основе анализа геномов данных бактерий из выборки, характеризующей типичные орнитогенные экосистемы Арктики и Антарктики.

Материалы и методы. В работе были использованы штаммы *E. coli*, выделенные из орнитогенного биологического материала в ходе экспедиций на высокоширотные территории Арктики (архипелаги Новая Земля, Земля Франца-Иосифа, Шпицберген) и Антарктики (архипелаг Хасуэлл). Из них 16 штаммов, ассоциированных с птицами (12 полярных штаммов и 4 штамма, выделенных в умеренных широтах), были отобраны для полногеномного секвенирования с использованием технологии BGI. Аннотирование геномов было сфокусировано на идентификации генов, кодирующих факторы патогенности и устойчивости к антимикробным препаратам, а также на определении принадлежности штаммов к отдельным серотипам и генетическим линиям, в том числе на основе использования метода sgMLST.

Результаты. Проведённое аннотирование геномов *E. coli* позволило установить их принадлежность к различным сиквенс-типам в схемах мультилокусного секвенирования-типирования и полногеномного секвенирования-типирования. Анализ географического распространения сиквенс-типов «полярных» штаммов *E. coli*, определённых методом sgMLST, продемонстрировал их глобальную представленность. Так, например, sgST 133718 был отмечен в Антарктиде (штамм 17_1мур) и ранее — в Великобритании, а сиквенс-тип 11903, к которому принадлежал штамм 32-1 из самой северной точки Новой Земли, был ранее выявлен в США. Все изученные штаммы характеризовались наличием обширного вирулома. В числе выявленных генов факторов патогенности обнаружены гены гемолизина А, Е, F, сидерофоры, включая иерсиниабактериальный кластер генов, ряд генов факторов адгезии, колонизации и инвазии, а также ген термостабильного энтеротоксина EAST-1 и гены, маркирующие энтероаггративные штаммы *E. coli*: ген регулятора вирулентности *eilA* и энтероаггративный белок (*air*). Один из «арктических» штаммов (33-1) характеризовался наличием детерминант устойчивости к антибиотикам, в частности, в его геноме был детектирован ген бета-лактамазы расширенного спектра TEM-1b и транспозон Tn1721, включающий гены устойчивости к тетрациклину (*tetA-tetR*).

Заключение. Результаты исследования свидетельствуют о циркуляции в орнитогенных экосистемах высокоширотной Арктики и Антарктики штаммов *E. coli*, обладающих выраженным патогенным потенциалом. Анализ геномных данных свидетельствует о распространении в этих регионах генетических линий, широко географически представленных, что обосновывает значимость мониторинга эпидемических клонов кишечной палочки, наряду с мониторингом других патогенов, в колониях массовых видов птиц на высокоширотных территориях.

Ключевые слова: Арктика, Антарктика, *Escherichia coli*, полногеномное секвенирование, факторы патогенности, орнитогенные экосистемы

Этическое утверждение. Процедура отбора образцов биологического материала осуществлялась в соответствии с общепринятыми нормами биоэтики. Протокол исследования одобрен локальным этическим комитетом СЗГМУ им. И.И. Мечникова (протокол №3 от 13.03.2024).

Благодарность. Коллектив авторов выражает признательность руководству и сотрудникам Российской антарктической экспедиции, экспедиции «Арктический плавучий университет», Российской арктической экспедиции на архипелаге Шпицберген, руководству Мурманского морского биологического института Российской академии наук за помощь в проведении полевых исследований.

Источник финансирования. Исследование выполнено за счёт гранта Российского научного фонда № 23-25-00128, <https://rscf.ru/project/23-25-00128>

Конфликт интересов. Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

Для цитирования: Асланов Б.И., Азаров Д.В., Макарова М.А., Марышева Е.Г., Краева Л.А., Мохов А.С., Лебедева Е.А., Гончаров Н.Е., Лебедева Н.В., Стариков Д.А., Колодживева В.В., Полев Д.Е., Гончаров А.Е. Патогенный потенциал орнитогенных штаммов *Escherichia coli*, выявленных в полярных регионах Земли. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2024;101(6):758–768.

DOI: <https://doi.org/10.36233/0372-9311-607>

EDN: <https://www.elibrary.ru/wtuwja>

Original Study Article

<https://doi.org/10.36233/0372-9311-607>

Pathogenic potential of ornithogenic *Escherichia coli* strains detected in the Earth's polar regions

Batyrbek I. Aslanov¹, Daniil V. Azarov^{1,2}, Maria A. Makarova^{1,3}, Elizaveta G. Marysheva⁴, Lyudmila A. Kraeva³, Aleksey S. Mokhov¹, Ekaterina A. Lebedeva¹, Nikita E. Goncharov³, Natalya V. Lebedeva⁵, Dmitry A. Starikov⁶, Victoria V. Kolodzhiveva¹, Dmitry E. Polev³, Artemy E. Goncharov^{1, 2✉}

¹North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov, Saint Petersburg, Russia;

²Institute of Experimental Medicine, Saint Petersburg, Russia;

³Saint Petersburg Pasteur Institute, Saint Petersburg, Russia;

⁴Saint Petersburg State University, Saint Petersburg, Russia;

⁵Murmansk Marine Biological Institute, Murmansk, Russia;

⁶Nizhne-Svirsky State Nature Reserve, Lodeynoye Pole, Russia

Abstract

Introduction. Pathogenic strains of *Escherichia coli* are an important object of surveillance within the One Health concept in the wild, agriculture and human society.

Migratory bird colonies and high latitude avian colonies may be points of active intraspecies and interspecies contact between different animal species, accompanied by the spread of pathogens. At the same time, the phylogeography of *E. coli* in relation to the presence of natural foci of colibacillosis in polar regions remains virtually unstudied.

The aim of this study was to assess the pathogenic potential of *E. coli* strains from the polar regions of the Earth, based on the analysis of the genomes of these bacteria from typical ornithogenic ecosystems of the Arctic and Antarctic.

Materials and methods. The study used collections of *E. coli* isolated from ornithogenic biological material during expeditions to high latitude areas of the Arctic (archipelagos of Novaya Zemlya, Franz Josef Land, Svalbard) and Antarctic (Haswell Archipelago). 16 cultures associated with avian *E. coli* (12 polar and 4 temperate strains) were selected for genome-wide sequencing using BGI technology. The annotation of the genomes focused on the identification of genes for pathogenicity factors and antimicrobial resistance, as well as the identification of strains belonging to individual genetic lineages using the cgMLST method.

Results. The annotation of the genomes allowed their assignment to different sequence types in the multilocus sequencing typing and genome-wide sequencing typing schemes. The analysis of the geographical distribution of the sequence types of polar *E. coli* strains determined by the cgMLST method showed their global representation in geographically distant regions of the planet. For example, cgST 133718 was observed in Antarctica (strain 17_1myr) and in the UK, and sequence 11903, to which strain 32-1 from the northernmost point of Novaya Zemlya belonged, was previously identified in the USA.

All strains studied were characterized by the presence of extensive virulence. Among the pathogenicity factors identified were haemolysins A, E, F, siderophores, including the yersiniabactin gene cluster, a number of adhesion, colonization and invasion factors, as well as the thermostable enterotoxin EAST-1 and genes that characterize enteroaggregative strains of *E. coli* (the virulence regulator gene *eilA* and enteroaggregative protein (air)). One of the Arctic strains (33-1) had determinants of antibiotic resistance, in particular the extended-spectrum beta-lactamase gene TEM-1b and the Tn1721 transposon, including tetracycline resistance genes (tetA-TetR), were

detected in its genome.

Conclusion. The results of the study indicate the circulation of *E. coli* strains with strong pathogenic potential in high-latitude Arctic and Antarctic ornithogenic ecosystems. The analysis of genomic data indicates the presence of geographically widespread genetic lineages in these regions, which justifies the importance of monitoring epidemic clones of *E. coli*, along with monitoring for other pathogens, in bird colonies in high-latitude areas.

Keywords: Arctic, Antarctica, *Escherichia coli*, genome sequencing, pathogenicity factors, ornithogenic ecosystems

Ethics approval. The procedure of biological material sampling was carried out in accordance with generally accepted ethical norms. The research protocol was approved by the Ethics Committee of the which is confirmed by the decision of the Local Ethics Committee of the North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov (Protocol No. 3, March 13, 2024).

Acknowledgement. The authors would like to thank the leadership and staff of the Russian Antarctic Expedition, the Arctic Floating University Expedition, the Russian Arctic Expedition to the Spitsbergen Archipelago, and the leadership of the Murmansk Marine Biological Institute of the Russian Academy of Sciences for assistance with field research.

Funding source. This study was supported by the Russian Science Foundation under grant № 23-25-00128, <https://rscf.ru/project/23-25-00128>

Conflict of interest. The authors declare no apparent or potential conflicts of interest related to the publication of this article.

For citation: Aslanov B.I., Azarov D.V., Makarova M.A., Marysheva E.G., Kraeva L.A., Mokhov A.S., Lebedeva E.A., Goncharov N.E., Lebedeva N.V., Starikov D.A., Kolodzhiveva V.V., Polev D.E., Goncharov A.E. Pathogenic potential of ornithogenic *Escherichia coli* strains detected in the Earth's polar regions. *Journal of microbiology, epidemiology and immunobiology*. 2024;101(6):758–768.
DOI: <https://doi.org/10.36233/0372-9311-607>
EDN: <https://www.elibrary.ru/wtwuja>

Введение

Escherichia coli является уникальным микроорганизмом, способным вызвать инфекции в широком спектре клинических проявлений у человека и различных животных, что определяет значимость мониторинга распространения основных его патотипов в природе, сельском хозяйстве и человеческом обществе [1].

Одним из таких мониторируемых в рамках концепции «Единого здоровья» патотипов является птичья патогенная *E. coli* (avian pathogenic *E. coli* — АРЕС), относящаяся к группе возбудителей заболеваний внекишечной локализации (extraintestinal pathogenic *E. coli* — ExPEC) [2, 3].

Несмотря на то что возможность прямой зоонозной передачи АРЕС от птиц человеку является дискутабельной [4], многочисленные исследования показывают, что АРЕС генетически сходны с человеческими ExPEC (уропатогенными эшерихиями (УРЕС) и эшерихиями, ассоциированными с менингитом новорождённых (НМЕС)). Имеются исследования, подтверждающие общность факторов патогенности у изолятов АРЕС и ExPEC человека. Например, гены вирулентности *iroN*, *traT*, *iucD*, *cvl/cva*, *ibeA*, *gimB*, *tia*, *neuC*, *kpsMTII*, *tsh*, *iss*, *sitD*, *chuA*, *fyuA*, *irp2*, *vat*, *malX* и *pic* присутствуют в геномах как АРЕС, так и УРЕС и НМЕС [5].

Схожесть вируломонов штаммов АРЕС и человеческих ExPEC подчёркивает потенциальную угрозу распространения зоонозных инфекций, ассоциированных с птицами. Важно отметить, что дикие птицы могут выступать в качестве фактора, способствующего распространению ассоциированных с АРЕС генов вирулентности и устойчивости к антимикробным препаратам. Например, было показано,

что детерминанты антибиотикорезистентности могут передаваться от штаммов энтеробактерий диких гусей и лебедей к штаммам домашним птицам, а от последних — человеку [6, 7].

Приполярные области Земли представляют собой уникальную географическую среду, в которой, несмотря на экстремальные климатические условия, высокая продуктивность шельфовых морей [8] поддерживает высокий уровень биологического разнообразия фауны. Побережья Северного Ледовитого и Южного океанов в пределах континентальной Антарктики, антарктических и субантарктических архипелагов являются точками притяжения миллиардов мигрирующих птиц, значительная часть из которых совершает длительные, в том числе трансконтинентальные перелеты. Например, только палеарктическо-африканская миграционная система включает в себя 2,1 млрд мигрирующих особей [9]. Колонии мигрирующих птиц и птичьи базары в высоких широтах могут быть точками активных внутривидовых и межвидовых контактов между птицами и другими животными, сопровождающихся обменом микробиотой, включая патогенную её часть [10].

В этой связи представляются важными исследования по изучению распространения связанных с птицами патогенов в орнитогенных экосистемах, складывающихся вокруг колоний птиц на побережьях арктических и антарктических морей.

В то же время филогеография и генетические особенности такого актуального объекта эпидемиологического и эпизоотологического надзора, как *E. coli*, в полярных регионах практически не изучалась.

Цель исследования: оценка патогенного потенциала штаммов *E. coli*, распространённых в по-

лярных регионах Земли, на основе анализа геномов данных бактерий из выборки, характеризующей типичные орнитогенные экосистемы Арктики и Антарктики.

Материалы и методы

В работе были использованы коллекции штаммов *E. coli*, выделенных из орнитогенного биологического материала (помёт, погадки и тушки павших птиц, субстраты гнезд, микробные маты водоёмов, контаминируемых птичьим помётом) в ходе нескольких экспедиций.

В частности, при реализации научной программы Российской арктической экспедиции на архипелаге Шпицберген в 2018 г. было собрано 28 образцов орнитогенного материала, из которого были выделены 6 изолятов, в экспедиции «Арктический плавучий университет» (2023 г.) — 8 изолятов из 38 образцов, в 68-й Российской антарктической экспедиции (2022–2023 гг.) — 19 изолятов из 29 образцов.

В настоящей работе описаны культуры *E. coli*, выделенные на птичьих базарах архипелага Шпицберген (остров Западный Шпицберген), архипелагах Новая Земля и Земля Франца-Иосифа, а также на островах архипелага Хасуэлл, ставшего благодаря многотысячным колониям пингвинов Адели и императорских пингвинов одной из ключевых орнитологических территорий Восточной Антарктики.

Кроме того, в качестве штаммов сравнения были использованы 5 штаммов *E. coli*, выделенные из клоакальных смывов в период кольцевания птиц в весенне-летний период 2023 г. на Ладужской орнитологической станции (Нижне-Свирский заповедник, урочище Гумбарицы, Ленинградская область). Все арктические и антарктические культуры были выделены без применения методов обогащения с использованием плотных питательных сред при культивировании непосредственно в полевых условиях, как было описано ранее [11]. Процедура отбора образцов биологического материала осуществлялась в соответствии с общепринятыми нормами биозтики, что подтверждено решением локального этического комитета СЗГМУ им. И.И. Мечникова (протокол № 3 от 13.03.2024)

Видовую идентификацию выделенных штаммов проводили при помощи времяпролетной масс-спектрометрии (MALDI-TOF) на приборе «Vactoscreen» («Литех»). Масс-спектры анализировали с использованием программного обеспечения «Biotyper 3.1».

В результате случайной выборки для полногеномного секвенирования (WGS) были отобраны 16 штаммов с последующей аннотацией и оценкой патогенного потенциала. Информация об источниках культур, геномы которых были секвенированы, представлена в **табл. 1**.

Для выделения геномной ДНК использовали наборы производства «Биолабмикс». Геномное секвенирование проводили с использованием технологии BGI на базе НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера. Аннотацию геномов производили с использованием сервера RAST (<https://rast.nmpdr.org/rast.cgi>), поиск генов лекарственной устойчивости и вирулентности — при помощи программы ABRicate v 0.8 (<https://github.com/tseemann/abricate>), для чего были использованы базы данных MEGARes (<https://megares.meglab.org/amrplusplus/latest/html>, Comprehensive Antibiotic Resistance Database, CARD 3.0.2 (<https://card.mcmaster.ca/analyze/rgi>) и VFDB (<https://www.mgc.ac.cn/VFs/>).

Антигенную структуру *E. coli* определяли при помощи онлайн-инструмента SerotypeFinder 2.0 (<https://cge.food.dtu.dk/services/SerotypeFinder/>). Для оценки результатов мультилокусного секвенирования-типирования (MLST) использовали пепусс MLST 2.0 (<https://cge.food.dtu.dk/services/MLST/>). Результаты WGS-типирования по коровым генам, полученные при помощи онлайн-инструмента cgMLSTFinder 1.2 (<https://cge.food.dtu.dk/services/cgMLSTFinder/>), сопоставляли с данными по соответствующим cgMLST-типам, депонированными в базе данных Enterobase (<https://enterobase.warwick.ac.uk/species/index/ecoli>), допускаемая при этом различия (показатель Max Number MisMatches) не более чем в 20 точечных полиморфизмах (SNP).

Результаты

Проведённое аннотирование геномов позволило установить их принадлежность к различным сиквенс-типам (ST) в схемах MLST- и WGS-типирования. Основные характеристики изученных геномов и номера доступа к их последовательностям представлены в **табл. 2**.

Во всех изученных геномах были идентифицированы гены, кодирующие AmpC-подобные бета-лактамазы, гиперпродукция которых обеспечивает устойчивость к цефалоспорином [12]. Кроме того, геном арктического штамма *E. coli* 33-1 характеризовался наличием плазмиды размером около 78 тыс. п. н., содержащей ген бета-лактамазы расширенного спектра TEM-1b и транспозон Tn1721, включающий гены устойчивости к тетрациклину (*tetA-tetR*). В геномах изученных микроорганизмов были обнаружены многочисленные гены факторов патогенности, ассоциированные с адгезией, инвазией, захватом железа (**табл. 3**).

Широкая представленность в геномах изучаемых штаммов генов факторов патогенности ExPEC ставит вопрос о потенциальной связи этих штаммов со случаями инфекционных заболеваний у людей.

Используя базу данных Enterobase (<https://enterobase.warwick.ac.uk/species/index/ecoli>), акку-

Таблица 1. Характеристика культур, использованных в исследовании**Table 1.** Characteristics of studied isolates

№ No.	Культура Isolates	Место выделения, координаты Place of isolation, coordinates	Источник выделения Source of isolation
Культуры, ассоциированные с орнитогенными экосистемами Арктики Isolates associated with bird ecosystems of the Arctic			
1	67Spits	Архипелаг Шпицберген, окрестности поселка Баренцбург, 78°03'N 14°16'E Svalbard archipelago, Barentsburg, 78°03'N 14°16'E	Фекалии моевки обыкновенной (<i>Rissa trydacyla</i>) Feces of <i>Rissa trydacyla</i>
2	70_2Spits	Архипелаг Шпицберген, Побережье залива Гренфиорд, N 78°00'36.2"N 14°18'09.7"E Svalbard archipelago, Gronfjorden Bay coast, N 78°00'36.2"N 14°18'09.7"E	Фекалии моевки обыкновенной (<i>Rissa trydacyla</i>) Feces of <i>Rissa trydacyla</i>
3	89Spits	Архипелаг Шпицберген, окрестности поселка Баренцбург, 78°03'N 14°16'E Svalbard archipelago, Barentsburg, 78°03'N 14°16'E	Фекалии гуменника короткоклювого (<i>Anser brachyrhynchus</i>) Feces of <i>Anser brachyrhynchus</i>
4	97Spits	Архипелаг Шпицберген, окрестности поселка Баренцбург, 78°03'N 14°16'E Svalbard archipelago, Barentsburg, 78°03'N 14°16'E	Субстрат гнезда гуменника короткоклювого (<i>Anser brachyrhynchus</i>) Feces of <i>Anser brachyrhynchus</i>
5	AFU_2	Югорский полуостров, мыс Белый нос, 69°36'14.7"N 60°12'08.1"E Yugorsky Peninsula, White Nose Cape, 69°36'14.7"N 60°12'08.1"E	Фекалии обыкновенной гаги (<i>Somateria mollissima</i>) Feces of <i>Somateria mollissima</i>
6	AFU_32_1	Архипелаг Новая Земля, Северный о-в, мыс Желания, 76°57'18.5"N 68°34'41.9"E Novaya Zemlya archipelago, Cape of Desire, 76°57'18.5"N 68°34'41.9"E	Фекалии белого медведя, найденные рядом с птичьим базаром, сформированным моевкой обыкновенной (<i>Rissa trydacyla</i>) Feces of polar bear near the <i>Rissa trydacyla</i> bird spot
7	AFU_33_1	Архипелаг Новая Земля, Северный о-в, мыс Желания, 76°57'18.5"N 68°34'41.9"E Novaya Zemlya archipelago, North Island, Cape of Desire, 76°57'18.5"N 68°34'41.9"E	Субстрат гнезд под птичьим базаром, сформированным моевкой обыкновенной (<i>Rissa trydacyla</i>) Nests in the bird spot of <i>Rissa trydacyla</i>
8	AFU_43_1	Архипелаг Земля Франца-Иосифа, о-в Вильчека, 79°53'41.8"N 58°44'07.2"E Franz Josef Archipelago, Wilczek Island, 79°53'41.8"N 58°44'07.2"E	Скорлупа яйца толстоклювой кайры (<i>Uria lomvia</i>) Egg shell of <i>Uria lomvia</i>
9	AFU_55_1	Архипелаг Земля Франца-Иосифа, о-ва Комсомольские (Южный остров), 80°34'48.3"N 58°32'40.2"E Franz Josef Archipelago, Komsomolskie islands (South Island), 80°34'48.3"N 58°32'40.2"E	Микробные маты во временном водоёме в месте массового скопления полярных крачек (<i>Sterna paradisaea</i>) Pond near the <i>Sterna paradisaea</i> bird spot
Культуры из орнитогенных биотопов Антарктиды Isolates associated with bird ecosystems of the Antarctic			
10	15myr	Восточная Антарктида, Земля Королевы Мэри, архипелаг Хасуэлл, остров Хасуэлл, 66°31'36.6"S 93°00'20.8"E West Antarctica, Queen Mary Land, Haswell Archipelago, Haswell Island, 66°31'36.6"S 93°00'20.8"E	Труп птенца пингвина Адели, смыв из клоаки (<i>Pygoscelis adeliae</i>) Adelie penguin (<i>Pygoscelis adeliae</i>), cloaca sample
11	17_1myr	Восточная Антарктида, Земля Королевы Мэри, архипелаг Хасуэлл, остров Хасуэлл, 66°31'36.6"S 93°00'20.8"E West Antarctica, Queen Mary Land, Haswell Archipelago, Haswell Island, 66°31'36.6"S 93°00'20.8"E	Желудочный секрет антарктического глупыша (<i>Fulmarus glacialisoides</i>) Stomach sample from <i>Fulmarus glacialisoides</i>
12	28myr	Восточная Антарктида, Земля Королевы Мэри, архипелаг Хасуэлл, остров Токарева, 66°32'06.1"S 92°58'25.8"E West Antarctica, Queen Mary Land, Haswell Archipelago, Tokareva Island, 66°32'06.1"S 92°58'25.8"E	Фекалии пингвина Адели (<i>Pygoscelis adeliae</i>) Feces of Adelie penguin (<i>Pygoscelis adeliae</i>)
Культуры от птиц Европейской части России, полученные при кольцевании птиц на Ладожской орнитологической станции (ЛОС) Isolates from birds in European region of Russia, Ladoga Ornithological Station (LOS)			
13	LOS_49	Нижне-Свирский заповедник, ЛОС, 60°40'35.0"N 32°56'27.2"E Nizhne-Svirskiy Reserve, LOS, 60°40'35.0"N 32°56'27.2"E	Черноголовая гаичка (<i>Poecile palustris</i>), смыв из клоаки Cloaca sample from <i>Poecile palustris</i>
14	LOS_51	Нижне-Свирский заповедник ЛОС, 60°40'35.0"N 32°56'27.2"E Nizhne-Svirskiy Reserve, LOS, 60°40'35.0"N 32°56'27.2"E	Чирок-свистунук (<i>Anas crecca</i>), фекалии <i>Anas crecca</i> feces
15	LOS_52	Нижне-Свирский заповедник, ЛОС, 60°40'35.0"N 32°56'27.2"E Nizhne-Svirskiy Reserve, LOS, 60°40'35.0"N 32°56'27.2"E	Дрозд-рябинник (<i>Turdus pilaris</i>), смыв из клоаки Cloaca sample from <i>Turdus pilaris</i>
16	LOS_54	Нижне-Свирский заповедник ЛОС, 60°40'35.0"N 32°56'27.2"E Nizhne-Svirskiy Reserve, LOS, 60°40'35.0"N 32°56'27.2"E	Дрозд-рябинник (<i>Turdus pilaris</i>), смыв из клоаки Cloaca sample from <i>Turdus pilaris</i>

Таблица 2. Генетические характеристики изученных штаммов *E. coli*

Table 2. Genetic characteristics of isolated *E. coli* strains

Штамм Strain	Регион выделения Region of isolation	Серотип Serotype	Сиквенс-тип (ST) Sequence type (ST)	ST по SNP в коровых генах (cgST) ST by core genome (cgST)	Номер доступа GenBank GenBank access number
67Spits	Арктика Arctic	O4:H5	12	10054	JAYEAG010000000
70_2Spits	Арктика Arctic	O43:H2	937	28072	JAYEAE000000000.1
89Spits	Арктика Arctic	O83:H1	135	87221	JAYEAD000000000.1
97Spits	Арктика Arctic	O166:H49	1246	162	JAYEAC000000000.1
AFU_2	Арктика Arctic	O93:H16	8097	132840	JAYEAJ000000000
AFU_32_1	Арктика Arctic	O54:H45	491	11903	JAYEAI000000000
AFU_33_1	Арктика Arctic	O15:H2	69	189219	JAYEАН000000000
AFU_43_1	Арктика Arctic	O9:H49	6163*	1429	JBIXQY000000000
AFU_55_1	Арктика Arctic	O39:H4	1155	196482	JBIXXZ000000000
15myr	Антарктика Antarctic	O8:H7	127	196780	JBIXXV000000000
17_1myr	Антарктика Antarctic	O6:H31	196	133718	JBIXXW000000000
28myr	Антарктика Antarctic	O182:H38	1632	94237	JBIXXX00000000
LOS_49	Европейская часть РФ European Russia	O8:H5	2594*	47119	JBIXYA000000000
LOS_51	Европейская часть РФ European Russia	O85:H8	297	114487	JBIXYB000000000
LOS_52	Европейская часть РФ European Russia	Н/и N/i	1333*	119313	JBIXYC000000000
LOS_54	Европейская часть РФ European Russia	Н/и N/i	58	126100	JBIXYD000000000

Примечание. *Генотипы, имеющие однонуклеотидные SNP в генах, по которым осуществлялось секвенирование-типирование, различающие их от указанных ST. Н/и — серотип не идентифицирован.

Note. *Genotypes with single nucleotide polymorphisms in genes for which sequencing-typing was performed, distinguishing them from the specified sequence types. N/I — not identified.

мулирующую глобальные данные о результатах cgMLST-генотипирования и включающую на данный момент информацию о более чем 340 тыс. штаммов *E. coli*, мы провели поиск информации о географическом распространении cgST, определённых в настоящем исследовании, и их источниках выделения. Искомую информацию удалось извлечь из метаданных, представленных в EnterovBase, для 11 ST (табл. 4).

Обсуждение

В нашем исследовании мы предприняли попытку сформировать выборку штаммов *E. coli*, ассоциированных с высокоширотными орнитогенными экосистемами, типичными для приполярных регионов как в Северном, так и в Южном полушарии.

В Арктике наши исследования были сфокусированы на изучении штаммов, связанных с морскими колониальными птицами (моевки, толстоклювые кайры) и представителями отряда гусеобразные (гуменник, гаги). Данные виды птиц различаются как по занимаемым экологическим нишам, так и по длительности и направлениям миграций, что может оказывать влияние на структуру их микробиоты,

определяя вероятность колонизации различными генотипами *E. coli*.

В то же время необходимо учитывать возможность формирования единого резервуара для популяций данного микроорганизма на протяжении всего побережья Северного Ледовитого океана, определяемого миграциями птиц в меридиональном направлении. Так, недавно было выяснено, что существенная часть популяции моевки мигрирует с Южного острова Новой Земли к местам зимовки на побережья северной части Тихого океана [13]. Распространение патогенов с арктическими перелётными птицами (преимущественно из отряда гусеобразных) одновременно в широтном и в меридиональном направлениях было ранее показано для вирусов гриппа [14]. Следует отметить, что гуся-гуменники, штаммы от которых были изучены в настоящем исследовании, совершают сезонные миграции с территории архипелага Шпицберген к местам зимовки в Бельгию и Нидерланды, причём на фоне глобальных изменений климата в Арктике эти птицы активно осваивают также Новую Землю [15].

Три «антарктических» штамма, геномы которых были охарактеризованы в настоящем ис-

Таблица 3. Факторы патогенности изученных штаммов *E. coli***Table 3.** Pathogenic determinants in studied *E. coli* strains

Факторы патогенности Pathogenic determinants	17myr	15myr	28myr	67Spits	70_2Spits	89Spits	97Spits	AFU_2	AFU_32_1	AFU_33_1	AFU_43_1	AFU_55_1	LOS_49	LOS_51	LOS_52	LOS_54
Гемолизины Hemolysins																
Гемолизин А (hlyA) Hemolysin A (hlyA)	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Птичий гемолизин Е (hlyE) Bird hemolysin E (hlyE)	-	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+	-	-	+	-	+
Гемолизин F (hlyF) Hemolysin F (hlyF)	+	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	-	-	+
Сидерофоры Siderophores																
Энтеробактериальный оперон Enterobactin operon	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+
Иерсениабактериальный оперон Yersiniabactin operon	+	-	-	+	-	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-
Аэробактериальный оперон Aerobactin operon	+	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	-
Токсины Toxins																
Термостабильный энтеротоксин EAST-1 Heat-stable enterotoxin EAST-1	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	+	+
Субтилаза Subtilase	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-
Цитолетальные токсины набухания (cdt) Cytolethal distending toxin (cdt)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-
Факторы адгезии, инвазии и биоплёнкообразования Adhesion, invasion and biofilm formation determinants																
Адгезин AIDA-I Adhesin AIDA-I	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+
Субстанция агрегации Tia Aggregation substance Tia	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
Гомолог гена <i>eilA</i> (<i>Salmonella</i> HilA homolog) Gen <i>eilA</i> homologue (<i>Salmonella</i> HilA homolog)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-
Энтероагрегативный белок (air) Enterocaggregative protein (air)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-
Фактор инвазии в эндотелий мозга (ibeA) Factor of invasion of brain endothelium (ibeA)	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-
Фактор выживания в сыворотке (iss) Serum survival gene (iss)	+	-	+	-	+	-	+	-	-	+	-	+	+	-	-	+
Арисульфатаза AsIA Arylsulfatase AsIA	+	-	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-
Термостабильный агглютинин (hra) Heat-resistant agglutinin (hra)	+	-	-	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+
Цитотоксический некротизирующий фактор 1 (cnf) Cytotoxic necrotizing factor (cnf)	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Белок уропатогенности (usp) Uropathogenic specific protein (usp)	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-
Курлин CsgA Curlin CsgA	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+
Гомолог гена <i>shiA</i> в острове патогенности <i>Shigella flexneri</i> SHI-2 Homologue of the <i>Shigella flexneri</i> SHI-2 pathogenicity island gene <i>shiA</i>	+	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
Интимино-подобный адгезин FdeC Intimin-like adhesin FdeC	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	+	-	-	-	+	+
Энтеробактериальный транспортер сериновой протеазы (SPATE) <i>vat</i> Serine protease autotransporters of <i>Enterobacteriaceae</i> (SPATE)	+	-	-	+	-	+	-	-	+	+	-	+	+	-	+	-

Таблица 4. Географическое распространение и источники выделения штаммов cgST, выявленных в настоящем исследовании

Table 4. Geographical distribution and isolation sources of sequence types (cgST) of the identified strains

Сиквенс-тип по SNP в коровых генах (cgST) Sequence type by core genome (cgST)	Регион (регионы) идентификации Region (regions) of isolation	Источник выделения Source of isolation	Ссылка на номер архивов коротких последовательностей/ <i>Sequence Read Archive (SRA)</i> , соответствующих штаммам, идентичным или наиболее близким к выявленным ST Reference number of the Sequence Read Archive (SRA) for strains most similar to the identified STs
10054	Европа, Аландские острова Europe, Anand Islands	Человек (гемокультура) Human (blood culture)	ERR434967
28072	США USA	Сельскохозяйственные животные (коровы) Livestock (cows)	SRR3972294
162	Австралия Australia	Австралийская чайка <i>Chroicocephalus novaehollandiae</i>	SRR24017969
132840	США USA	Телята Livestock (calves)	SRR26082289
11903	США USA	Человек (пациент с инфекцией мочевыводящих путей) Human (patient with urinary tract infection)	SRR1314409
189219	США, Испания, Бразилия, Дания, Великобритания USA, Spain, Brazil, Denmark, UK	Цыплята, человек (гемокультуры и моча при инфекции мочевыводящих путей) Chicken, human (blood culture and urine during urinary tract infection)	SRR17774295, ERR13306341, ERR4014451, SRR21849316, SRR21846782
196780	США USA	Коровы Livestock (cows)	SRR19171807
133718	Великобритания UK	Дикие птицы (<i>Anseriformes</i>) Wild birds (<i>Anseriformes</i>)	SRR11410512
114487	США USA	Говядина Beef	SRR10156198
119313	Нидерланды Netherlands	Человек (гемокультура) Human (blood culture)	ERR3650458
126100	Швеция Sweden	Сельскохозяйственные птицы Poultry	SRR14477383

следовании, выделены на территории колоний пингвинов Адели на островах архипелага Хасуэлл в Восточной Антарктиде. Несмотря на то что пингвины данного вида являются эндемичным для Антарктиды видом, на территориях колоний они соседствуют в том числе с дальнеперелётными видами птиц. Например, частый обитатель архипелага Хасуэлл — южнополярный поморник, способен совершать дальние сезонные миграции и достигать Северной Пацифики и Северной Атлантики [16]. Популяции антарктических птиц не являются, таким образом, изолированными от глобальной циркуляции патогенов, о чем, в частности, свидетельствует циркуляция в Антарктике штаммов вирусов гриппа, идентичных выделенным в других географических регионах [17].

Анализ географического распространения ST *E. coli*, определённых методом cgMLST, продемонстрировал их космополитизм, что проявлялось выявлением идентичных cgST в географически дистантных регионах планеты. Так, например, cgST 133718 был отмечен в Антарктиде (штамм 17_1myr) и в Великобритании, а cgST 11903, к которому при-

надлежал штамм 32-1 из самой северной точки Новой Земли, был ранее выявлен в США.

Несмотря на то что все изученные штаммы относятся к разным генетическим линиям (ST и серотипам), их объединяет наличие обширного вирулума. Как видно из данных табл. 3, все штаммы из полярных регионов располагают совокупностью факторов вирулентности, позволяющих рассматривать их в качестве потенциальных возбудителей инфекций человека. В этом они в целом не отличаются от штаммов, выделенных от птиц в Ленинградской области.

Так, 10 из 12 «полярных» штаммов содержали гены или сочетания генов, детерминирующих синтез гемолизина А, Е, F, которые совместно с сидерофорами энтеробактериального, аэробактериального и иерсинибактериального кластера принимают участие в захвате железа в ходе инфекционного процесса [18]. Необходимо отметить, что гены иерсинибактериального оперона, обнаруженные у половины «арктических» и «антарктических» культур, входят в состав острова высокой патогенности. Данный мобильный генетический элемент ассоциирован, как было показано ранее, с вирулентными UPEC [19].

К выявленным факторам вирулентности, для которых описана локализация на мобильных генетических элементах, относится белок уропатогенности. Продемонстрировано значение данного фактора в повреждении клеток млекопитающих, что имеет существенное значение в развитии инфекций мочевыводящих путей [20].

В изученной выборке также выявлены штаммы, маркирующие энтероагрегативный патотип (EAEC) *E. coli*, в частности, в геномах штаммов AFU_33_1 и AFU_43_1 с Новой Земли и Земли Франца-Иосифа обнаруживаются распространённые у EAEC ген регулятора вирулентности *eilA* (*Salmonella* HiaA homolog) и ген энтероагрегативного белка (*air*). Штамм AFU_33_1, по результатам cgMLST, принадлежит к ST 189219, который широко представлен в ряде европейских стран, США и Бразилии в качестве возбудителя генерализованных инфекций человека. Таким образом, мы фактически наблюдали распространение своеобразного эпидемического клона *E. coli* на территориях, где отсутствуют постоянные поселения человека.

В целом распространение глобальных генетических линий *E. coli* в высоких широтах соответствует представлениям о том, что в отношении патогенов человека соблюдается «Правило Рапопорта», заключающееся в том, что по мере перемещения от экватора к полюсам ареалы распространения видов или иных таксономических группировок увеличиваются [21].

Проведённый в нашей работе поиск генов устойчивости к антимикробным препаратам в геномах штаммов *E. coli* свидетельствует об отсутствии (в пределах нашей выборки) критических детерминант лекарственной устойчивости. Тем не менее наличие генетических детерминант устойчивости к цефалоспорином и тетрациклину в составе генома арктического штамма AFU_33_1 свидетельствует о возможности циркуляции несущих эти гены мобильных генетических элементов в «дикий природе» и их сохранении в составе микробиома арктических животных при отсутствии пресса антибиотиков.

Заключение

Результаты исследования свидетельствуют о циркуляции в орнитогенных экосистемах высокоширотной Арктики и Антарктики штаммов *E. coli*, обладающих выраженным патогенным потенциалом. Анализ геномных данных свидетельствует о присутствии в этих регионах генетических линий, широко распространённых географически, что обосновывает значимость мониторинга эпидемических клонов *E. coli*, наряду с мониторингом других патогенов, в колониях птиц на высокоширотных территориях.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ | REFERENCES

- García A., Fox J.G. A one health perspective for defining and deciphering *Escherichia coli* pathogenic potential in multiple hosts. *Comp. Med.* 2021; 71(1):3–45.
DOI: <https://doi.org/10.30802/AALAS-CM-20-000054>
- Kimura A.H., Koga V.L., de Souza Gazal L.E., et al. Characterization of multidrug-resistant avian pathogenic *Escherichia coli*: an outbreak in canaries. *Braz. J. Microbiol.* 2021; 52(2):1005–12.
DOI: <https://doi.org/10.1007/s42770-021-00443-0>
- Dalazen G., Fuentes-Castillo D., Pedrosa L.G., et al. CTX-M-producing *Escherichia coli* ST602 carrying a wide resistome in South American wild birds: another pandemic clone of one health concern. *One Health.* 2023;17:100586.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2023.100586>
- Yousef H.M.Y., Hashad M.E., Osman K.M., et al. Surveillance of *Escherichia coli* in different types of chicken and duck hatcheries: one health outlook. *Poult. Sci.* 2023; 102(12):103108.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.psj.2023.103108>
- Ewers C., Li G., Wilking H., Kiessling S., et al. Avian pathogenic, uropathogenic, and newborn meningitis-causing *Escherichia coli*: how closely related are they? *Int. J. Med. Microbiol.* 2007;297(3):163–76.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2007.01.003>
- Medvecky M., Papagiannitsis C.C., Wyrsh E.R., et al. Interspecies transmission of CMY-2-Producing *Escherichia coli* sequence type 963 isolates between humans and gulls in Australia. *mSphere.* 2022;7(4):e0023822.
DOI: <https://doi.org/10.1128/msphere.00238-22>
- Fu B., Xu J., Yin D., et al. Transmission of bla_{NDM} in Enterobacteriaceae among animals, food and human. *Emerg. Microbes Infect.* 2024;13(1):2337678.
DOI: <https://doi.org/10.1080/22221751.2024.2337678>
- Arrigo K.R., Thomas D. Large scale importance of sea ice biology in the Southern Ocean. *Antarct. Sci.* 2004;16(4):471–86.
DOI: <https://doi.org/10.1017/S0954102004002263>
- Hahn S., Bauer S., Liechti F. The natural link between Europe and Africa – 2.1 billion birds on migration. *Oikos.* 2009; 118:624–6.
DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1600-0706.2008.17309.x>
- Günther A., Krone O., Svansson V., et al. Iceland as stepping stone for spread of highly pathogenic avian influenza virus between Europe and north America. *Emerg. Infect. Dis.* 2022; 28(12):2383–8.
DOI: <https://doi.org/10.3201/eid2812.221086>
- Асланов Б.И., Гончаров А.Е., Азаров Д.В. и др. Характеристики геномов условно-патогенных бактерий зоогенных экосистем островов Западной Арктики. *Здоровье населения и среда обитания – ЗНУСО.* 2024;32(6):81–8. Aslanov B.I., Goncharov A.E., Azarov D.V., et al. Characteristics of genomes of opportunistic bacteria in zoogenic ecosystems of the Russian Western Arctic Islands. *Public Health and Life Environment – PH&LE.* 2024;32(6):81–8.
DOI: <https://doi.org/10.35627/2219-5238/2024-32-6-81-88>
EDN: <https://elibrary.ru/gzgyzpzp>
- Maillard A., Delory T., Bernier J., et al. Treatment of AmpC-producing Enterobacteriales Study Group. Effectiveness of third-generation cephalosporins or piperacillin compared with cefepime or carbapenems for severe infections caused by wild-type AmpC β -lactamase-producing Enterobacteriales: A multi-centre retrospective propensity-weighted study. *Int. J. Antimicrob. Agents.* 2023;62(1):106809.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2023.106809>
- Ezhov A.V., Gavrilov M.V., Krasnov Y.V., et al. Transpolar and bi-directional migration strategies of black-legged kittiwakes *Rissa tridactyla* from a colony in Novaya Zemlya, Barents Sea, Russia. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 2021;676:189–203.
DOI: <https://doi.org/10.3354/meps13889>

14. Gass J.D. Jr., Dusek R.J., Hall J.S., et al. Global dissemination of influenza A virus is driven by wild bird migration through arctic and subarctic zones. *Mol. Ecol.* 2023;32(1):198–213. DOI: <https://doi.org/10.1111/mec.16738>
15. Madsen J., Schreven K.H.T., Jensen G.H., et al. Rapid formation of new migration route and breeding area by Arctic geese. *Curr. Biol.* 2023;33(6):1162–70.e4. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2023.01.065>
16. Shick S.R.A., Elrod M.L., Schmidt A., et al. Genomes of Single-Stranded DNA Viruses in a Fecal Sample from South Polar Skua (*Stercorarius maccormicki*) on Ross Island, Antarctica. *Microbiol. Resour. Announc.* 2023;12(6):e0029923. DOI: <https://doi.org/10.1128/mra.00299-23>
17. Охлопкова О.В., Гончаров А.Е., Асланов Б.И. и др. Первое обнаружение вирусов гриппа А субтипов H1N1 и H3N8 в Антарктическом регионе: о. Кинг-Джордж, 2023 год. *Вопросы вирусологии.* 2024;69(4):377–89. Ohlopkova O.V., Goncharov A.E., Aslanov B.I., et al. First detection of influenza A virus subtypes H1N1 and H3N8 in the Antarctic region: King George Island, 2023. *Problems of Virology.* 2024;69(4):377–89. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-257> EDN: <https://elibrary.ru/qujzfv>
18. Wallace A.J., Stillman T.J., Atkins A., et al. *E. coli* hemolysin E (HlyE, ClyA, SheA): X-ray crystal structure of the toxin and observation of membrane pores by electron microscopy. *Cell.* 2000;100(2):265–76. DOI: [https://doi.org/10.1016/s0092-8674\(00\)81564-0](https://doi.org/10.1016/s0092-8674(00)81564-0)
19. Katumba G.L., Tran H., Henderson J.P. The Yersinia high-pathogenicity island encodes a siderophore-dependent copper response system in uropathogenic *Escherichia coli*. *mBio.* 2022;13(1):e0239121. DOI: <https://doi.org/10.1128/mBio.02391-21>
20. Lloyd A.L., Rasko D.A., Mobley H.L. Defining genomic islands and uropathogen-specific genes in uropathogenic *Escherichia coli*. *J. Bacteriol.* 2007;189:3532–46. DOI: <https://doi.org/10.1128/JB.01744-06>
21. Guernier V., Guégan J.F. May Rapoport's rule apply to human associated pathogens? *Ecohealth.* 2009;6(4):509–21. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10393-010-0290-5>

Информация об авторах

Асланов Батырбек Исметович — д. м. н., зав. каф. эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии, зав. лаб. молекулярной эпидемиологии и исследований бактериофагов СЗГМУ им. И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-6890-8096>

Азаров Даниил Валерьевич — к. м. н., зав. лаб. инновационных методов микробиологического мониторинга НОЦ НЦМУ Центр персонализированной медицины Института экспериментальной медицины, Санкт-Петербург, Россия; с. н. с. лаб. молекулярной эпидемиологии и исследований бактериофагов СЗГМУ им. И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-2483-5144>

Макарова Мария Александровна — д. м. н., в. н. с., зав. лаб. кишечных инфекций Санкт-Петербургского НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Санкт-Петербург, Россия; доцент каф. медицинской микробиологии СЗГМУ им. И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-3600-2377>

Марышева Елизавета Георгиевна — студент биолого-почвенного факультета Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0009-0000-8241-5290>

Краева Людмила Александровна — д. м. н., профессор, зав. лаб. медицинской бактериологии Санкт-Петербургского НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-9115-3250>

Мохов Алексей Сергеевич — к. м. н., ассистент каф. эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии СЗГМУ им. И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-1519-5299>

Лебедева Екатерина Андреевна — к. м. н., ассистент каф. эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии, с. н. с. лаб. молекулярной эпидемиологии и исследований бактериофагов СЗГМУ им. И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-9547-0192>

Гончаров Никита Евгеньевич — м. н. с. лаб. медицинской бактериологии Санкт-Петербургского НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-6097-5091>

Лебедева Наталья Викторовна — д. б. н., профессор, г. н. с. лаб. орнитологии и паразитологии Мурманского морского биологического института, Мурманск, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-3545-753X>

Стариков Дмитрий Александрович — к. б. н., зам. директора по науке Нижне-Свирского государственного природного заповедника, Лодейное Поле, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-3721-8615>

Колодziejева Виктория Васильевна — к. м. н., доцент каф. эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии, с. н. с. лаб. молекулярной эпидемиологии и исследований бактериофагов СЗГМУ им. И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-6890-8096>

Information about the authors

Batyrbek I. Aslanov — D. Sci. (Med.), Head, Department of epidemiology, parasitology and disinfection, Head, Laboratory of molecular epidemiology and bacteriophage research, North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov, St. Petersburg, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-6890-8096>

Daniil V. Azarov — Cand. Sci. (Med.), Head, Laboratory of innovative methods of microbiological monitoring, Scientific and Educational Center of the National Center of Medical Sciences, Center for Personalized Medicine, Institute of Experimental Medicine, St. Petersburg, Russia; senior researcher, Laboratory of molecular epidemiology and bacteriophage research, North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov, St. Petersburg, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-2483-5144>

Maria A. Makarova — D. Sci. (Med.), leading researcher, Head, Laboratory of intestinal infections, Saint Petersburg Pasteur Institute, Saint Petersburg, Russia; Associate Professor, Department of medical microbiology, North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov, St. Petersburg, Russia, 191015, <https://orcid.org/0000-0003-3600-2377>

Elizaveta G. Marysheva — student, Faculty of biology and soil science, Saint Petersburg State University, St. Petersburg, Russia, <https://orcid.org/0009-0000-8241-5290>

Lyudmila A. Kraeva — D. Sci. (Med.), Professor, Head, Laboratory of medical bacteriology, Saint Petersburg Pasteur Institute, Saint Petersburg, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-9115-3250>

Aleksey S. Mokhov — Cand. Sci. (Med.), Assistant, Department of epidemiology, parasitology and disinfection, North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov, St. Petersburg, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-1519-5299>

Ekaterina A. Lebedeva — Cand. Sci. (Med.), Assistant Professor, Department of epidemiology, parasitology and disinfection, senior researcher, Laboratory of molecular epidemiology and bacteriophage research, North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov, St. Petersburg, Russia, <https://orcid.org/0000-0001-9547-0192>

Nikita E. Goncharov — junior researcher, Laboratory of medical bacteriology, Saint Petersburg Pasteur Institute, Saint Petersburg, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-6097-5091>

Natalya V. Lebedeva — D. Sci. (Biol.), Professor, chief researcher, Laboratory of ornithology and parasitology, Murmansk Marine Biological Institute, Murmansk, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-3545-753X>

Dmitry A. Starikov — Cand. Sci. (Biol.), deputy director for science, Nizhne-Svirsky State Nature Reserve, Lodeynoye Pole, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-3721-8615>

Victoria V. Kolodziejeva — Cand. Sci. (Med.), Associate Professor, Department of epidemiology, parasitology and disinfection, senior researcher, Laboratory of molecular epidemiology and bacteriophage

кулярной эпидемиологии и исследований бактериофагов СЗГМУ им. И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-1537-211X>

Полев Дмитрий Евгеньевич — к. б. н., с. н. с. группы метагеномных исследований отдела эпидемиологии Санкт-Петербургского НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-9679-2791>

Гончаров Артемий Евгеньевич[✉] — д. м. н., зав. лаб. функциональной геномики и протеомики микроорганизмов Института экспериментальной медицины, Санкт-Петербург, Россия; профессор каф. эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии, в. н. с. лаб. молекулярной эпидемиологии и исследований бактериофагов СЗГМУ им. И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия, phage1@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5206-6656>

Участие авторов: *Асланов Б.И.* — методология и дизайн исследования, редактирование рукописи; *Азаров Д.В.* — обработка геномных данных; *Макарова М.А.* — редактирование рукописи; *Марышева Е.Г., Краева Л.А., Лебедева Е.А., Колоджиева В.В.* — обработка материала; *Гончаров Н.Е., Полев Д.Е.* — геномное секвенирование; *Лебедева Н.В., Стариков Д.А.* — сбор биологического материала; *Гончаров А.Е.* — методология и дизайн исследования, сбор биологического материала, организация обработки биологического материала, написание и редактирование рукописи. Все авторы подтверждают соответствие своего авторства критериям Международного комитета редакторов медицинских журналов, внесли существенный вклад в проведение поисково-аналитической работы и подготовку статьи, прочли и одобрили финальную версию до публикации.

Статья поступила в редакцию 20.10.2024;
принята к публикации 21.12.2024;
опубликована 28.12.2024

research, North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov, St. Petersburg, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-1537-211X>

Dmitry E. Polev — Cand. Sci. (Biol.), senior researcher, Metagenomic research group, Epidemiology department, Saint Petersburg Pasteur Institute, Saint Petersburg, Russia, <https://orcid.org/0000-0001-9679-2791>

Artemy E. Goncharov[✉] — D. Sci. (Med.), Head, Laboratory of functional genomics and proteomics of microorganisms, Institute of Experimental Medicine, St. Petersburg, Russia; Professor, Department of Epidemiology, parasitology and disinfection, leading researcher, Laboratory of molecular epidemiology and bacteriophage research, North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov, St. Petersburg, Russia, phage1@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5206-6656>

Author contribution: *Aslanov B.I.* — methodology and design of the study, editing of the manuscript; *Azarov D.V.* — processing of genomic data, *Makarova M.A.* — editing of the manuscript; *Marysheva E.G., Kraeva L.A., Lebedeva E.A., Kolodzhieva V.V.* — processing of the material; *Goncharov N.E., Polev D.E.* — genomic sequencing; *Lebedeva N.V., Starikov D.A.* — collection of biological material; *Goncharov A.E.* — methodology and design of research, collection of biological material, organization of processing of biological material, writing and editing of the manuscript. All authors confirm that they meet the International Committee of Medical Journal Editors criteria for authorship, made a substantial contribution to the conception of the article, acquisition, analysis, interpretation of data for the article, drafting and revising the article, final approval of the version to be published.

The article was submitted 20.10.2024;
accepted for publication 21.12.2024;
published 30.12.2024