

Первая находка эмерджентного патогена *Escherichia marmotae* в Арктике

Б. И. Асланов¹, А. Е. Гончаров^{*1,2}, В. В. Колоджиева¹, Д. В. Азаров^{1,2}

¹ФГБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет имени И.И. Мечникова» Минздрава России, Санкт-Петербург

²ФГБНУ «Институт экспериментальной медицины», Санкт-Петербург

Резюме

Актуальность. *Escherichia marmotae* представляет собой недавно описанный вид эшерихий, расцениваемый в качестве нового зоонозного патогена. Особенности географического распространения этого микроорганизма среди диких животных и его геномное разнообразие в настоящее время изучены недостаточно. **Цель.** Определение патогенного потенциала штамма *Escherichia marmotae* 16guk, выделенного из зоонозного материала на острове Гукера (Архангельская область, архипелаг Земля Франца-Иосифа) и его филогенетических взаимоотношений с ранее описанными штаммами различного происхождения. **Материалы и методы.** Штамм *Escherichia marmotae* 16guk выделен из фекалий песка (*Vulpes lagopus*) вблизи птичьего базара. Патогенный потенциал штамма определялся на основании данных геномного секвенирования с использованием технологии Illumina, оценки среднелетальной дозы при внутрибрюшинном введении мышам и фенотипа антибиотикорезистентности диско-диффузионным методом. Для определения филогенетического положения описываемого штамма в общей структуре популяции микроорганизма были использованы данные полногеномного секвенирования, депонированные в NCBI GeneBank. Филогеномный анализ проводился на основе матрицы расстояний однонуклеотидных полиморфизмов в «коровом» геноме в программе Parsnp. **Результаты и обсуждение.** Штамм характеризуется невысокой вирулентностью при тестировании на мышах (LD_{50} составила $1,3 \cdot 10^9$ к.о.е.), располагает устойчивостью к ампициллину и гентамицину. В структуре генома выявлен ряд факторов патогенности, который включает сидерофоры энтеробактериального и аэробактериального оперонов, характерные для экстраинтестинальных штаммов эшерихий гены фимбрий I типа, гены ворсинок амилоидоподобного белка (*curl*) и капсулярные гены, а также оперон факторов инвазии *ibeABC*. Резистом представлен генами бета-лактамазы *blaEC15* и генами эффлюкс-помпы *acrAD-toIC*. По результатам филогеномного анализа изучаемый штамм обнаруживает наибольшее сходство со штаммами, выделенными в Новой Зеландии и Германии среди диких птиц и животных (кабанов). Сходство геномов штаммов, распространенных в дистантных географических регионах, и выделение штамма 16guk в пределах орнитогенной экосистемы может быть интерпретировано как результат распространения *E. marmotae* с перелетными птицами. **Выводы.** Обнаружение на одной из наиболее отдаленных арктических территорий штамма *Escherichia marmotae* 16guk демонстрирует возможность появления и циркуляции на островных территориях высокоширотной Арктики штаммов энтеробактерий с существенным патогенным потенциалом, что актуализирует необходимость проведения систематических мониторинговых исследований в арктическом регионе.

Ключевые слова: *Escherichia marmotae*, Арктика, полногеномное секвенирование, патогенный потенциал, микробиологический мониторинг
Конфликт интересов не заявлен.

Для цитирования: Асланов Б. И., Гончаров А. Е., Колоджиева В. В. и др. Первая находка эмерджентного патогена *Escherichia marmotae* в Арктике. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2024;23(5):50-55. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2024-23-5-50-55>

Благодарность

Авторы выражают признательность организаторам экспедиции «Арктический плавучий университет» за помощь в проведении полевых исследований.

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

First Finding of the Emerging Pathogen *Escherichia marmotae* in the Arctic

BI Aslanov¹, AE Goncharov^{*1,2}, VV Kolodzhieva¹, DV Azarov^{1,2}

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

²Institute of Experimental Medicine, Saint Petersburg, Russia

Abstract

Relevance. *Escherichia marmotae* is a recently described species of *Escherichia* that is considered a potential new zoonotic pathogen. The geographical distribution of this microorganism in wild animals and its genomic diversity are currently insufficiently studied. **Aims.** The purpose

* Для переписки: Гончаров Артемий Евгеньевич, д. м. н., доцент, заведующий лабораторией функциональной геномики и протеомики микроорганизмов ФГБНУ «Институт экспериментальной медицины»; профессор кафедры эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии ФГБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет имени И.И. Мечникова» Минздрава России, 197376, Санкт-Петербург, улица Академика Павлова, 12. +7 (812) 234-05-42, phage1@yandex.ru. ©Асланов Б. И. и др.

** For correspondence: Artemy E. Goncharov, Dr. Sci. (Med.), Head of laboratory of functional genomics and proteomics of microorganisms, FSBSI «IEM»; Professor at the Department of Epidemiology, Parasitology and Disinfectology of «North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov», 12, Akademika Pavlova Street, St. Petersburg, 197376, Russia. +7 (812) 234-05-42, phage1@yandex.ru. ©Aslanov BI, et al.

of the study was to determine the pathogenic potential of the *Escherichia marmotae* 16guk strain isolated from zoogenic material on Hooker Island (Arkhangelsk Region, Franz Josef Land Archipelago) and its phylogenetic relationships with previously described strains of different origin. **Materials and methods.** The *Escherichia marmotae* 16guk strain was isolated from the faeces of an arctic fox (*Vulpes lagopus*) near a breeding ground. The pathogenic potential of the strain was assessed on the basis of genomic sequencing data using Illumina technology, an estimate of the mean lethal dose when administered intraperitoneally to mice, and an assessment of the antibiotic resistance phenotype using the disc diffusion method. To determine the phylogenetic position of the described strain within the overall structure of the microbial population, genome-wide sequencing data deposited in NCBI GeneBank were used. The phylogenomic analysis was performed based on the distance matrix of single nucleotide polymorphisms in the core genome due Parsnp. **Results.** The strain is characterized by low virulence when tested on mice (LD_{50} was 1.3×10^8 K.O.E.), has resistance to ampicillin and gentamicin. A number of pathogenicity factors have been identified in the genome structure, which includes siderophores of enterobactin and aerobactin operons, fimbria type I genes characteristic of extraintestinal *Escherichia* strains, amyloid-like protein villi (curli) and capsular genes, as well as the *ibeABC* invasion factor operon. The resistome is represented by *blaEC15* beta-lactamase genes and *acrAD-ToIC* efflux pump genes. According to the results of phylogenomic analysis, the strain under study shows the greatest similarity with the genome sequences of strains circulating in New Zealand and Germany among wild animals (wild boars) and birds. The similarity of the genomes of strains distributed in distant geographical regions and the isolation of the 16guk strain within an ornithogenic ecosystem can be interpreted as a result of the spread of *E. marmotae* with migratory birds. **Conclusions.** The discovery of the *Escherichia marmotae* 16guk strain in one of the most remote Arctic territories demonstrates the possibility of the emergence and circulation of enterobacteria strains with significant pathogenic potential in the island territories of the high-latitude Arctic, which actualizes the need for systematic monitoring studies in this region.

Keywords: *Escherichia marmotae*, Arctic, whole genome sequencing, pathogenic potential, microbiological monitoring
No conflict of interest to declare.

For citation: Aslanov BI, Goncharov AE, Kolodzhieva VV, et al. First finding of the emerging pathogen *Escherichia marmotae* in the Arctic. *Epidemiology and Vaccinal Prevention*. 2024;23(5):50-55 (In Russ.). <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2024-23-5-50-55>

Acknowledgment

The authors express their gratitude to the organizers of the Arctic Floating University expedition for their assistance in conducting field research.

Source of funding: The study was supported by the Russian Science Foundation grant No. 23-25-00128, <https://rscf.ru/project/23-25-00128/>

Введение

Род *Escherichia* включает значительное число возбудителей зоонозных инфекций, являющихся важными объектами эпидемиологического надзора в рамках предлагаемой ВОЗ концепции «Единого здоровья» [1,2]. Эпидемический потенциал установлен как для отдельных экологических групп *Escherichia coli* (в частности, патогенных для птиц штаммов – *avian pathogenic E. coli* (АПЕС)), так и для других видов эшерихий (*E. albertii* [3], *E. fergusonii* [4])

Escherichia marmotae представляет собой недавно описанный вид, периодически обнаруживаемый в составе кишечной микробиоты теплокровных животных, в том числе птиц. Штаммы *E. marmotae*, выделяемые от диких животных, располагают обширным набором факторов вирулентности, включая ген термостабильного энтеротоксина *astA*, локализованный на мобильном элементе IS1414, общие для патогенных эшерихий гены *lifA/efa*, *cif*, *ereA*, *sfp*, иерсиниозный эффектор системы секреции T3SS *yopJ*, гены секреции II и IV типов [5]. Обилие генов факторов патогенности, а также способность вызывать инвазивные инфекции у человека позволяют рассматривать этот микроорганизм в качестве эмерджентного патогена [6,7]. Необходимо отметить, что детали экологии и геномного разнообразия эпидемиологически актуальных популяций этой бактерии изучены недостаточно.

В контексте изучения особенностей циркуляции *Escherichia marmotae* в природной среде особый интерес представляют прибрежные экосистемы высокоширотной Арктики, являющиеся точками притяжения миллионов перелетных птиц и мигрирующих животных.

В то же время поиск эмерджентных бактериальных патогенов, включая *E. marmotae*, практически не проводился на островах высокоширотной Арктики в связи с их удаленностью и сложностью организации отбора проб для микробиологических исследований.

Цель исследования – определение патогенного потенциала штамма *Escherichia marmotae*, выделенного из зоогенного материала на острове Гукера (Архангельская область, архипелаг Земля Франца-Иосифа) и его филогенетических взаимоотношений с ранее описанными штаммами различного происхождения.

Материалы и методы

В ходе экспедиции «Арктический плавучий университет» в 2021 г. на островах Гукера, Хейса и Белл (архипелаг Земля Франца-Иосифа, Архангельская область) проводился отбор образцов зоогенного биологического материала для микробиологических исследований, нацеленный на поиск представителей семейства *Enterobacteriaceae*, располагающих патогенным и эпидемическим потенциалом. Биологические образцы (погадки,

фекалии, трупы птиц) в полевых условиях отбирали для микробиологических исследований в стерильные пластиковые пакеты типа Whirl-Pack, а также в пробирки с транспортной средой Эймса (Соран). Затем на борту научно-экспедиционного судна «Михаил Сомов» был осуществлен посев собранных проб (68 образцов) на плотные агаризованные диагностические питательные среды (агар Эндо, UTI хромогенный агар (Oxoid, Великобритания). Полученные через 48 часов при 37 °C культивирования в переносном термостате колонии откалывали для выделения чистой культуры. Дальнейшая работа с чистыми культурами бактерий осуществлялась в стационарной лаборатории по возвращении из экспедиции, в частности, проводилась оценка морфологических свойств колоний на хромогенной среде UTI (Oxoid, Великобритания) и кровяном агаре, а также на основе стандартных биохимических тестов (каталазного и оксидазного) при культивировании на среде Клиглера (ФБУН ГНЦ ПМБ, Оболенск, РФ).

В ходе полевых исследований на острове Гукера вблизи гнездовой люрики (*Alle alle*) к северо-востоку от полярной станции Бухта Тихая в точке с координатами 80°12'16.2"N 52°27'56.6"E был отобран образец фекалий песца (*Vulpes lagopus*), из которого на агаре Эндо была выделена чистая культура бактерии, получившая наименование 16guk. Биологические характеристики выделенного штамма были изучены с использованием методов, представленных ниже.

Оценка антибиотикочувствительности проводилась диско-диффузионным методом, при этом были использованы диски (ЗАО НИЦФ, Санкт-Петербург), содержащие следующие антибиотики: ампициллин (10 мкг), гентамицин (10 мкг), цефотаксим (30 мкг), амикацин (30 мкг), ципрофлоксацин (5 мкг).

Интерпретация антибиотикограмм осуществлялась с использованием критериев EUCAST 13.0 (<https://www.antibiotic.ru/library/eucast-eucast-clinical-breakpoints-bacteria-13-0-rus/>)

Оценка генетических характеристик выделенного штамма проводилась на основании анализа результатов полногеномного секвенирования.

Выделение ДНК для полногеномного секвенирования проводили, используя фенол-хлороформный метод.

Секвенирование генома проводилась на секвенаторе Illumina MiSeq (ресурсный центр «Биобанк», СПбГУ). Библиотеку фрагментов ДНК готовили с использованием набора реагентов Illumina Nextera XT DNA Sample Prep Kit (Illumina, США) согласно инструкции производителя. Качество полученной библиотеки оценивали с помощью анализатора Agilent Bioanalyzer 2100 (Agilent Technologies, США).

Биоинформационная обработка результатов секвенирования выполнена следующим образом. Необработанные данные считывались после контроля качества, выполненного с помощью FastQC v0.11 <https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/>

fastqc/), а затем были собраны *de novo* при помощи геномного ассемблера SPAdes 13.0 (<https://cab.spbu.ru/software/spades/>). Аннотирование полученных контигов проведено с использованием ресурса RAST (<http://rast.nmpdr.org>).

Поиск генов лекарственной устойчивости и факторов патогенности проводился с помощью программы ABRicate (<https://github.com/tseemann/abricate>) с базами данных NCBI AMRFinderPlus и VFDB соответственно с порогами детекции BLASTn: 80% – идентичность, 80% – длина выравнивания.

Для определения филогенетического положения описываемого штамма в общей структуре популяции микроорганизма были использованы данные полногеномного секвенирования 257 штаммов *E. marmotae*, депонированные в NCBI GeneBank Assembly (полногеномные сборки) на 13.06.2024. Также были получены метаданные об источнике, месте и дате выделения штаммов. С помощью программы Parsnp (<https://github.com/marbl/parsnp>) была проведена филогенетическая кластеризация геномных последовательностей. Филогенетические деревья были построены методом максимального правдоподобия по матрице расстояний однонуклеотидных полиморфизмов в «коровом» геноме. Для укоренения древа в качестве внешней группы применен референсный геном *E. coli* K-12. Для иллюстрации филограммы была использована библиотека ggtree для R.

Эксперименты по определению вирулентности проводились на 18 белых беспородных мышах массой 16–20 г, которые были разделены на три группы по 6 животных. Животным каждой группы интраперитонеально вводили изучаемую культуру в объеме 0,5 мл в различных концентрациях (первая группа – 1×10^{10} к.о.е., вторая группа – 1×10^9 к.о.е., третья группа – 1×10^8 к.о.е.). LD₅₀ рассчитывали с использованием онлайн-калькулятора Quest Graph™ LD₅₀ Calculator AAT Bioquest (<https://www.aatbio.com/tools/ld50-calculator>).

Эксперименты отвечали общепринятым этическим нормам обращения с животными [8]. Протокол исследования был утвержден на заседании Локального этического комитета ФГБОУ ВО СЗГМУ им. И. И. Мечникова Минздрава России 25 мая 2023 г.

Результаты и обсуждение

Идентификация культуры

Культура формировала небольшие выпуклые розовые колонии на агаре Эндо и UTI-агаре, демонстрировала положительный тест на продукцию каталазы и отрицательный на оксидазы, была представлена грамтрицательными палочками. По совокупности культуральных и биохимических свойств выделенный штамм был первоначально идентифицирован как *Escherichia coli*.

Проведенное секвенирование генома позволило на основании 100% сходства генов 16S rRNA классифицировать его как штамм, относящийся

к виду *Escherichia marmotae*. Последовательность генома изученного штамма депонирована в GenBank (Acc. № JAXOTS000000000).

Оценка чувствительности к антибиотикам

Чувствительность выделенного штамма к антибиотикам представлена в таблице 1.

Оценка вирулентности штамма

Штамм проявил невысокую степень вирулентности по отношению к мышам при внутрибрюшинном введении. LD₅₀ составила 1,3*10⁹ к.о.е.

Анализ нуклеотидной последовательности генома

В структуре генома обнаруживаются гены сидерофоров энтеробактерного и азробактерного оперонов, характерные для экстраинтестинальных штаммов эшерихий гены фимбрий I типа, гены ворсинок амилоидо-подобного белка (curli) и капсулярные гены, а также оперон факторов инвазии *ibeABC*. Следует отметить, что продукты генов данного оперона у *E. coli* ассоциированы с развитием менингитов у новорожденных и цитотоксическим действием на эпителиальные клетки и макрофаги [9].

В числе генов устойчивости к антибиотикам обнаруживаются *ampC*-подобная бета-лактамаза *blaEC15* и гены устойчивости к аминогликозидам – эффлюкс-помпы *acrAD-toiC*. Экспрессия этих генов подтверждается фенотипически резистентностью изученного штамма к ампициллину и гентамицину.

Таким образом, выявленные генетические особенности штамма 16guk предполагают наличие существенного патогенного потенциала, что подтверждается данными оценки среднелетальной дозы на лабораторных мышах и, в целом, соответствует представлениям об *Escherichia marmotae*, как о виде, способном вызывать внекишечные формы инфекций.

В литературе имеются сведения о единичных случаях инфекций у человека, вызванных *E. marmotae*. В частности, описаны случаи септицемии, холангита,

пиелонефрита и спондилодисцита [7]. Учитывая, что штаммы *E. marmotae* фенотипически неотличимы при проведении рутинных диагностических исследований от штаммов других видов эшерихий, а сам микроорганизм выделен в качестве самостоятельного вида лишь в 2016 году, можно предполагать существенное количество неverified случаев инфекции, вызываемых им.

Среди 257 депонированных в GenBank геномов штаммов *E. marmotae* 101 штамм выделен от птиц, 79 – из объектов внешней среды, 43 – от диких и домашних животных, и 16 штаммов (6,2%) были выделены от людей в Норвегии (5), Нидерландах (3), Франции (2), Чехии (1), Дании (1), Швейцарии (1), Португалии (1), Великобритании (1) и США (1).

Результаты филогеномного анализа *E. marmotae* из различных географических регионов демонстрируют практически полное отсутствие закономерностей в формировании кластеров по географическому принципу и по принципу принадлежности к отдельным видам животных-хозяев. Геномы штаммов, выделенных от людей, филогенетически разнородны, что не позволяет выделить конкретную генетическую линию возбудителя, ответственную за случаи инфицирования людей. С другой стороны, общность факторов патогенности штаммов *E. marmotae*, выделяемых от животных и от человека, может быть связана с наличием неявных связей, обеспечивающих циркуляцию данного вида бактерий в природных и антропогенных экосистемах.

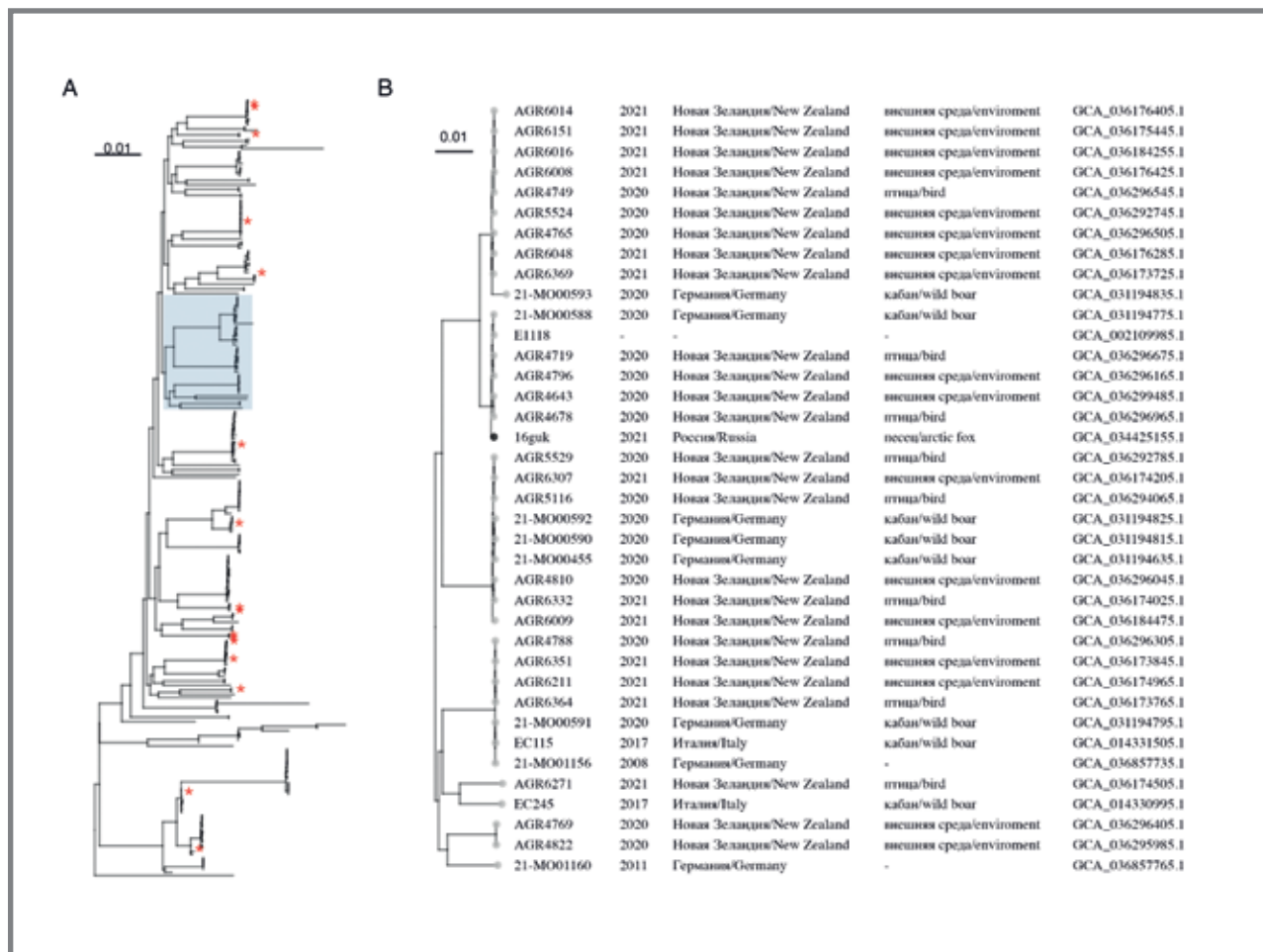
В частности, геном, описываемого штамма 16guk обнаруживает наибольшее сходство с геномами штаммов, циркулирующих в Новой Зеландии среди птиц [10] и диких животных в Германии и Италии. При этом не проявляется близкого филогенетического родства единственному ранее выявленному в России штамму М-12 [11]. Результаты филогеномного анализа проиллюстрированы филогенетическим древом (рис. 1).

Полученные результаты филогеномного анализа могут быть трактованы в пользу широкого

Таблица 1. Оценка антибиотикочувствительности штамма *Escherichia marmotae* 16guk
Table 1. Antibiotic susceptibility assessment of *Escherichia marmotae* 16guk strain

Антибиотик Antibiotic	Диаметр зоны задержки роста, мм Diameter of growth retardation zone, mm	Интерпретация результата тестирования Interpretation of the test result
Ампициллин Ampicillin	0	резистентный resistant
Цефотаксим Cefotaxime	28	чувствительный susceptible
Гентамицин Gentamicin	16	резистентный resistant
Амикацин Amikacin	20	чувствительный susceptible
Ципрофлоксацин Ciprofloxacin	26	чувствительный susceptible

Рисунок 1. Филогенетические взаимоотношения штаммов *E. marmotae*, оцененные методом максимального правдоподобия по матрице расстояний однонуклеотидных полиморфизмов в «коровом» геноме
Figure 1. Phylogenetic relationships of *E. marmotae* strains estimated by the maximum likelihood method using the matrix of distances of single nucleotide polymorphisms in the core genome



Примечание: А. Общий вид филогенетического дерева штаммов *E. marmotae*. Красными маркерами отмечены штаммы, выделенные от людей. Голубой рамкой отмечена ветвь со штаммами, родственными 16guk. В. Фрагмент филогенетического дерева, представляющего штаммы, родственные 16guk. Приведены сведения о годе, месте и источнике выделения штаммов, номера доступа в GenBank.
 Note: A. General view of the phylogenetic tree of *E. marmotae* strains. Strains isolated from humans are indicated by red markers. A blue border marks a branch containing strains related to 16guk. B. The fragment of a phylogenetic tree representing strains related to 16guk. This information includes the year, place and source where the strain was isolated and the accession numbers in GenBank.

географического распространения *E. marmotae*, осуществляемого мигрирующими животными, включая птиц. Известно, что песцы являются миофагами, причем морские птицы представляют собой важнейшую составляющую их рациона [12]. Обнаружение описываемого штамма в образце материала, отобранного вблизи птичьего базара, предполагает его орнитогенное происхождение.

Альтернативное объяснение филогенетического родства изучаемого штамма европейским штаммам заключается в том, что на территории европейского субконтинента среди диких животных получила распространение ветвь *E. marmotae*, не демонстрирующая специфических адаптаций к отдельным видам хозяев. С учетом существенных различий в образе жизни и рационе питания млекопитающих, распространенных в Центральной Европе и на Земле Франца-Иосифа, последнее предположение представляется менее вероятным, чем гипотеза орнитогенного переноса данного микроорганизма.

Закключение

Обнаружение на одной из наиболее отдаленных арктических территорий штамма *Escherichia marmotae* 16guk демонстрирует возможность появления и циркуляции на островных территориях высокоширотной Арктики штаммов энтеробактерий с существенным патогенным потенциалом, что актуализирует необходимость проведения систематических мониторинговых исследований в данном регионе. При этом, с нашей точки зрения, сбор материала для микробиологических исследований в рамках программ поиска эмерджентных патогенов целесообразно проводить в местах расположения крупных гнездовых мигрирующих птиц.

В силу массовости данных видов животных и их способности к дальним, в том числе трансконтинентальным, миграциям, их функция в качестве векторов переноса инфекций требует глубокого и всестороннего изучения.

Не вызывает сомнения также необходимость исследований экологии *Escherichia marmotae*, в частности, остается открытым вопрос о живых, являющихся резервуарами инфекции.

Литература/References

1. Ali S, Alsayegh AF. Review of major meat-borne zoonotic bacterial pathogens. *Front Public Health* 2022 10:1045599. doi: 10.3389/fpubh.2022.1045599
2. Yousef HMY, Hashad ME, Osman KM, et al. Surveillance of *Escherichia coli* in different types of chicken and duck hatcheries: one health outlook. *Poult Sci*. 2023;102(12):103108. doi: 10.1016/j.psj.2023.103108
3. Gomes TAT, Ooka T, Hernandez RT, et al. *Escherichia albertii* Pathogenesis. *EcoSal Plus*. 2020;9(1):10.1128/ecosalplus.ESP-0015-2019. doi: 10.1128/ecosalplus.ESP-0015-2019
4. Shah A, Alam S, Kabir M, et al. Migratory birds as the vehicle of transmission of multi drug resistant extended spectrum β lactamase producing *Escherichia fergusonii*, an emerging zoonotic pathogen. *Saudi J Biol Sci*. 2022;29(5):3167–3176. doi: 10.1016/j.sjbs.2022.01.057
5. Liu S, Jin D, Lan R, et al. *Escherichia marmotae* sp. nov., isolated from faeces of *Marmota himalayana*. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2015;65(7):2130–2134. doi:10.1099/ijs.0.000228
6. Liu S, Feng J, Pu J, et al. Genomic and molecular characterisation of *Escherichia marmotae* from wild rodents in Qinghai-Tibet plateau as a potential pathogen. *Sci Rep*. 2019;9(1):10619. doi: 10.1038/s41598-019-46831-3
7. Sivertsen A, Dyrhovden R, Tellevik MG, et al. *Escherichia marmotae* – a Human Pathogen Easily Misidentified as *Escherichia coli*. *Microbiol Spectr*. 2022;10(2):e0203521. doi: 10.1128/spectrum.02035-21
8. European Convention for the Protection of Vertebrate Animals used for Experimental and other Scientific Purposes (ETS No. 123). Доступно на/Available at: <https://rm.coe.int/168007a67b>. Accessed: 8 Jun 2024.
9. Cieza RJ, Hu J, Ross BN, et al. The IbeA invasin of adherent-invasive *Escherichia coli* mediates interaction with intestinal epithelia and macrophages. *Infect Immun*. 2015;83(5):1904–18. doi: 10.1128/IAI.03003-14.
10. Biggs PJ, Moinet M, Rogers LE, et al. Draft genome sequences of *Escherichia* spp. isolates from New Zealand environmental sources. *Microbiol Resour Announc*. 2024;13(3):e0100723. doi:10.1128/mra.01007-23
11. Zhurilov PA, Andriyanov PA, Tutrina AI, et al. Characterization and comparative analysis of the *Escherichia marmotae* M-12 isolate from bank vole (*Myodes glareolus*). *Sci Rep*. 2023;13(1):13949. doi: 10.1038/s41598-023-41223-0
12. Carbonell Ellgutter JA, Ehrich D, Killengreen ST, et al. Dietary variation in Icelandic arctic fox (*Vulpes lagopus*) over a period of 30 years assessed through stable isotopes. *Oecologia*. 2020;192(2):403–414. doi: 10.1007/s00442-019-04580-0.

Об авторах

- **Батырбек Исметович Асланов** – д. м. н., заведующий кафедрой эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии ФБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова» Минздрава России; заведующий НИЛ молекулярной эпидемиологии и исследований бактериофагов ФБОУ ВО «Северо-западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова» Минздрава России. batyra@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6890-8096>.
- **Артемиий Евгеньевич Гончаров** – д. м. н., заведующий лабораторией функциональной геномики и протеомики микроорганизмов ФГБНУ «Институт экспериментальной медицины»; профессор кафедры эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии ФБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова» Минздрава России. phage1@yandex.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5206-6656>.
- **Виктория Васильевна Колоджиева** – к. м. н., доцент кафедры эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии ФБОУ ВО «Северо-западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова» Минздрава России. vika-el@yandex.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1537-211X>.
- **Даниил Валерьевич Азаров** – к. м. н., с. н. с. НИЛ молекулярной эпидемиологии и исследований бактериофагов ФБОУ ВО «Северо-западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова» Минздрава России; н. с. лаборатории функциональной геномики и протеомики микроорганизмов ФГБНУ «Институт экспериментальной медицины». denazarov.da@gmail.com. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2483-5144>.

Поступила: 26.07.2024. Принята к печати: 27.09.2024.

Контент доступен под лицензией CC BY 4.0.

About the Authors

- **Batyrbek I. Aslanov** – Dr. Sci. (Med.), Head of the Department of Epidemiology, Parasitology and Disinfection, North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov; Head of the Laboratory of Molecular Epidemiology and Bacteriophage Research, North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov. batyra@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6890-8096>.
- **Artemiy E. Goncharov** – Dr. Sci. (Med.), Head of the Laboratory of Functional Genomics and Proteomics of Microorganisms, Institute of Experimental Medicine; Professor, Department of Epidemiology, Parasitology and Disinfection, North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov. phage1@yandex.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5206-6656>.
- **Viktoria V. Kolodzhieva** – Cand. Sci. (Med.), Associate Professor, Department of Epidemiology, Parasitology and Disinfection, North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov. vika-el@yandex.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1537-211X>.
- **Daniil V. Azarov** – Cand. Sci. (Med.), Senior Researcher, Laboratory of Molecular Epidemiology and Bacteriophage Research, North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov; Researcher, Laboratory of Functional Genomics and Proteomics of Microorganisms, Institute of Experimental Medicine. denazarov.da@gmail.com. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2483-5144>.

Received: 26.07.2024. Accepted: 27.09.2024.

Creative Commons Attribution CC BY 4.0.