



Характеристики геномов условно-патогенных бактерий зоогенных экосистем островов Западной Арктики

Асланов Б.И.¹, Гончаров А.Е.^{1,2}, Азаров Д.В.^{1,2}, Трофимова А.Н.³, Аксенов А.С.³, Мизин И.А.⁴, Колоджиева В.В.¹, Кушниренко Д.А.², Краева Л.А.⁵, Панин А.Л.⁶, Крыленков В.А.⁷

¹ ФБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова» Минздрава России, г. Санкт-Петербург, ул. Кирочная, д. 41, 191015, Российская Федерация

² ФГБНУ «Институт экспериментальной медицины», ул. Академика Павлова, д. 12, Санкт-Петербург, 197022, Российская Федерация

³ ФГАОУ ВО «Северный (Арктический) федеральный университет имени М. В. Ломоносова», набережная Северной Двины, д. 17, г. Архангельск, 163002, Российская Федерация

⁴ ФГБУН «Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики имени академика Н.П. Лаврова» Уральского отделения Российской академии наук, просп. Никольский, д. 20, г. Архангельск, 163020, Российская Федерация

⁵ ФБУН «Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. Пастера», ул. Мира, д. 14, 197101, Российская Федерация

⁶ ФГБУ «Арктический и антарктический научно-исследовательский институт», ул. Беринга, д. 38, 199397, г. Санкт-Петербург, Российская Федерация

⁷ ОО «Санкт-Петербургский союз ученых», Университетская наб., д. 5, г. Санкт-Петербург, 199034, Российская Федерация

Резюме

Введение. Арктические экосистемы являются важнейшим объектом микробиологического мониторинга, позволяющего отслеживать динамично меняющуюся природную среду на фоне климатических изменений и промышленного освоения северных территорий.

Цель исследования заключалась в оценке эпидемического потенциала условно-патогенных бактерий, ассоциированных с животными арктических островов Баренцева и Карского морей.

Материалы и методы. В работе охарактеризованы четыре штамма грамотрицательных условно-патогенных бактерий (*Serratia fonticola*, *Aeromonas salmonicida*, *Yersinia kristensenii*, *Yersinia rochesterensis*), выделенные в 2021–2022 гг. при микробиологических исследованиях 46 образцов зоогенного биологического материала из природных экосистем острова Вайгач, архипелагов Новая Земля и Земля Франца-Иосифа. Геномы выделенных штаммов микроорганизмов были секвенированы с использованием технологии Illumina MiSeq и после сборки *de novo* при помощи геномного ассемблера SPAdes 13.0 аннотированы с использованием приложения RAST.

Результаты. Продемонстрировано, что изученные штаммы располагают рядом факторов вирулентности и генами устойчивости к антибиотикам, что позволяет рассматривать их в качестве потенциальных патогенов. В составе геномов всех изученных бактерий обнаруживаются бета-лактамазы классов А, В, С, из числа факторов патогенности – типичны опероны сидерофоров и систем секреции IV типа. Кроме того, в геномах иерсиний идентифицируется также ген энтеротоксина *utxA* коклюшного типа.

Выводы. Результаты исследования свидетельствуют о возможности формирования природных очагов возбудителей актуальных инфекций на островах высокоширотной Арктики, имеющих перспективы развития туризма, хозяйственного освоения.

Ключевые слова: Арктические острова, условно-патогенные бактерии, полногеномное секвенирование, резистом, факторы патогенности.

Для цитирования: Асланов Б.И., Гончаров А.Е., Азаров Д.В., Трофимова А.Н., Аксенов А.С., Мизин И.А., Колоджиева В.В., Кушниренко Д.А., Краева Л.А., Панин А.Л., Крыленков В.А. Характеристики геномов условно-патогенных бактерий зоогенных экосистем островов Западной Арктики // Здоровье населения и среда обитания. 2024. Т. 32. № 6. С. 81–88. doi: 10.35627/2219-5238/2024-32-6-81-88

Characteristics of Genomes of Opportunistic Bacteria in Zoogenic Ecosystems of the Russian Western Arctic Islands

Batyrbek I. Aslanov¹, Artemiy E. Goncharov^{1,2}, Daniil V. Azarov^{1,2}, Anna N. Trofimova³, Andrey S. Aksenov³, Ivan A. Mizin⁴, Viktoria V. Kolodzhieva¹, Daria A. Kushnirenko², Lyudmila A. Kraeva⁵, Alexander L. Panin⁶, Viacheslav A. Krylenkov⁷

¹ North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov, 41 Kirochnaya Street, Saint Petersburg, 191015, Russian Federation

² Institute of Experimental Medicine, 12 Academician Pavlov Street, Saint Petersburg, 197022, Russian Federation

³ Northern (Arctic) Federal University named after M.V. Lomonosov, 17 Severnaya Dvina Embankment, Arkhangelsk, 163002, Russian Federation

⁴ Laverov Federal Center for Integrated Arctic Research of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 20 Nikolsky Avenue, Arkhangelsk, 163020, Russian Federation

⁵ Saint Petersburg Pasteur Research Institute of Epidemiology and Microbiology, 14 Mira Street, Saint Petersburg, 197101, Russian Federation

⁶ Arctic and Antarctic Research Institute, 38 Bering Street, Saint Petersburg, 199397, Russian Federation

⁷ Saint Petersburg Union of Scientists, 5 Universitetskaya Embankment, Saint Petersburg, 199034, Russian Federation

Summary

Introduction: Arctic ecosystems are the most important object of microbiological surveillance that helps monitor a rapidly changing natural environment affected by climate change and industrial development of the northern territories.

Objective: To assess the epidemic potential of opportunistic bacteria associated with animals from the Arctic islands of the Barents and Kara Seas.

Materials and methods: We have studied four strains of gram-negative opportunistic bacteria (*Serratia fonticola*, *Aeromonas salmonicida*, *Yersinia kristensenii*, and *Yersinia rochesterensis*) isolated in 2021–2022 during microbiological testing of 46 samples of zoogenic biologic materials from the natural ecosystems of Vaigach Island, Novaya Zemlya and Franz Josef Land archipelagos. Genomes of the isolated microbial strains were sequenced using the Illumina MiSeq sequencing system and, after *de novo* assembly using the SPAdes 13.0 genomic assembler, annotated with RAST (Rapid Annotation using Subsystem Technology).

Results: The strains were shown to possess a number of virulence factors and antibiotic resistance genes, which allows them to be considered as potential pathogens. Classes A, B, and C beta-lactamases were found in the genomes of all the bacteria under study, and operons for siderophores and type IV secretion systems were typical of virulence factors. In addition, the pertussis-like YtxA enterotoxin was identified in *Yersinia* genomes.

Conclusion: Our findings indicate the possibility of emergence of natural foci of notifiable infections on the islands in the high-latitude Arctic promising in terms of tourism development and economic growth.

Keywords: Arctic islands, opportunistic bacteria, genome sequencing, resistome, pathogenicity factors.

Cite as: Aslanov BI, Goncharov AE, Azarov DV, Trofimova AN, Aksenov AS, Mizin IA, Kolodzhieva VV, Kushnirenko DA, Kraeva LA, Panin AL, Krylenkov VA. Characteristics of genomes of opportunistic bacteria in zoogenic ecosystems of the Russian Western Arctic Islands. *Zdorov'e Naseleniya i Sreda Obitaniya*. 2024;32(6):81-88. (In Russ.) doi: 10.35627/22195238/2024-32-6-81-88

Введение. Одним из существенных результатов развития теории природной очаговости в последние десятилетия является разработка и внедрение в качестве инициативы Всемирной организации здравоохранения стратегии эпидемиологического надзора за инфекциями, общими для человека и животных, известной как подход «Единого здоровья» (One Health approach) [1–4]. Данный подход декларирует необходимость микробиологического мониторинга возбудителей инфекционных заболеваний и детерминант лекарственной устойчивости в человеческом обществе, популяциях сельскохозяйственных и домашних животных, а также в природных экосистемах. Следует указать, что спектр природно-очаговых инфекций в XXI веке существенно дополнен новыми нозологическими формами и включает в качестве возбудителей инфекций у человека, наряду с облигатными патогенами, условно-патогенные микроорганизмы [5] что существенно расширяет задачи программ микробиологического мониторинга в «дикой природе».

Экосистемы полярных регионов планеты представляют особый интерес в качестве объектов мониторинговых исследований как конечные ареалы сезонных миграций перелетных птиц и ряда млекопитающих и в качестве чувствительных индикаторов состояния природной среды, на которую воздействуют климатические изменения и хозяйственное освоение территорий.

В высокоширотной Арктике известны природные очаги опасных инфекционных заболеваний, в частности бешенства [6], зоонозного гриппа А [7], сибирской язвы [8].

Однако объем информации об эпидемическом потенциале условно-патогенных бактерий, о распространении детерминант антибиотикорезистентности явно недостаточен, что увеличивает востребованность исследований микробиоты, ассоциированной с арктическими животными.

Цель исследования: оценка эпидемического потенциала условно-патогенных бактерий, ассоциированных с животными арктических островов Баренцева и Карского морей.

Материалы и методы. В ходе экспедиций «Арктический плавучий университет» в 2021–2022 годах на островах западного сектора Арктики (остров Вайгач, остров Северный архипелага Новая Земля, острова Гукера и Белл архипелага Земля Франца-Иосифа) было отобрано 46 образцов биологического материала, ассоциированного с мигрирующими животными, в том числе птицами. География мест отбора проб представлена на рисунке.

Асептически взятые пробы (фекалии белого медведя, птиц отряда гусеобразных, субстрат из нор грызунов и из орнитогенных почв на птичьих базарах) помещали в пробирки со стерильным физиологическим раствором в соотношении 1:10, а затем культивировали на плотных питательных средах – на агаре Эндо и хромогеном UTI агаре (HiMedia, Индия), инкубируя при температуре 35–37 градусов в переносном термостате непосредственно на борту научно-экспедиционного судна «Михаил Сомов» и научно-исследовательского судна «Профессор Молчанов». В целях выделения доминирующих в материале культур микроорганизмов использовали прямой посев на плотные питательные среды, то есть метод обогащения на жидких питательных средах не применялся.

Геномы выделенных штаммов микроорганизмов были секвенированы с использованием технологии Illumina MiSeq (ресурсный центр «Биобанк», СПбГУ).

Библиотеки фрагментов ДНК готовили с использованием метода ультразвуковой фрагментации ДНК. Качество полученных библиотек оценивали с помощью анализатора Agilent Bioanalyzer 2100 (Agilent Technologies, США). Необработанные данные считывались после контроля качества, выполненного с помощью FastQC v0.11 (<https://www.>



Рисунок. География мест отбора проб
Figure. Sampling geography

bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/) были собраны *de novo* при помощи геномного ассемблера SPAdes 13.0 (<https://github.com/ablab/spades>), функциональная аннотация геномов осуществлялась с использованием онлайн приложения RAST (<https://rast.nmpdr.org/>).

Результаты. В настоящем исследовании охарактеризованы геномы нескольких выделенных из биологического материала штаммов. Информация об источниках их выделения представлена в табл. 1.

Как видно из данных, представленных в табл. 1, описанные штаммы бактерий выделены из зоогенного биологического материала, собранного на островных территориях западного сектора Российской Арктики между 69° и 79° северной широты.

Основные сведения о размере геномов, и особенностях геномных последовательностей представлены в табл. 2.

Обсуждаемые штаммы располагают геномами типичных для соответствующих видов бактерий размеров и GC-содержания.

Результаты геномного аннотирования, представленные в табл. 2, свидетельствуют о наличии генов вирулентности в геномах всех изученных штаммов, что позволяет рассматривать эти бактерии в качестве потенциальных патогенов. Так, геном *Aeromonas salmonicida* ABM14 содержит опероны синтеза RTX-токсина и внеклеточной протеазы (вибриолизина), сходной с эластазой синегнойной

палочки. В геномах иерсиний (*Yersinia kristensenii* 2guk и *Yersinia rochesterensis* 12bell) присутствуют гены факторов патогенности – сидерофоров энтеробактериального, и азробактериального кластеров, а также гены белков секреции 6-го типа, пили 4-го типа, гены гемолизина ShlB/FhaC/HecB семейства и фосфолипазы C. Кроме того, в геномах иерсиний идентифицируется также энтеротоксин YtxA, а в геноме *Y. kristensenii* присутствует также ген инвазина inv B составе генома *Serratia fonticola* Vf_lemm обнаруживаются гены системы секреции T6SS, включая ген hcp.

В составе геномов всех изученных бактерий обнаруживаются гены резистентности к антибиотикам, включая бета-лактамазы классов A, B, C, гены устойчивости к хинолонам (ген QnrB10, за исключением генома *Aeromonas salmonicida* ABM14). Геномы *Aeromonas salmonicida* ABM14 и *Yersinia kristensenii* 2guk также располагают генами эффлюкс-помп (MFS, MacA, MacB), обеспечивающих устойчивость к антибиотикам тетрациклинового ряда.

Обсуждение. При оценке эпидемического потенциала выделенных бактерий мы исходили из понимания этого показателя как совокупности свойств микроорганизма, определяющих способность вызывать эпидемический процесс [9]. С этой точки зрения мы можем оценить изученные штаммы условно-патогенных бактерий как обладающие выраженным эпидемическим потенциалом, что

Таблица 1. Характеристика изученных штаммов арктических бактерий
Table 1. Characteristics of the studied strains of Arctic bacteria

№	Видовая принадлежность / Species	Обозначение штамма / Strain designation	Источник биоматериала / Source of biologic material
1	<i>Serratia fonticola</i>	Vf_lemm	Субстрат нор в колонии узкочерепных полевков (<i>Lasiopodomys gregalis</i>) на острове Вайгач вблизи поселка Варнек (N69.72846° E60.12616°) / Burrow substrate in a colony of voles (<i>Lasiopodomys gregalis</i>) on the Vaygach island near the village of Varnek (N69.72846° E60.12616°)
2	<i>Aeromonas salmonicida</i>	ABM14	Цианобактериальные маты на литорали небольшого посещаемого птицами (куликами и гусями) озера в точке с координатами N76.20635° E62.70910°, остров Северный, Новая Земля / Cyanobacterial mats on the littoral of a small lake visited by birds (waders and geese) at coordinates N76.20635° E62.70910°, Severny Island, Novaya Zemlya
3	<i>Yersinia kristensenii</i>	2guk	Фекалии белого медведя в районе полярной станции Бухта Тихая (остров Гукера, архипелаг Земля Франца-Иосифа, N 80.20281 E 52.48093) / Polar bear feces in the area of the Tikhaya Bay polar station (Hooker Island, Franz Josef Land Archipelago, N 80.20281 E 52.48093)
4	<i>Yersinia rochesterensis</i>	12bell	Фекалии птиц (отряд гусеобразные) в южной части острова Белл (архипелаг Земля Франца-Иосифа) в точке с координатами N79.99139° E49.23627° / Feces of goose-like birds in the southern part of Bell Island (Franz Josef Land) at the point with coordinates N79.99139° E49.23627°

Таблица 2. Характеристики секвенированных геномов
Table 2. Characteristics of the sequenced genomes

Секвенированный штамм / Sequenced strain	Размер генома (Mb) / Genome size (Mb)	% содержание GC / GC content, %	Факторы патогенности / Pathogenicity factors	Детерминанты устойчивости к антибиотикам / Determinants of antibiotic resistance	Номер доступа в GenBank / GenBank Accession number
<i>Serratia fonticola</i> Vf_lemm	6,3	53	Термостабильный гемолизин, гены системы секреции T6SS / Thermostable hemolysin, genes of the T6SS secretion system	blaFONA ген бета-лактамазы класса A, ген резистентности к хинолонам QnrB10 / class A β -lactamase blaFONA gene, quinolone resistance QnrB10 gene	JAVIGA010000000
<i>Aeromonas salmonicida</i> ABM14	4,8	58,5	Нсп (гемолизин) эффекторный протеин T6SS Оперон токсин-агглютининов RTX, кластер генов пилей IV-го типа цитоллизин-гемолизин HlyA, формирующий поры цитоллизин (вибриолизин), коллагеназа / Hcp (hemolysin) effector protein T6SS, RTX toxin-agglutinin operon, cluster of pileus genes of type IV, cytolysin-hemolysin HlyA, pore-forming cytolysin (vibriolysin), collagenase	Бета-лактамазы субкласса B2 ChpA Ген эффлюкса макролидных антибиотиков MacA Бета-лактамаза класса D / Beta-lactamases of the B2 ChpA subclass Macrolide antibiotic efflux gene MacA Class D β -lactamase	JAVCZK010000000
<i>Yersinia kristensenii</i> 2guk	4,7	47,5	Гены сидерофоров энтеробактериального, петрибактинового и аэробактериального кластеров, гены белков секреции 6-го типа, пили 4-го типа, гены гемолизинов ShlB/FhaC/HecB семейства и фосфолипазы C, ген инвазина inv, ген энтеротоксина ytx, сходного с пертактином <i>Bordetella pertussis</i> / Enterobactin, petribactin and aerobactin cluster siderophore genes, type VI secretion protein genes, type IV pili, ShlB/FhaC/HecB family hemolysin genes and phospholipase C, invazin gene, enterotoxin ytx gene similar to <i>Bordetella pertussis</i> pertactin	Гены устойчивости к хинолонам (QnrB10) и макролидам (MFS, MacA, MacB), ген сериновой бета-лактамазы класса C / Quinolone (QnrB10) and macrolide (MFS, MacA, MacB) resistance genes, class C serine β -lactamase gene	JAVIYN010000000
<i>Yersinia rochesterensis</i> 12bell	4,3	47	Гены сидерофоров энтеробактериального, и аэробактериального кластеров, гены белков секреции 6-го типа, ген энтеротоксина ytx, сходного с пертактином <i>Bordetella pertussis</i> / Enterobactin and aerobactin cluster siderophore genes, type VI secretion protein genes, ytx enterotoxin gene similar to <i>Bordetella pertussis</i> pertactin	Ген устойчивости к хинолонам n QnrB10 ampC – подобная бета-лактамаза класса C / Quinolone resistance gene n QnrB10 ampC-like Class C betalactamase	AVIYI000000000.1

подтверждается наличием в их геномах генов вирулентности и устойчивости к антибиотикам.

Так, например, в геноме *Aeromonas salmonicida* ABM14 обнаружен оперон синтеза RTX — токсина,

экспрессия которого, судя по проведенным ранее исследованиям [10], способна индуцировать апоптоз эпителиальных клеток хозяина, что в совокупности с наличием в геноме данного штамма эластазы

(фермента, способного ингибировать фагоцитоз [11]) может обеспечить инвазию патогена в ткани организма теплокровного хозяина и генерализацию инфекции.

Примечательно также обнаружение энтеротоксина YtxA, относящегося к группе токсинов коклюшного типа AB5, в геномах *Yersinia kristensenii* 2 guk и *Yersinia rochesterensis* 12bell. Представители данной группы токсинов, как было установлено ранее [9], получили распространение в популяциях патогенных энтеробактерий, в частности энтеропатогенных эшерихий и сальмонелл.

Обнаруженный в геноме *Yersinia kristensenii* 2 guk ген инвазина inv, известен как ген вирулентности, обеспечивающий повреждение клеток кишечного эпителия животных [13].

В геноме *Serratia fonticola* Vf_lemm идентифицирован ген hcr. Пептиды, продуцируемые гомологами этого гена у патогенных иерсиний, участвуют в аутоагрегации клеток [14], а у сальмонелл его гомологи являются факторами патогенности [15].

Резистом изученных бактерий не содержит критически значимых для общественного здравоохранения детерминант множественной лекарственной устойчивости, однако наличие генов беталактамаз различных классов и эффлюксных помп может обеспечить им постепенную адаптацию к существованию в экосистемах с умеренной концентрацией антибиотиков в урбанизированных и сельскохозяйственных биогеоценозах и специфической госпитальной среде.

Несмотря на то, что выявление на арктических территориях психрофильных представителей семейства *Yersiniaceae*, а также обнаружение в прибрежных биотопах *Aeromonas salmonicida* (возбудителя заболеваний рыб [16]), является, в целом ожидаемым, по нашему мнению, важен факт обнаружения штаммов, обладающих патогенным потенциалом и детерминантами резистентности из образцов биоматериала, ассоциированного с перелетными птицами и из проб, связанных с животными – аборигенами арктических островов и побережий.

Как предполагается, появление устойчивых к антибиотикам бактерий в природной среде Арктики, является результатом как мобилизации аутохтонного резистома, так и антропогенного загрязнения [17–19]. Наряду с этим, в распространение антибиотикорезистентных бактерий существенный вклад вносят мигрирующие животные, часть которых (дальнеперелетные птицы) выполняют функцию векторов переноса детерминант антибиотикорезистентности на большие расстояния. При этом северные олени, например, могут быть использованы в качестве индикаторов распространенности антибиотикорезистентных микроорганизмов в арктических экосистемах [20].

Примечателен факт обнаружения штамма условно-патогенной бактерии *Yersinia kristensenii* в составе микробиома белого медведя (*Ursus maritimus*) в образце с острова Гукера (Земля

Франца-Иосифа). Известно, что белые медведи баренцевоморской субпопуляции (из карско-баренцевоморской популяции), которые встречаются на островах Земли Франца-Иосифа, ведут оседло-кочевой образ жизни и могут заходить в восточные районы Шпицбергена [21]. Таким образом, белые медведи тоже могут участвовать в распространении патогенов на обширных арктических территориях, а природные очаги, образованные этими животными, вероятно, не имеют четких границ и ограничены диапазоном их сезонных миграций. Положение белого медведя на вершине трофической цепи в арктической экосистеме, его высокая мобильность, а также присутствие этого хищника в антропогенно-измененных биотопах вблизи полярных станций и поселений позволяет использовать его кишечный микробиом в качестве индикатора интродукции антибиотикорезистентных бактерий, включая и возбудителей зоонозов. В недавнем исследовании отмечалось, что «следы» антропогенного воздействия присутствуют в виде изменений структуры микробиома белых медведей [22].

Выделение двух представителей семейства *Yersiniaceae* в одинаковых и экстремальных климатогеографических условиях – *Yersinia kristensenii* и *Yersinia rochesterensis* – требует отдельного рассмотрения и осмысления. Сам род *Yersinia* на июнь 2021 года включают 26 видов иерсиний. Причем в последние десятилетия он прирастает новыми видами благодаря молекулярно-генетическим исследованиям ранее обнаруженных классическими бактериологическими методами видов иерсиний. Таким примером является выделение из вида *Yersinia kristensenii* новых видов, в том числе и описанного в данной статье *Yersinia rochesterensis* [23].

Учитывая психрофильные свойства семейства *Yersiniaceae* и многочисленные находки иерсиний в высоких широтах, целесообразен поиск этих бактерий с широким привлечением внимания научно-практических специалистов к так называемым «игнорируемым» видам *Yersinia enterocolitica*-like bacteria, многие из которых являются возбудителями сапрозоонозов [24, 25].

Заключение. В результате проведенных исследований получены данные, подтверждающие возможность циркуляции условно-патогенных бактерий, обладающих генами вирулентности, антибиотикорезистентности и определенным эпидемическим потенциалом в природных экосистемах арктических островов, включая высокоширотные территории с суровыми природно-климатическими условиями, в частности, впервые описаны штаммы иерсиний с островов архипелага Земля Франца-Иосифа.

Активное развитие познавательного туризма и освоение природной среды Арктики с ее стратегическим экономическим потенциалом предполагает учет возможности функционирования на арктических островах специфических природных очагов зоонозных инфекций, поддерживаемых мигрирующими представителями орнитофауны и териофауны.

Благодарности

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

Авторы выражают признательность Б.И. Шефтелю (с.н.с. ИПЭЭ РАН) за помощь в видовом определении грызунов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ / REFERENCES

1. Alsamara I, Ogilvie L, Sudbrak R, Brand A. One Health lens for antimicrobial resistance research and funding: A systematic review. *OMICS*. 2023;27(12):570-580. doi: 10.1089/omi.2023.0049
2. McEwen SA, Collignon PJ. Antimicrobial Resistance: A One Health Perspective. *Microbiol Spectr*. 2018;6(2). doi: 10.1128/microbiolspec.ARBA-0009-2017
3. Panda S, Bhargava B, Gupte MD. One World One Health: Widening horizons. *Indian J Med Res*. 2021;153(3):241-243. doi: 10.4103/ijmr.ijmr_1056_21
4. Naddeo V. One planet, one health, one future: The environmental perspective. *Water Environ Res*. 2021;93(9):14721475. doi: 10.1002/wer.1624
5. Коренберг Э.И. Природная очаговость инфекций: современные проблемы и перспективы исследований // Зоологический журнал. 2010. Т. 89, № 1. С. 5–17. Korenberg EI. Natural focalities of infections: Current problems and prospects of investigations. *Zoologicheskii Zhurnal*. 2010;89(1):5-17. (In Russ.)
6. Deviatkin AA, Vakulenko YA, Dashian MA, Lukashetv AA. Evaluating the impact of anthropogenic factors on the dissemination of contemporary cosmopolitan, Arctic, and Arctic-like rabies viruses. *Viruses*. 2021;14(71):66. doi: 10.3390/v14010066
7. Gass JD Jr, Kellogg HK, Hill NJ, Puryear WB, Nutter FB, Runstadler JA. Epidemiology and ecology of influenza A viruses among wildlife in the Arctic. *Viruses*. 2022;14(7):e1531. doi: 10.3390/v14071531
8. Liskova EA, Egorova IY, Selyaninov YO, et al. Reindeer anthrax in the Russian Arctic, 2016: Climatic determinants of the outbreak and vaccination effectiveness. *Front Vet Sci*. 2021;8:e668420. doi: 10.3389/fvets.2021.668420
9. Bettencourt LMA, Ribeiro RM. Real time Bayesian estimation of the epidemic potential of emerging infectious diseases. *PloS One*. 2008;3(5):e2185. doi: 10.1371/journal.pone.0002185
10. Suarez G, Khajanchi BK, Sierra JC, Erova TE, Sha J, Chopra AK. Actin cross-linking domain of *Aeromonas hydrophila* repeat in toxin A (RtxA) induces host cell rounding and apoptosis. *Gene*. 2012;506(2):369-376. doi: 10.1016/j.gene.2012.07.012
11. Faure E, Kwong K., Nguyen D. *Pseudomonas aeruginosa* in chronic lung infections: How to adapt within the host? *Front Immunol*. 2018;9:2416. doi: 10.3389/fimmu.2018.02416
12. Littler DR, Ang SY, Moriel DG, et al. Structure-function analyses of a pertussis-like toxin from pathogenic *Escherichia coli* reveal a distinct mechanism of inhibition of trimeric G-proteins. *J Biol Chem*. 2017;292(36):1514315158. doi: 10.1074/jbc.M117.796094
13. Young VB, Miller VL, Falkow S, Schoolnik GK. Sequence, localization and function of the invasion protein of *Yersinia enterocolitica*. *Mol Microbiol*. 1990;4(7):1119-1128. doi: 10.1111/j.1365-2958.1990.tb00686.x
14. Podladchikova O, Antonenka U, Heesemann J, Rakin A. *Yersinia pestis* autoagglutination factor is a component of the type six secretion system. *Int J Med Microbiol*. 2011;301(7):562-569. doi: 10.1016/j.ijmm.2011.03.004
15. Wang P, Dong JF, Li RQ, Li L, Zou QH. Roles of the Hcp family proteins in the pathogenicity of *Salmonella typhimurium* 14028s. *Virulence*. 2020; 11(1):1716-1726. doi: 10.1080/21505594.2020.1854538
16. Dallaire-Dufresne S, Tanaka KH, Trudel MV, Lafaille A, Charette SJ. Virulence, genomic features, and plasticity of *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida*, the causative agent of fish furunculosis. *Vet Microbiol*. 2014;169(1-2):1-7. doi: 10.1016/j.vetmic.2013.06.025
17. Hernández J, González-Acuña D. Anthropogenic antibiotic resistance genes mobilization to the polar regions. *Infect Ecol Epidemiol*. 2016;6:e32112. doi: 10.3402/iee.v6.32112
18. Tan L, Li L, Ashbolt N, Wang X. et al. Arctic antibiotic resistance gene contamination, a result of anthropogenic activities and natural origin. *Sci Total Environ*. 2018 Apr 15;621:1176-1184. doi: 10.1016/j.scitotenv.2017.10.110
19. Haan TJ, Drown DM. Unearthing Antibiotic Resistance Associated with Disturbance-Induced Permafrost Thaw in Interior Alaska. *Microorganisms*. 2021;9(1):e116. doi: 10.3390/microorganisms9010116
20. Sunde M, Ramstad SN, Rudi K, et al. Plasmid-associated antimicrobial resistance and virulence genes in *Escherichia coli* in a high arctic reindeer subspecies. *J Glob Antimicrob Resist*. 2021; 26: 317-322. doi: 10.1016/j.jgar.2021.06.003
21. Гаврило М.В., Мартынова Д.М. Сохранение редких видов морской фауны и флоры, занесенных в Красную книгу Российской Федерации и Красный список МСОП, в национальном парке «Русская Арктика» // Nature Conservation Research. Заповедная наука. 2017. Т. 2 (S1). С. 10–42. doi: 10.24189/ncr.2017.017
22. Gavrilo MV, Martynova DM. Conservation of rare species of marine flora and fauna of the Russian Arctic National Park, included in the Red Data Book of the Russian Federation and in the IUCN Red List. *Nature Conservation Research*. 2017;2(S1):10-42. (In Russ.) doi: 10.24189/ncr.2017.017
23. Vecherskii MV, Kuznetsova TA, Khayrullin DR, et al. Anthropogenic neighborhood impact on bacterial and fungal communities in polar bear feces. *Animals (Basel)*. 2023;13(13):2067. doi: 10.3390/ani13132067
24. Nguyen SV, Cunningham SA, Jeraldo P, Tran A, Patel R. *Yersinia occitanica* is a later heterotypic synonym of *Yersinia kristensenii* subsp. *rochesterensis* and elevation of *Yersinia kristensenii* subsp. *rochesterensis* to species status. *International Journal of Systematic and Molecular Microbiology*. 2021;71(2):004626. doi: 10.1099/ijsem.0.004626
25. Панин А.Л. Микробиологический мониторинг возбудителей сапрозоонозов в полярных регионах: дис. ... канд. мед. наук. Москва, 2023. Доступно по: https://www.rudn.ru/storage/media/science_dissertation/9fb83289-26d1-4a4b-a31a-3a4bf616380a/panin-dissertaciya-100423.pdf. Ссылка активна на 28.06.2024.
26. Panin AL. [Microbiological monitoring of sapro-zoonotic pathogens in polar regions.] Candidate of Medical Sciences thesis. Moscow; 2023. (In Russ.) Accessed June 28, 2024. https://www.rudn.ru/storage/media/science_dissertation/9fb83289-26d1-4a4b-a31a-3a4bf616380a/panin-dissertaciya-100423.pdf
27. Virdi JS, Sachdeva P. Molecular heterogeneity in *Yersinia enterocolitica* and *Y. enterocolitica*-like species – Implications for epidemiology, typing and taxonomy. *FEMS Immunol Med Microbiol*. 2005;45(1):1-10. doi: 10.1016/j.femsim.2005.03.006

Сведения об авторах:

Асланов Батырбек Иسمелович, 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, e-mail: batyra@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6890-8096>

✉ **Гончаров** Артемий Евгеньевич, 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, e-mail: phage1@yandex.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5206-6656>.

Азаров Даниил Валерьевич, 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», e-mail: denazarov.da@gmail.com, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2483-5144>.

Трофимова Анна Николаевна, заместитель начальника экспедиционного отряда по научной работе экспедиции «Арктический плавучий университет», Северный (Арктический) федеральный университет имени М.В. Ломоносова, e-mail: a.trofimova@narfu.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7271-2283>.

Аксенов Андрей Сергеевич, к.т.н., профессор кафедры биологии, экологии и биотехнологии, зав. сектором лаборатории арктического биомониторинга, Северный (Арктический) федеральный университет имени М.В. Ломоносова, e-mail: a.s.aksenov@narfu.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1013-1357>.

Мизин Иван Андреевич, к.б.н., старший научный сотрудник лаборатории биоресурсов и этнографии, Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики имени академика Н.П. Лаверова Уральского отделения Российской академии наук, e-mail: mizin@rus-arc.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7094-7561>.

Колоджиева Виктория Васильевна, к.м.н., доцент кафедры эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии ФБОУ ВО «Северо-западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова» Минздрава России, e-mail: vika-el@yandex.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1537-211X>.

Кушниренко Дарья Александровна, лаборант лаборатории инновационных методов микробиологического мониторинга научно-образовательного центра научного центра мирового уровня Центр персонализированной медицины ФГБНУ «Институт экспериментальной медицины», e-mail: d-kushnirenko@bk.ru, ORCID: <https://orcid.org/0009-0006-2960-1397>.

Краева Людмила Александровна, д.м.н., заведующая лабораторией медицинской бактериологии ФБУН «Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. Пастера», e-mail: lykraeva@yandex.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9115-3250>.

Панин Александр Леонидович, к.м.н., главный специалист по медицинской логистике Логистического центра Российской антарктической экспедиции Арктического и антарктического НИИ, e-mail: alp.1952@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7064-9193>.

Крыленков Вячеслав Александрович, д.б.н., руководитель центра мониторинга полярных регионов, ОО «Санкт-Петербургский союз ученых», e-mail: krylenkoff@gmail.com, ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6411-0274>.

Информация о вкладе авторов: концепция и дизайн исследования: *Гончаров А.Е., Крыленков В.А., Асланов Б.И.*; сбор данных: *Гончаров А.Е., Трофимова А.Н., Мизин И.А.*; анализ и интерпретация результатов: *Гончаров А.Е., Асланов Б.И., Колоджиева В.В.; Кушниренко Д.А., Краева Л.А., Аксенов А.С., Азаров Д.В.*, литературный обзор: *Панин А.Л.*, подготовка рукописи: *Колоджиева В.В., Аксенов А.С., Гончаров А.Е.* Все авторы ознакомились с результатами работы и одобрили окончательный вариант рукописи.

Соблюдение этических стандартов: данное исследование не требует представления заключения комитета по био-медицинской этике или иных документов.

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

Конфликт интересов: авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов в связи с публикацией данной статьи.

Статья получена: 27.12.23 / Принята к публикации: 10.06.24 / Опубликовано: 28.06.24

Author information:

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; e-mail: 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; e-mail: phage1@yandex.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5206-6656>.

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; e-mail: denazarov.da@gmail.com; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2483-5144>.

Anna N. **Trofimova**, Deputy Head of the Research Expedition Team at the “Arctic Floating University” expedition, Northern (Arctic) Federal University named after M.V. Lomonosov; e-mail: a.trofimova@narfu.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7271-2283>.

Andrey S. **Aksenov**, Cand. Sci. (Tech.), Professor, Department of Biology, Ecology and Biotechnology, Head of the Sector of the Laboratory of Arctic Biomonitoring, Northern (Arctic) Federal University named after M.V. Lomonosov; e-mail: a.s.aksenov@narfu.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1013-1357>.

Ivan A. **Mizin**, Cand. Sci. (Biol.), Senior Researcher, Laboratory of Bioresources and Ethnography, Laverov Federal Center for Integrated Arctic Research of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences; e-mail: mizin@rus-arc.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7094-7561>.

Viktoria V. **Kolodzhieva**, Cand. Sci. (Med.), Associate Professor, Department of Epidemiology, Parasitology and Disinfection, North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov; e-mail: vika-el@yandex.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1537-211X>.

Daria A. **Kushnirenko**, Laboratory Assistant, Laboratory of Innovative Methods of Microbiological Monitoring, World-Class Research Center "Center for Personalized Medicine", Institute of Experimental Medicine; e-mail: d-kushnirenko@bk.ru; ORCID: <https://ORCID.org/0009-0006-2960-1397>.

Lyudmila A. **Kraeva**, Dr. Sci. (Med.), Head of the Laboratory of Medical Bacteriology, St. Petersburg Pasteur Research Institute of Epidemiology and Microbiology; e-mail: lykraeva@yandex.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9115-3250>.

Alexander L. **Panin**, Cand. Sci. (Med.), Chief Specialist for Medical Support for Expeditions, Arctic and Antarctic Research Institute; e-mail: alp.1952@mail.ru; ORCID: <https://ORCID.org/0000-0001-6411-0274>.

Viacheslav A. **Krylenkov**, Dr. Sci. (Biol.), Head of the Polar Regions Monitoring center, Saint Petersburg Union of Scientists; e-mail: krylenkoff@gmail.com; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7103-3091>.

Author contributions: study conception and design: *Goncharov A.E., Krylenkov V.A., Aslanov B.I.*; data collection: *Goncharov A.E., Trofimova A.N., Mizin I.A.*; analysis and interpretation of results: *Goncharov A.E., Aslanov B.I., Kolodzhieva V.V.; Kushnirenko D.A., Kraeva L.A., Aksenov A.S., Azarov D.V.*; bibliography compilation and referencing: *Panin A.L.*; draft manuscript preparation: *Kolodzhieva V.V., Aksenov A.S., Goncharov A.E.* All authors reviewed the results and approved the final version of the manuscript.

Compliance with ethical standards: Not applicable.

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

Conflict of interest: The authors have no conflicts of interest to declare.

Received: December 27, 2023 / Accepted: June 10, 2024 / Published: June 28, 2024