https://doi.org/10.35627/2219-5238/2023-32-4-27-36
Original Research Article

© Коллектив авторов, 2024
УДК 606:66-911.38(571,14)

Check for updates

Оценка патогенного потенциала микроорганизмов атмосферных аэрозолей г. Новосибирска и пригорода

И.С. Андреева[1], О.Д. Тотменина[1], А.С. Кабанов[1], М.Е. Антонец[1], С.А. Боднев[1], Т.В. Трегубчак[1], Т.Ю. Аликина[2], О.А. Батурина[2], Т.В. Бауэр[1], М.Е. Ребус[1], А.С. Сафатов[1], М.Р. Кабилов[2]

[1] ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии "Вектор"» Роспотребнадзора, р.п. Кольцово, Новосибирская обл., 630559, Российская Федерация

[2] ФГБУН «Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН», пр. Ак. Лаврентьева, д. 8, г. Новосибирск, 630090, Российская Федерация

Резюме

Введение. Атмосфера Новосибирска характеризуется повышенным содержанием в воздухе взвешенных веществ, заметную часть которых составляют биоаэрозоли. В состав биоаэрозолей входят бактерии и грибы, способные вызывать инфекционные заболевания населения, аллергии и другие негативные реакции.

Цель: определение концентрации и таксономической принадлежности микроорганизмов, изолированных из атмосферных аэрозолей г. Новосибирска и пригорода в весенне-летний период 2023 года, тестирование микробных изолятов на наличие свойств патогенности.

Материалы и методы. Для выделения микроорганизмов из аэрозолей применяли фильтрацию воздуха с применением армированных тефлоновых мембран Sartorius и компрессоров Hopar. Десорбцию микроорганизмов с фильтров проводили встряхиванием в физиологическом растворе на качалке с последующим высевом полученной суспензии на питательные среды. Наличие патогенных признаков определяли по наличию ферментов агрессии, чувствительность микробных изолятов к антибиотикам определяли диско-диффузионным методом. Секвенирование гена 16S рРНК проводили методом Сэнгера, полногеномное секвенирование проводили на приборе NextSeq 550. Расчет числа культивируемых микроорганизмов в пробах проведен по методу Кербера, при этом количество микроорганизмов усреднялось по 3 параллелям высеянных проб.

Результаты. При исследовании микробиоты атмосферных аэрозолей г. Новосибирска и пригорода в весенне-летний период 2023 года обнаружены грибы, спорообразующие и неспороносные бактерии, как сапротрофные, так и патогенные, с концентрацией в аэрозоле от 100 до 8×10^3 КОЕ/м^3, включая полирезистентные к антибиотикам. Грибы были наиболее представлены условно-патогенными и аллергенными видами родов *Aspergillus*, *Alternaria*, *Cladosporium*, *Aureobasidium* и *Penicillium*, бактерии – большим разнообразием видов спорообразующих и неспороносных бактерий. По результатам анализа фенотипических признаков и анализа последовательностей гена 16S рРНК идентифицированы 119 бактериальных изолятов. Для 49 из них проведен полногеномный анализ и тестирование на признаки патогенности по наличию секреции каталазы, гемолизинов, лецитиназы, липазы, плазмокоагулазы, щелочной фосфатазы, желатиназы, проведен анализ на резистентность к антибиотикам. Выявлены 29 штаммов, относящихся к видам *B. safensis*, *B. cereus*, *P. megaterium*, *B. mycoides*, *P. agglomerans*, *S. equorum*, *A. lwoffii* и ряду других, имеющих 5–7 положительных реакций из 9 при тестировании на патогенность, способных вызвать инфекционные заболевания. 11 штаммов проявили устойчивость к 4–7 антибиотикам, что позволяет отнести их к полирезистентным.

Заключение. Обнаружение грибов и бактерий, входящих в число наиболее опасных патогенов, полирезистентных к антибиотикам, свидетельствует о необходимости постоянного контроля состава биоаэрозолей городской среды.

Ключевые слова: Новосибирский регион, микроорганизмы атмосферных аэрозолей, концентрация, разнообразие, патогенность, устойчивость к антибиотикам, полногеномное секвенирование.

Для цитирования: Андреева И.С., Тотменина О.Д., Кабанов А.С., Антонец М.Е., Боднев С.А., Трегубчак Т.В., Аликина Т.Ю., Батурина О.А., Бауэр Т.В., Ребус М.Е., Сафатов А.С., Кабилов М.Р. Оценка патогенного потенциала микроорганизмов атмосферных аэрозолей г. Новосибирска и пригорода // Здоровье населения и среда обитания. 2024. Т. 32. № 4. С. 27–36. doi: 10.35627/2219-5238/2024-32-4-27-36

Assessment of the Pathogenic Potential of Microorganisms in Atmospheric Aerosols of Novosibirsk and Its Suburbs

Irina S. Andreeva,[1] Olga D. Totmenina,[1] Alexey S. Kabanov,[1] Maria E. Antonets,[1] Sergei A. Bodnev,[1] Tatyana V. Tregubchak,[1] Tatyana Yu. Alikina,[2] Olga A. Baturina,[2] Tatyana V. Bauer,[1] Maxim E. Rebus,[1] Alexander S. Safatov,[1] Marsel R. Kabilov[2]

[1] State Research Center of Virology and Biotechnology Vector, Koltsovo settlement, Novosibirsk Region, 630559, Russian Federation

[2] SB RAS Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine, 8 Academician Lavrentiev Avenue, Novosibirsk, 630090, Russian Federation

Summary

Introduction: The atmosphere of Novosibirsk is characterized by increased levels of suspended particles, a significant part of which are bioaerosols. The latter include bacteria and fungi that can induce infectious diseases, allergies, and other negative responses in the population. Yet, the microbiota of ambient air of Novosibirsk and the region is poorly studied.

Objective: To determine the concentration and composition of microorganisms in atmospheric aerosols of Novosibirsk and the region isolated in spring/summer 2023 and to test the microbial isolates for pathogenicity.

Materials and methods: To isolate microorganisms from ambient aerosols, air was filtered applying Sartorius reinforced Teflon membrane filters and Hopar compressors. Their desorption from the filters was carried out by shaking in a physiological solution on a rocker and vortex followed by sowing the resulting suspensions onto nutrient media. We

https://doi.org/10.35627/2219-5238/2023-32-4-27-36
Оригинальная исследовательская статья

determined pathogenic signs by the presence of aggression enzymes and sensitivity of microbial isolates to antibiotics by the disk diffusion method. Sequencing of the 16S rRNA gene was performed by Sanger method; full genome sequencing was performed using the NextSeq 550 system.

Results: During the study of the microbiota of atmospheric aerosols in Novosibirsk and the region in spring/summer 2023, fungi, spore-forming and non-spore-forming bacteria, both saprotrophic and pathogenic, were isolated with concentrations in the aerosol ranging from 100 to 8×10^3 CFU/m^3, including multiple drug resistant ones. Fungi were generally represented by opportunistic and allergenic species of the genera *Aspergillus*, *Alternaria*, *Cladosporium*, *Aureobasidium*, and *Penicillium*, while bacteria – by a large variety of spore-forming and non-spore-forming bacterial species. Based on the results of analyzing phenotypic traits and the 16S rRNA gene sequencing, 119 bacterial isolates were identified. Full genome sequencing analysis and pathogenicity testing by secretion of catalase, hemolysins, lecithinase, lipase, plasma coagulase, alkaline phosphatase, gelatinase were performed for 49 of them along with testing for antibiotic resistance. We identified twenty-nine strains belonging to *B. safensis*, *B. cereus*, *P. megaterium*, *B. mycoides*, *P. agglomerans*, *S. equorum*, *A. lwoffii*, and a number of others with 5 to 7 positive reactions out of 9 in pathogenicity testing, capable of causing infectious diseases. Eleven strains showed resistance to 4 to 7 antibiotics, enabling their classification as multidrug-resistant.

Conclusions: Detection of fungi and bacteria, which are among the most dangerous pathogens with multiple antimicrobial resistance, prove the necessity of constant control of the composition of bioaerosols in the urban environment.

Keywords: Novosibirsk Region, atmospheric aerosol microorganisms, concentration, diversity, pathogenicity, antibiotic resistance, genome-wide sequencing.

Cite as: Andreeva IS, Totmenina OD, Kabanov AS, Antonets ME, Bodnev SA, Tregubchak TV, Alikina TYu, Baturina OA, Bauer TV, Rebus ME, Safatov AS, Kabilov MR. Assessment of the pathogenic potential of microorganisms in atmospheric aerosols of Novosibirsk and its suburbs. *Zdorov'e Naseleniya i Sreda Obitaniya.* 2024;32(4):27–36. (In Russ.) doi: 10.35627/2219-5238/2024-32-4-27-36

Введение. Биологическая компонента атмосферы способна влиять на климат, характер атмосферных процессов, оказывать влияние на здоровье населения [1, 2]. Общая характеристика качества атмосферы Новосибирска в 2023 г. по уровню загрязнения оценена как повышенная[1], в число загрязнителей атмосферы входят аэрозоли, значительная часть которых контаминирована микроорганизмами различных таксономических групп, включая способные вызывать заболевания [3, 4]. В литературе имеются многочисленные данные о микробиоме атмосферного воздуха городской среды и пригородов, сельскохозяйственных районов [5, 6], но биогенный состав аэрозолей атмосферы северных территорий России, включая Новосибирский регион, остается наименее изученным.

Цель: определение концентрации и таксономической принадлежности микроорганизмов, изолированных из атмосферных аэрозолей г. Новосибирска и пригорода в весенне-летний период 2023 года, тестирование полученных микробных изолятов на наличие свойств патогенности.

Материалы и методы. Проведено изучение биоразнообразия и концентрации культивируемых микроорганизмов в атмосферных аэрозолях Новосибирского региона в течение 09.2020–09.2023 гг. при выполнении комплексных работ, посвященных характеризации аэрозолей атмосферы Новосибирска с определением их метагеномного и химического состава. Параллельно с метагеномными исследованиями микробиома воздуха, выполненными с помощью методов высокопроизводительного секвенирования [7, 8], с целью определения концентрации и состава культивируемых микроорганизмов исследовано 232 образца атмосферного воздуха, отобранных фильтрацией, выделено в культуру 4197 штаммов бактерий и грибов. Образцы атмосферных аэрозолей отбирали фильтрацией атмосферного воздуха с применением армированных тефлоновых мембран Sartorius и компрессоров Hopar, позволяющих за 12 часов отобрать 21,6 м^3 воздуха [9]. Координаты точек отбора образцов аэрозолей Новосибирска и области: A – Академгородок (Советский район г. Новосибирска, 54.50'40.20° × 83.07'07.02°); C – г. Новосибирск Калининский район, 55.04'24.44'' × 82.57'08.68); N – с. Двуречье Новосибирской области (54.959118° × 83.210469°); V – р.п. Кольцово Новосибирской области, 54.935467° × 83.201531°). Для выделения микроорганизмов фильтры с сорбированными на них частицами атмосферных аэрозолей помещали в пробирки с физиологическим раствором, содержимое пробирок интенсивно перемешивали на качалке и вортексе. Полученные смывы с фильтров (рабочие суспензии) использовали для высева в жидкие и агаризованные питательные среды для выделения микроорганизмов разных физиологических групп, как описано ранее [7]. Емкости с высевами инкубировали при температуре 28–30 °C в течение 3–14 суток. Колонии выросших микроорганизмов использовали для получения чистых культур и дальнейшего их изучения.

Сравнительная количественная оценка концентрации микроорганизмов в пробе дается как КОЕ/мл суспензии аэрозоля. Морфологию клеток микроорганизмов исследовали методом фазово-контрастной микроскопии с помощью микроскопа Axioskop 40 (Германия). Наличие патогенных признаков (продукция щелочной фосфатазы, наличие каталазной, гемолитической, фосфолипазной, коагулазной, желатиназной, протеазной активностей) определяли косвенным методом при высеве микроорганизмов на диагностические среды с применением специфических субстратов[2].

Чувствительность исследуемых культур к антибиотикам определяли диско-диффузионным

[1] О состоянии и об охране окружающей среды Новосибирской области в 2022 году. Государственный доклад. Министерство природных ресурсов и экологии новосибирской области. Новосибирск, 2023. 201 с. https://www.nso.ru/page/2624 (In Russ.).

[2] Лабинская А.С., Волина Е.Г., ред. Руководство по медицинской микробиологии. Общая и санитарная микробиология. Книга I. М.: Издательство БИНОМ, 2008. 1080 с.

https://doi.org/10.35627/2219-5238/2023-32-4-27-36
Original Research Article

методом с применением дисков производства НИЦФ (Россия) с концентрацией (мкг/диск): гентамицин (10), канамицин (30), ванкомицин (30), левофлоксацин (5), бензилпенициллин (10Е), оксациллин (10), ципрофлоксацин (30) тетрациклин (30), имипенем (10), стрептомицин (30).

Таксономическую принадлежность выделенных из аэрозолей микроорганизмов определяли по суммарным данным, полученным при исследовании фенотипических признаков в соответствии с рекомендациями[3]. ДНК из бактериальных изолятов выделяли с помощью набора GeneJET Genomic DNA Purification Kit (Thermo Fisher). Далее, используя праймеры 27F (AGAGTTTGATCMTGGCTCAG) и 1492R (GGTTACCTTGTTACGACTT), получали ампликон, соответствующий гену 16S рРНК[4]. В ПЦР использовали Phusion Hot Start II Polymerase (NEB) с программой: 98 °С – 1 мин. [98 °С –10 сек., 62 °С – 15 сек., 72 °С – 45 сек.] × 33 цикла, 72 °С – 7 мин. Определение нуклеотидных последовательностей проводилось на автоматическом секвенаторе ABI Prism 3130XL (Applied Biosystems, USA) с использованием набора реагентов BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems, USA) и праймеров 27F и 1492R. Прямое и обратное прочтение сшивали, получая контиг в CLC Main Workbench (Qiagen). Анализ контигов с целью определения таксономии ближайших гомологов выполняли с помощью nucleotide blast[5] по базе Nucleotide collection (nt).

Для проведения высокопроизводительного секвенирования бактериальную культуру с отдельных колоний на твердой питательной среде отбирали с помощью стерильной одноразовой микробиологической петли и суспендировали в 200 мкл фосфатно-солевого буфера. Из суспензии отбирали образец объемом 100 мкл, переносили в лизирующий раствор из комплекта реагентов для выделения тотальной РНК/ДНК РИБО-преп (Россия), прогревали при 65 °С в течение 20 минут в твердотельном термостате и далее проводили экстракцию нуклеиновых кислот согласно инструкции производителя. Растворение осадка нуклеиновых кислот проводили в 40 мкл деионизованной воды с прогреванием при 65 °С в течение 5 минут и резким охлаждением на льду. Концентрацию полученной геномной ДНК измеряли с помощью Qubit 3.0 с использованием набора Qubit dsDNA HS Assay Kit. Секвенирование полногеномных последовательностей проводили на приборе NextSeq 550 (США). Подготовку ДНК-библиотек осуществляли при помощи наборов реагентов NEBNext Ultra II FS DNA Library Prep Kit for Illumina и NEBNext Multiplex Oligos for Illumina (Великобритания) согласно инструкции фирмы-производителя. В полученных в результате секвенирования файлах в формате FastQ удаляли адаптеры, короткие и низкокачественные последовательности (качеством менее 20 и длиной менее 30 нуклеотидов). Предобработанные прочтения собирали в контиги с использованием программы SPAdes v3.13.1 с параметром carefu1[6]. Таксономический анализ полученных контигов проводили при помощи BLASTn v2.9.0 +, используя базу данных Genbank[7].

Расчет числа культивируемых микроорганизмов в пробах проведен по методу Кербера, при этом количество микроорганизмов усреднялось по 3 параллелям высеянных проб. Суммарные величины численности культивируемых микроорганизмов рассчитывались как средние по повторностям ± доверительный интервал на уровне значимости 95 % (< 0,05)[8].

Для дальнейшего изучения признаков и оценки патогенного и функционального потенциала создана коллекционная база микробных аэроизолятов (6197 ед. хранения), отражающих биоразнообразие микробиоты атмосферы Новосибирского региона, хранящихся при низкотемпературном замораживании в коллекции бактерий, бактериофагов и грибов ФБУН «ГНЦ ВБ “Вектор”» Роспотребнадзора.

Результаты. Концентрация культивируемых микроорганизмов в отдельных образцах аэрозолей значительно колебалась, составляла от единиц до (8–9) × 10^3 КОЕ/$м^3$, что свидетельствует о значительных ее контрастных изменениях, происходящих в атмосфере. Отмечено сезонное колебание численности с ее снижением в зимние периоды, доходящей до нулевого значения в дни обильных снегопадов, аналогичную ситуацию наблюдали в теплый период после ливней или затяжных дождей. Соотношение отдельных таксономических групп в исследуемых образцах аэрозолей было изменчивым, определенных закономерностей не выявилось. Отмечены единичные резкие увеличения численности как в городе, так и в пригородах представителей ряда таксонов, таких как *Acinetobacter*, *Bacillus*, *Staphylococcus*, *Micrococcus*, а также грибов под влиянием местных или привнесенных источников.

На рисунке представлены сезонные изменения концентрации микроорганизмов в 2023 г., показанные для четырех точек отбора в течение дневного и ночного времени. Дневные концентрации несколько выше ночных, те и другие для всех точек отбора наиболее выражены с июля по сентябрь. Осенью высокая численность микроорганизмов во многих образцах аэрозолей обеспечена преобладанием в пробах плесневых грибов. Наименьшие концентрации культивируемых микроорганизмов выявлены в образцах, отобранных в с. Двуречье (точка отбора N).

[3] Герхард Ф., Мюррэй Р., Костилоу Р. и др. ред. Методы общей бактериологии. Т. 3. М.: Мир, 1984. 264 с.
[4] Weisburg WG, Barns SM, Pelletier DA, Lane DJ. 16S ribosomal DNA amplification for phylogenetic study. *J Bacteriol*. 1991;173(2):697–703. doi: 10.1128/jb.173.2.697-703.1991
[5] Camacho C, Coulouris G, Avagyan V, *et al*. BLAST+: Architecture and applications. BMC Bioinformatics. 2009;10:421. doi: 10.1186/1471-2105-10-421.
[6] Bankevich A, Nurk S, Antipov D, *et al.* SPAdes: A new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing. *J Comput Biol.* 2012;19(5):455–477. doi: 10.1089/cmb.2012.0021
[7] Benson DA, Cavanaugh M, Clark K, et al. GenBank. Nucleic Acids Res. 2013;41(Database issue):D36–42. doi: 10.1093/nar/gks1195.
[8] Ашмарин И.П., Воробьев А.А. Статистические методы в микробиологических исследованиях. Л.: Гос. изд. мед. лит., 1962. 180 с.

https://doi.org/10.35627/2219-5238/2023-32-4-27-36
Оригинальная исследовательская статья

Наиболее высокие пики численности культивируемых микроорганизмов ((8–9) × 10^3 КОЕ/м^3) обнаружены во время летнего периода 2023 г. в пробах Новосибирска и р. п. Кольцово (точки отбора С и V соответственно), представленных грибами, спорообразующими и неспороносными бактериями, многие из которых способны к образованию защитных пигментов каратиноидного или меланинового ряда. Проведена идентификация бактерий и грибов, выделенных из атмосферных аэрозолей в период с мая по август 2023 г.

Разнообразие грибов представлено микромицетами с преобладанием родов *Aspergillus*, *Alternaria*, *Cladosporium*, *Aureobasidium* и *Penicillium*. Наибольшую их суммарную концентрацию наблюдали в весенне-летних и ранне-осенних пробах, достигавшую от 150 до 6,7 × 10^3 КОЕ/м^3 в отдельных образцах аэрозолей, с последующим снижением в аэрозолях позднеосеннего периода. Минимальная численность грибов наблюдается в зимний период.

По фенотипическим признакам и результатам анализа последовательностей гена 16S рРНК (97,5–100 % сходства с данными GenBank) идентифицированы 119 изолятов, отнесенных к спорообразующими бактериями родов *Bacillus*, *Paenibacillus*, *Priestia*, *Lysinibacillus*, *Peribacillus*, *Metabacillus*, *Solibacillus* и др.; неспороносным бактериям родов *Nocardiopsis*, *Planomicrobium*, *Pseudomonas*, *Artrobacter*, *Brevundimonas*, *Curtobacterium*, *Psychrobacter*, *Stutzerimonas*, а также родов *Kocuria*, *Planococcus*, *Mammaliicoccus*, *Macrococcus*, *Staphylococcus*, *Sporosarcina* и ряду других.

С целью уточнения идентификации проведено полногеномное исследование для 49 выделенных штаммов (наименования видов приведены в таблице), а также их тестирование на признаки патогенности по наличию секреции таких ферментов, как каталаза, гемолизины, лецитиназа, липазы, плазмокоагулаза, щелочная фосфатаза, желатиназа, по способности к капсулообразованию. Исследована также их чувствительность к антибиотикам.

Выяснено, что продукцией каталазы и щелочной фосфатазы разной активности обладают все штаммы

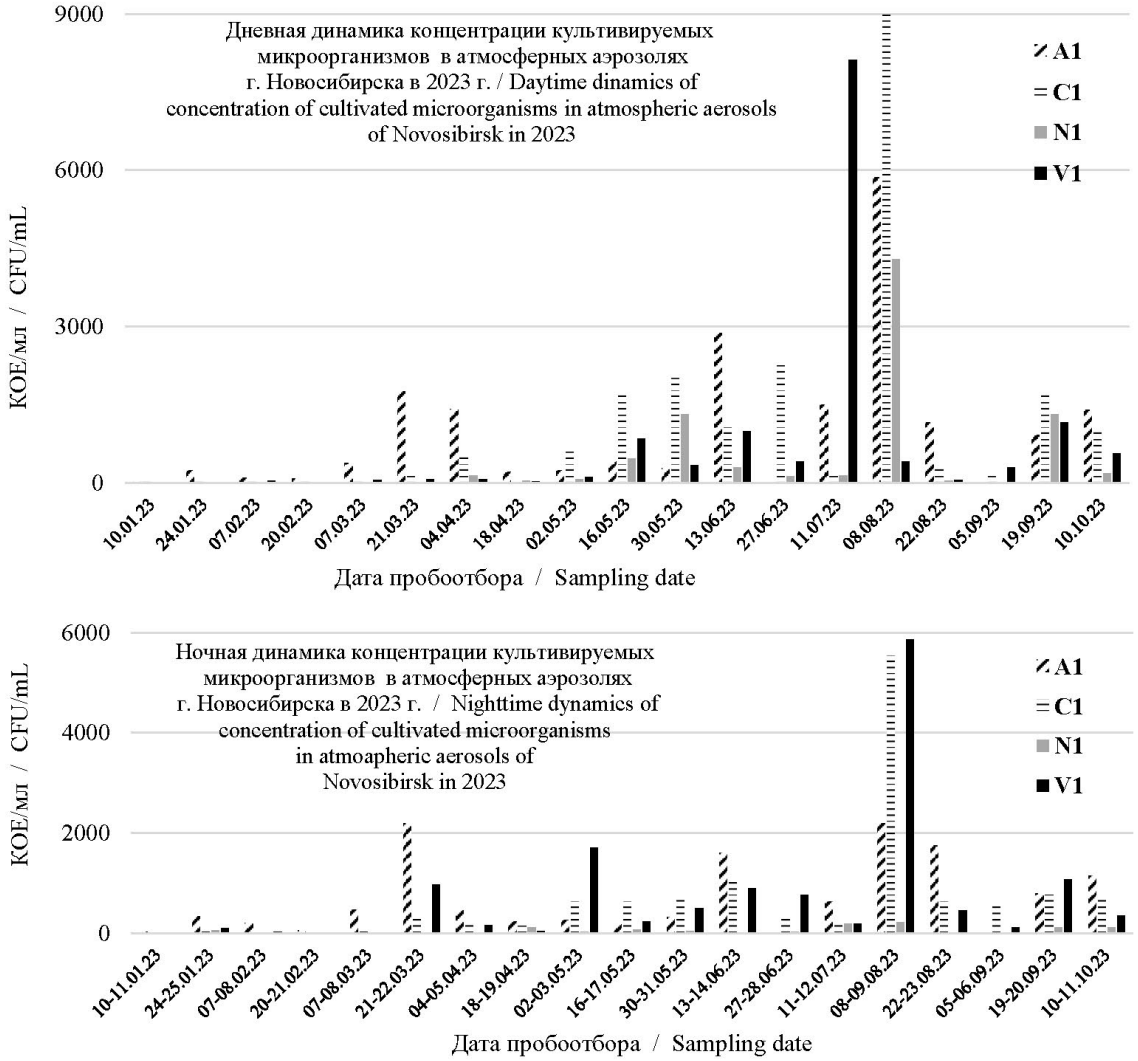

Рисунок. Динамика сезонной концентрации культивируемых микроорганизмов в атмосферных аэрозолях г. Новосибирска и пригородов в 2023 г.

Figure. Dynamics of the seasonal concentration of cultivated microorganisms in atmospheric aerosols of Novosibirsk and suburbs in 2023

https://doi.org/10.35627/2219-5238/2023-32-4-27-36
Original Research Article

исследуемой группы, наиболее выраженной – штаммы бацилл *Bacillus safensis* Kh-359, *B. cereus* Kh-363 и Ka-171, *B. altitudins* Ka-121, *B. pumilis* Ka-146, *B. velezensis* Ka-169, *Priestia megaterium* Kh-378, а также – неспороносные бактерии *Kocuria rosea* Kh-387 и Kh-436. Штаммы стафилококков *S. pseudoxylosus* Kh-407 и *S. saprophyticus* Kh-408 показали высокую продукцию не только каталазы, но и щелочной фосфатазы (47,7 и 56,7 е. а. соответственно). Высокую активность этого фермента (50,4–65,7 е. а.) проявили также штаммы *B. mycoides* Ka-120, *Pantoea agglomerans* Ka-175, *Lysinibacillus sphaericus* Ka-167 и Ka-168.

Желатиназная активность присутствовала у 28 из исследуемых 49 штаммов, 36 штаммов секретировали протеазы, развитые капсулы образовывали 23 штамма. Фосфолипазная и липазная активности показаны для 10 и 11 культур соответственно. При высеве бактерий на кровяной агар α-гемолиз разной интенсивности обнаружен для 14 штаммов. Положительный ответ на реакцию плазмокоагуляции дали 13 штаммов.

Выявлены 29 штаммов, имеющих 5–7 положительных реакций из 9 при тестировании на патогенность в условиях опыта. К ним относятся такие штаммы, как *Bacillus safensis* Kh-359, *Bacillus cereus* Ka-171 и Kh-363, *Priestia megaterium* Kh-378, Kh-395 и Kh-396, *Bacillus mycoides* Kh-412 и Ka-120, а также штаммы *Pantoea agglomerans* Ka-175, *Staphylococcus equorum* Kh-405 и Kh-434, *Acinetobacter lwoffii* Kh-457 и ряд других. Следует отметить, что вышеупомянутые виды бактерий способны вызвать инфекционные заболевания, а перечисленные бациллы имеют отношение к группе цереус.

Определение чувствительности к антибиотическим препаратам микроорганизмов, обладающих признаками патогенности, необходимо для определения возможности контролировать их рост и подавление вызываемого ими инфекционного процесса. Наименее эффективными относительно штаммов аэроизолятов оказались оксациллин и бензилпенициллин (табл. 1), к остальным антибиотикам большая часть исследуемых штаммов показала высокую чувствительность. Тем не менее 11 штаммов, проявивших устойчивость к 4–7 препаратам, можно отнести к полирезистентным. Это штаммы *Bacillus cereus* Kh-363 и Kh-171, *Priestia megaterium* Kh-371, *Staphylococcus pseudoxylosus* Kh-407, *Staphylococcus saprophyticus* Kh-408, *Macrococcus caseolyticus* Kh-431, *Acinetobacter lwoffii* Kh-457, Kh-457-1 и ряд других (табл. 1).

Обсуждение. Сапротрофные микроорганизмы окружающей среды, а также условно-патогенные микроорганизмы микробиоты человека потенциально могут вызвать заболевания разной степени тяжести. У изолятов, образующих эндоспоры, выделенных из атмосферы Новосибирска и области, преобладали бактерии рода *Bacillus*. Среди них обнаружены сапротрофные бациллы и способные вызывать инфекционные процессы. Так, изолят Kh-352 отнесен к виду *Bacillus toyonensis*, известному широким спектром антимикробной активности [10], но и способностью вызвать острую инфекцию со смертностью [11]. Представители группы цереус, такие как *B. cereus*, *B. mycoides*, *B. megaterium*, *B. thuringiensis*, *B. toyonensis*, экспрессируют широкий спектр белковых токсинов, способны проявлять патогенные свойства, быть причиной различных заболеваний[9] [12, 13]. К этой группе отнесены бактериальные изоляты Kh-352, Kh-363, Kh-171, Kh-385, Ka-120, Ka-151, Kh-471, Kh-492. Бактерии видов *Bacillus subtilis* и *Bacillus licheniformis*, известные как сапротрофы, могут вызвать острые пищевые инфекции (49 эпизодов с более чем 175 случаями в Австралии, Новой Зеландии и Канаде). Почвенные бактерии *Lysinibacillus sphaericus* (у нас это штаммы Ka-167, Ka-168) явились причиной урогенитальной инфекции; описан случай тяжелого сепсиса, вызванного *Lysinibacillus* и *Paenibacillus* (Kh-422, Kh-423, Kh-503[10])[11].

Выделены также неспороносные бактерии, относящиеся к виду *Kocuria rosea* (Kh-372, Kh-387, Kh-392, Kh-409, Kh-436, Kh-459, Kh-460), способные вызвать инфекции мочеполовых путей, холецистит, мастит, кератиты, прежде всего у людей с ослабленным иммунитетом [14, 15], бактерии вида *Kocuria rhizophila* (Ka-122), известные как возбудители инфекций у рыб [16]. Обнаружена бактерия *Pantoea agglomerans* (Ka-175), чаще всего ответственная за болезни растений, но способная вызвать инфекции систем органов у людей [17].

Особое внимание привлекают бактериальные изоляты, идентифицированные как относящиеся к родам *Acinetobacter* (Kh-454, Kh-455, Kh-457, Kh-457-1) и *Staphylococcus* (Kh-373, Kh-405, Kh-407, Kh-408, Kh-411, Kh-434, Kh-437). Ацинетобактеры являются наиболее частыми возбудителями тяжелых инфекций, наряду с MRSA, синегнойной палочкой входят в число наиболее опасных внутрибольничных патогенов с множественной антимикробной резистентностью. Бактерии вида *Acinetobacter lwoffii*, к которому отнесены изоляты Kh-455, Kh-457, Kh-457-1, являются возбудителями пневмонии, сепсиса, уроинфекций, гастрита, инфекций мягких тканей [18].

Штаммы стафилококков способны продуцировать энтеротоксины, что приводит к необходимости контролировать контаминацию бактериями этого рода, включая *Staphylococcus equorum* (Kh-405, Kh-434), обычно выделяемый из клинического материала[12]; *Staphylococcus saprophyticus* (Kh-408), так как бактерии этого вида являются распространенными

[9] Elsharkawy MM, Nakatani M, Nishimura M, *et al*. Control of tomato bacterial and root-knot diseases by Bacillus thuringiensis CR-371 and Streptomyces avermectinius NBRC14893. *Acta Agric Scand – B Soil Plant Sci*. 2015;65(6):575–580. doi: 10.1080/09064710.2015.1031819

[10] Перечислены аэроизоляты, идентифицированные как относящиеся к данному виду, далее в тексте обозначения аналогичны.

[11] Wenzler E, Kamboj K, Balada-Llasat JM. Severe sepsis secondary to persistent Lysinibacillus sphaericus, Lysinibacillus fusiformis and Paenibacillus amylolyticus bacteremia. *Int J Infect Dis*. 2015;35:93–95. doi: 10.1016/j.ijid.2015.04.016

[12] Nováková D, Sedláček I, Pantůček R, *et al*. Staphylococcus equorum and Staphylococcus succinus isolated from human clinical specimens. *J Med Microbiol*. 2006;55(Pt 5):523–528. doi: 10.1099/jmm.0.46246-0

https://doi.org/10.35627/2219-5238/2023-32-4-27-36
Оригинальная исследовательская статья

Таблица. **Определение чувствительности штаммов аэроизолятов к антибиотикам диско-диффузионным методом**

Table. **Determination of sensitivity of aerosol strains to antibiotics by disc diffusion method**

Наименование штамма / Strain	Антибиотик (мкг/диск) / зона угнетения роста в мм / Antibiotic (μg/disc) / zone of growth suppression in mm									
	Гентамицин / Gentamycin , 10	Ципрофлоксацин / Ciprofloxacin, 30	Канамицин / Canamycin, 30	Ванкомицин / Vancomycin, 30	Левофлаксоцин / Levofloxacin, 5	Бензилпенициллин / Benzylpenicillin, 10E	Оксациллин / Oxacillin, 10	Имипенем / Imipenem, 10	Стрептомицин / Streptomycin 30	Тетрациклин / Tetracycline, 30
Bacillus toyonensis Kh-352	16	24	15	18	26	12	0	30	16	18
Peribacillus butanolivorans Kh-353	24	30	35	24	30	30	16	30	28	30
Bacillus safensis Kh-359	20	25	14	18	28	28	14	18	16	18
Bacillus cereus Kh-363	16	20	14	0	20	0	0	28	13	16
Priestia megaterium Kh-371	12	16	14	14	18	10	14	20	15	16
Priestia megaterium Kh-378	15	26	15	18	26	0	0	30	16	20
Bacillus thuringiensis Kh-385	14	18	14	18	18	0	0	20	12	18
Kocuria rosea Kh-387	16	20	14	22	20	35	24	33	20	30
Kocuria rosea Kh-392	12	25	15	18	22	36	0	34	20	18
Priestia megaterium Kh-395	16	18	18	16	20	10	10	30	14	20
Priestia megaterium Kh-396	16	20	18	16	22	10	12	30	12	20
Solibacillus silvestris Kh-399	16	24	15	17	24	30	26	28	0	22
Bacillus pumilis Kh-400	24	24	20	18	24	20	14	32	20	24
Staphylococcus equorum Kh-405	18	20	20	12	20	18	15	35	14	24
Staphylococcus pseudoxylosus Kh-407	10	0	0	13	0	0	20	22	10	0
Staphylococcus saprophyticus Kh-408	18	0	16	10	0	0	0	22	12	0
Bacillus mycoides Kh-412	16	32	16	20	34	30	0	30	20	28
Bacillus pumilus Kh-419	16	14	16	20	14	18	13	34	18	20
Bacillus pumilus Kh-421	22	34	15	16	30	24	14	30	18	20
Bacillus pumilus Kh-429	14	28	16	18	28	26	14	30	18	20
Bacillus licheniformis Kh-430	26	35	24	24	30	14	10	34	22	32
Macrococcus caseolyticus Kh-431	10	0	0	18	0	25	24	18	0	14
Staphylococcus equorum Kh-434	26	24	24	16	24	16	22	32	20	25
Kocuria rosea Kh-436	22	30	18	28	28	0	30	34	30	32
Corynebacterium ammoniagenes Kh-443	22	15	18	20	14	14	0	25	20	10
Acinetobacter lwoffii Kh-457	12	33	12	20	34	0	0	12	28	12
Acinetobacter lwoffii Kh-457-1	18	22	12	24	18	0	0	12	24	10
Bacillus altitudinis Kh-465	20	30	18	20	30	25	20	32	20	20
Priestia megaterium Kh-471	15	25	15	20	25	17	20	30	16	23
Bacillus amyloliquefaciens Kh-489-3	22	30	24	24	34	26	14	33	15	17
Bacillus amyloliquefaciens Kh-489-4	20	34	24	24	30	30	16	30	14	18
Bacillus pumilus Kh-491	16	32	16	16	30	30	16	32	15	34
Bacillus velezensis Kh-493	14	20	14	16	22	0	22	26	12	26
Bacillus mycoides Ka-120	26	32	20	30	34	12	0	24	32	30
Kocuria rhizophila Ka-122	14	34	15	20	32	34	18	30	20	24
Bacillus altitudinis Ka-121	26	30	18	18	30	32	20	30	18	24
Microbacterium hominis Ka-125	15	0	10	28	12	34	30	32	16	30
Bacillus megaterium Ka-151	14	18	15	16	18	10	15	30	12	20
Bacillus pumilus Ka-146	16	30	12	24	32	30	25	26	18	28
Priestia megaterium Ka-147	14	14	14	18	15	13	15	30	12	20
Priestia megaterium Ka-162	20	24	0	24	22	14	0	30	0	10
Pantoea agglomerans Ka-175	14	25	16	0	28	0	0	20	20	14
Lysinibacillus sphaericus Ka-167	18	20	13	0	24	30	12	18	15	20
Lysinibacillus sphaericus Ka-168	20	18	12	16	20	30	10	20	20	20
Bacillus cereus Ka-171	15	18	0	16	20	0	0	22	24	14
Bacillus velezensis Ka-169	20	34	0	26	30	30	20	32	20	24
Pantoea agglomerans Ka-176	22	15	15	18	20	0	0	24	12	22

Примечание: оценка чувствительности штаммов к антибиотическим препаратам проведена в соответствии с рекомендациями производителя дисков с антибиотиками НИЦФ (Россия).
Notes: Strain sensitivity to antibiotics was assessed in accordance with recommendations of the Research Center for Pharmacotherapy, St. Petersburg, Russian Federation, manufacturing antibiotic discs.

https://doi.org/10.35627/2219-5238/2023-32-4-27-36
Original Research Article

возбудителями мочеполовых путей, продуцируют гемолизины[13]. Вид *Staphylococcus pseudoxylosus* (Kh-407, Kh-437), выделенный из мастита крупного рогатого скота, генетически тесно связан с коагулазоотрицательными видами стафилококков *S. xylosus*, *S. saprophyticus* [19]. Бактерии вида *Staphylococcus borealis* (Kh-373) отнесены к новому виду, первоначально были определены как *Staphylococcus haemolyticus*, выделены из кожи и крови человека [20]. Представители вида *Staphylococcus pasteuri* (Kh-411) все чаще становится возбудителем нозокомиальных инфекций и контаминантом производных крови, проявляют устойчивость к нескольким классам антибиотиков[14]. Таким образом, литературные [10–20] и клинические данные свидетельствуют о расширении списка микроорганизмов, способных вызвать инфекционные заболевания разной степени тяжести.

Среди исследуемых микроорганизмов обнаружены виды, применяемые в качестве продуцентов различных соединений, включая антибиотики (*Peribacillus butanolivorans* Kh-353, *Bacillus thuringiensis* Kh-385, *Bacillus altitudinis* Kh-465, *Bacillus amyloliquefaciens* Kh-489, *Bacillus velezensis* Kh-493 и др.) [21–24], соединения, обладающие противоопухолевой активностью (*Solibacillus silvestris* Kh-399)[15], способностью к деструкции нефти (*Bacillus safensis* Kh-359) [25], проявляющие другие полезные свойства, используемые для производства препаратов различного назначения, что позволяет рассматривать выделенные из аэрозолей штаммы этих видов как ресурс для биотехнологических исследований.

Заключение. Исследована микробиота атмосферных аэрозолей г. Новосибирска и пригорода в весенне-летний период 2023 года, характеризующийся наиболее высокой загрязненностью взвешенными частицами. Изолировано большое разнообразие культивируемых микроорганизмов, представленных сапротрофными и патогенными бактериями и грибами. Полученные данные имеют значение для оценки функционального и патогенного потенциала микробиома атмосферных аэрозолей Новосибирского региона, его опасности для здоровья населения, являются важным дополнением в характеристику биогенной компоненты атмосферы городской среды.

Исследование проведено при частичном финансировании проекта РФФИ № 19-05-50032 и Государственного задания Роспотребнадзора № 11/21, а также при поддержке федерального проекта «Санитарный щит страны – безопасность для здоровья (предупреждение, выявление, реагирование)» в рамках проекта «Создание национального интерактивного каталога патогенных микроорганизмов и биотоксинов».

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Behera M, Nath J, Pandey S, Boopathy R, Das T. Pathogenicity, characterisation and impact of ambient bio-aerosols on the climatic processes: With a special emphasis on the Indian Subcontinent. In: Ònal AE, ed. *Air Quality and Health*. IntechOpen; 2022. doi: 10.5772/intechopen.104750
2. Huang S, Hu W, Chen J, Wu Z, Zhang D, Fu P. Overview of biological ice nucleating particles in the atmosphere. *Environ Int*. 2021;146:106197. doi: 10.1016/j.envint.2020.106197
3. Cai J, Ren Q, Chen F, *et al.* Microbiology community structure in bioaerosols and the respiratory diseases. *J Environ Sci Public Health.* 2019;3(3):347-357. doi: 10.26502/jesph.96120068
4. Yang K, Li L, Xue S, Wang Y, Liu J, Yang T. Influence factors and health risk assessment of bioaerosols emitted from an industrial-scale thermophilic biofilter for off gas treatment. *Process Safety Environ Protect*. 2019;129:55-62. doi: 10.1016/j.psep.2019.06.016
5. Franchitti E, Caredda C, Anedda E, Traversi D. Urban aerobiome and effects on human health: A systematic review and missing evidence. *Atmosphere*. 2022;13(7):1148. doi: 10.3390/atmos13071148
6. Lee YG, Lee PH, Choi SM, An MH, Jang AS. Effects of air pollutants on airway diseases. *Int J Environ Res Public Health*. 2021;18(18):9905. doi: 10.3390/ijerph18189905
7. Наумова Н.Б., Батурина О.А., Тупикин А.Е. и др. Микробиом аэрозолей приземного и нижнего слоев тропосферы // Высокопроизводительное секвенирование в геномике (HSG-2022) : Сборник тезисов III Всероссийской конференции, Новосибирск, 19–24 июня 2022 года. Новосибирск: Общество с ограниченной ответственностью „Академиздат”, 2022. С. 71. EDN WVDOBH.
8. Наумова Н.Б., Кабилов М.Р. О биоразнообразии микробиома воздуха // Acta Naturae. 2022. Т. 14. № 4(55). С. 50–56. DOI: 10.32607/actanaturae.11671
9. Андреева И.С., Батурина О.А., Сафатов А.С. и др. Концентрация и состав культивируемых микроорганизмов в аэрозолях атмосферного воздуха г. Новосибирска в зависимости от сезона года // Оптика атмосферы и океана. 2022. Т. 35. № 6. С. 465–470. doi: 10.15372/AOO20220605
10. Roos TB, de Moraes CM, Sturbelle RT, Dummer LA, Fischer G, Leite FPL. Probiotics *Bacillus toyonensis* and *Saccharomyces boulardii* improve the vaccine immune response to bovine herpesvirus type 5 in sheep. *Res Vet Sci.* 2018;117:260-265. doi: 10.1016/j.rvsc.2017.12.022
11. Luo JC, Long H, Zhang J, Zhao Y, Sun L. Characterization of a deep sea *Bacillus toyonensis* isolate: Genomic and pathogenic features. *Front Cell Infect Microbiol*. 2021;11:629116. doi: 10.3389/fcimb.2021.629116
12. Tuipulotu DE, Mathur A, Ngo C, Man SM. *Bacillus cereus:* Epidemiology, virulence factors, and host-pathogen interactions. *Trends Microbiol.* 2021;29(5):458-471. doi: 10.1016/j.tim.2020.09.003
13. БудановаЕ.В.,МялинаЛ.И.,СазоноваЛ.П.,КолесниковаВ.В. Новые сведения о токсичности и опасности химических и биологических веществ Н.И. Шеина Микроорганизм *Bacillus thuringiensis* ssp. toumanoffi 25 // Токсикологический вестник. 2018. № 1. С. 35–37. doi: 10.36946/0869-7922-2018-1-35-37

[13] Kuroda M, Yamashita A, Hirakawa H, *et al.* Whole genome sequence of Staphylococcus saprophyticus reveals the pathogenesis of uncomplicated urinary tract infection. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2005;102(37):13272–13277. doi: 10.1073/pnas.0502950102

[14] Savini V, Catavitello C, Bianco A, Balbinot A, D'Antonio. Epidemiology, pathogenicity and emerging resistances in Staphylococcus pasteuri: From mammals and lampreys, to man. *Recent Pat Antiinfect Drug Discov*. 2009;4(2):123–129. doi: 10.2174/157489109788490352

[15] Pettit GR, Knight JC, Herald DL, *et al.* Antineoplastic Agents. 570. Isolation and structure elucidation of Bacilli statins 1 and 2 from a marine Bacillus silvestris. *J Nat Prod*. 2009;72(3):366–371. doi: 10.1021/np800603u

https://doi.org/10.35627/2219-5238/2023-32-4-27-36
Оригинальная исследовательская статья

14. Смирнова Л.И., Киянчук М.В. Анализ основных биологических свойств *Kocuria* sp. // Нормативно-правовое регулирование в ветеринарии. 2022. № 2 С. 56–58. (In Russ.) doi: 10.52419/issn2782-6252.2022.2.56
15. Mohammed SM. Oral cavity microbiome as infectious agents: Iraqi *Kocuria rosea. Int J Drug Deliv Tech.* 2021;11(2):335-341. doi: 10.25258/ijddt.11.2.17
16. Pekala A, Antychowicz J, Pazdzior E, *et al. Kocuria rhizophila* and *Micrococcus luteus* as an emerging opportunist pathogens for cultured salmonids. Mendeley Data, VI, 2018. doi: 10.17632/6hdwwspjnb.1
17. Okwundu N, Mercer J. *Pantoea agglomerans* cutaneous infection. *J Dermatol Dermatol Surg.* 2019;23(1):41. doi: 10.4103/jdds.jdds_43_18
18. Шмакова М.А. Бактерии рода *Acinetobacter* как внутрибольничные патогены: эпидемиологические особенности. // Фундаментальная и клиническая медицина. 2019. Т. 4. № 1. С. 66–72. doi: 10.23946/2500-0764-2019-4-1-66-72
19. MacFadyen AC, Leroy S, Harrison EM, Parkhill J, Holmes MA, Paterson GK. *Staphylococcus pseudoxylosus* sp. nov., isolated from bovine mastitis. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2019;69(8):2208-2213. doi: 10.1099/ijsem.0.003416
20. Pain M, Wolden R, Daniel Jaén-Luchoro D, *et al. Staphylococcus borealis* sp. nov., isolated from human skin and blood. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2020;70(12):6067-6078. doi: 10.1099/ijsem.0.004499
21. Kim J, Sang M. Biocontrol activities of *Peribacillus butanolivorans* KJ40, *Bacillus zanthoxyli* HS1, *B. siamensis* H30-3 and *Pseudomonas* sp. BC42 on anthracnose, bacterial fruit blotch and fusarium wilt of cucumber plants. *Res Plant Dis.* 2023;29(2):188-192. doi: 10.5423/RPD.2023.29.2.188
22. Cui Z, Hu L, Zeng L, Meng W, Guo D, Sun L. Isolation and characterization of *Priestia megaterium* KD7 for the biological control of pear fire blight. *Front Microbiol.* 2023;14:1099664. doi: 10.3389/fmicb.2023.1099664
23. AlShaikh-Mubarak GA, Kotb E, Alabdalall AH, Aldayel MF. A survey of elastase-producing bacteria and characteristics of the most potent producer, *Priestia megaterium* gasm32. *PLoS One.* 2023;18(3):e0282963. doi: 10.1371/journal.pone.0282963
24. Liu JM, Liang YT, Wang SS, *et al.* Antimicrobial activity and comparative metabolomic analysis of Priestia megaterium strains derived from potato and dendrobium. *Sci Rep.* 2023;13(1):5272. doi: 10.1038/s41598-023-32337-6
25. Wu T, Xu J, Liu J, *et al.* Characterization and initial application of endophytic *Bacillus safensis* strain ZY16 for improving phytoremediation of oil-contaminated saline soils. *Front Microbiol.* 2019;10:991. doi: 10.3389/fmicb.2019.00991

REFERENCES

1. Behera M, Nath J, Pandey S, Boopathy R, Das T. Pathogenicity, characterisation and impact of ambient bio-aerosols on the climatic processes: With a special emphasis on the Indian Subcontinent. In: Önal AE, ed. *Air Quality and Health.* IntechOpen; 2022. doi: 10.5772/intechopen.104750
2. Huang S, Hu W, Chen J, Wu Z, Zhang D, Fu P. Overview of biological ice nucleating particles in the atmosphere. *Environ Int.* 2021;146:106197. doi: 10.1016/j.envint.2020.106197
3. Cai J, Ren Q, Chen F, *et al.* Microbiology community structure in bioaerosols and the respiratory diseases. *J Environ Sci Public Health.* 2019;3(3):347-357. doi: 10.26502/jesph.96120068
4. Yang K, Li L, Xue S, Wang Y, Liu J, Yang T. Influence factors and health risk assessment of bioaerosols emitted from an industrial-scale thermophilic biofilter for off gas treatment. *Process Safety Environ Protect.* 2019;129:55-62. doi: 10.1016/j.psep.2019.06.016
5 Franchitti E, Caredda C, Anedda E, Traversi D. Urban aerobiome and effects on human health: A systematic review and missing evidence. *Atmosphere.* 2022;13(7):1148. doi: 10.3390/atmos13071148
6. Lee YG, Lee PH, Choi SM, An MH, Jang AS. Effects of air pollutants on airway diseases. *Int J Environ Res Public Health.* 2021;18(18):9905. doi: 10.3390/ijerph18189905
7. Naumova NB, Baturina OA, Tupikin AE, *et al.* [Microbiome of aerosols of the surface and lower layers of the troposphere.] In: *High-Throughput Sequencing in Genomics: Proceedings of the 3rd All-Russian Conference, Novosibirsk, June 19–24, 2022*. Novosibirsk: Akademizdat Publ.; 2022:71. (In Russ.)
8. Naumova NB, Kabilov MR. About the biodiversity of the air microbiome. *ACTA NATURAE.* 2022;14(4):50-56. (In Russ.) doi: 10.32607/actanaturae.11671
9. Andreeva IS, Baturina OA, Safatov AS, *et al.* Concentration and composition of cultured microorganisms in atmospheric air aerosols in Novosibirsk depending on the season. *Atmos Ocean Opt.* 2022;35(6):667–672. doi: 10.1134/S1024856022060045
10. Roos TB, de Moraes CM, Sturbelle RT, Dummer LA, Fischer G, Leite FPL. Probiotics *Bacillus toyonensis* and *Saccharomyces boulardii* improve the vaccine immune response to bovine herpesvirus type 5 in sheep. *Res Vet Sci.* 2018;117:260-265. doi: 10.1016/j.rvsc.2017.12.022
11. Luo JC, Long H, Zhang J, Zhao Y, Sun L. Characterization of a deep sea Bacillus toyonensis isolate: Genomic and pathogenic features. *Front Cell Infect Microbiol.* 2021;11:629116. doi: 10.3389/fcimb.2021.629116
12. Tuipulotu DE, Mathur A, Ngo C, Man SM. *Bacillus cereus:* Epidemiology, virulence factors, and host-pathogen interactions. *Trends Microbiol.* 2021;29(5):458-471. doi: 10.1016/j.tim.2020.09.003
13. Budanova EV, Myalina LI, Sazonova LP, Kolesnikova VV. News on toxicity and hazard of chemical and biological substances N.I. Sheina Microorganism *Bacillus thuringiensis* ssp. *toumanoffi* 25. *Toksikologicheskiy Vestnik.* 2018;(1):35-37. (In Russ.) doi: 10.36946/0869-7922-2018-1-35-37
14. Smirnova LI, Kiyanchuk MV. Analysis of the main biological properties of *Kocuria*. *Normativno-Pravovoe Regulirovanie v Veterinarii.* 2022;(2):56-58. (In Russ.) doi: 10.52419/issn2782-6252.2022.2.56
15. Mohammed SM. Oral cavity microbiome as infectious agents: Iraqi *Kocuria rosea*. *Int J Drug Deliv Tech.* 2021;11(2):335-341. doi: 10.25258/ijddt.11.2.17
16. Pekala A, Antychowicz J, Pazdzior E, *et al. Kocuria rhizophila* and *Micrococcus luteus* as an emerging opportunist pathogens for cultured salmonids. Mendeley Data, VI, 2018. doi: 10.17632/6hdwwspjnb.1
17. Okwundu N, Mercer J. *Pantoea agglomerans* cutaneous infection. *J Dermatol Dermatol Surg.* 2019;23(1):41. doi: 10.4103/jdds.jdds_43_18
18. Shmakova MA. *Acinetobacter* spp. as healthcare-associated pathogens: Epidemiological features. *Fundamental'naya i Klinicheskaya Meditsina.* 2019;4(1):66-72. (In Russ.) doi: 10.23946/2500-0764-2019-4-1-66-72
19. MacFadyen AC, Leroy S, Harrison EM, Parkhill J, Holmes MA, Paterson GK. *Staphylococcus pseudoxylosus* sp. nov., isolated from bovine mastitis. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2019;69(8):2208-2213. doi: 10.1099/ijsem.0.003416
20. Pain M, Wolden R, Daniel Jaén-Luchoro D, *et al.* Staphylococcus borealis sp. nov., isolated from human skin and blood. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2020;70(12):6067-6078. doi: 10.1099/ijsem.0.004499
21. Kim J, Sang M. Biocontrol activities of *Peribacillus butanolivorans* KJ40, *Bacillus zanthoxyli* HS1, *B. siamensis*

https://doi.org/10.35627/2219-5238/2023-32-4-27-36
Original Research Article

H30-3 and *Pseudomonas* sp. BC42 on anthracnose, bacterial fruit blotch and fusarium wilt of cucumber plants. *Res Plant Dis*. 2023;29(2):188-192. doi: 10.5423/RPD.2023.29.2.188
22. Cui Z, Hu L, Zeng L, Meng W, Guo D, Sun L. Isolation and characterization of *Priestia megaterium* KD7 for the biological control of pear fire blight. *Front Microbiol.* 2023;14:1099664. doi: 10.3389/fmicb.2023.1099664
23. AlShaikh-Mubarak GA, Kotb E, Alabdalall AH, Aldayel MF. A survey of elastase-producing bacteria and characteristics of the most potent producer, *Priestia* megaterium gasm32. *PLoS One*. 2023;18(3):e0282963. doi: 10.1371/journal.pone.0282963
24. Liu JM, Liang YT, Wang SS, *et al*. Antimicrobial activity and comparative metabolomic analysis of *Priestia megaterium* strains derived from potato and dendrobium. *Sci Rep.* 2023;13(1):5272. doi: 10.1038/s41598-023-32337-6
25. Wu T, Xu J, Liu J, *et al.* Characterization and initial application of endophytic *Bacillus safensis* strain ZY16 for improving phytoremediation of oil-contaminated saline soils. *Front Microbiol*. 2019;10:991. doi: 10.3389/fmicb.2019.00991

Сведения об авторах:
✉ **Андреева** Ирина Сергеевна – к.б.н., доцент, ведущий научный сотрудник отдела биофизики и экологических исследований ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии “Вектор”» Роспотребнадзора; e-mail: andreeva_is@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0002-3966-3763.
Тотменина Ольга Дмитриевна – научный сотрудник отдела биофизики и экологических исследований ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии “Вектор”» Роспотребнадзора; e-mail: totmenina_od@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0009-0002-9775-6287.
Кабанов Алексей Сергеевич – к.б.н., старший научный сотрудник отдела «Коллекция микроорганизмов» ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии “Вектор”» Роспотребнадзора; e-mail: kabanov@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0002-6287-0912.
Антонец Мария Евгеньевна – научный сотрудник отдела геномных исследований ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии “Вектор”» Роспотребнадзора; e-mail: starchevskaya_me@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0002-3218-0371.
Боднев Сергей Александрович – к.м.н., ведущий научный сотрудник отдела «Коллекция микроорганизмов» ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии “Вектор”» Роспотребнадзора; e-mail: bodnev@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0003-0599-3817.
Трегубчак Татьяна Владимировна – ведущий научный сотрудник отдела геномных исследований ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии “Вектор”» Роспотребнадзора; e-mail: tregubchak_tv@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0001-9608-2044.
Аликина Татьяна Юрьевна – младший научный сотрудник Центра коллективного пользования «Геномика» ФГБУН «Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН»; e-mail: alikina@niboch.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0003-2289-321X.
Батурина Ольга Анатольевна – младший научный сотрудник Центра коллективного пользования «Геномика» ФГБУН «Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН»; e-mail: baturina@niboch.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0003-4115-7592.
Бауэр Татьяна Валерьевна - младший научный сотрудник отдела геномных исследований ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии “Вектор”» Роспотребнадзора; e-mail: bauer_tv@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0002-4954-9905.
Ребус Максим Евгеньевич – аспирант отдела биофизики и экологических исследований ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии “Вектор”» Роспотребнадзора; e-mail: rebus_me@vector.nsc.ru; ORCD: https://orcid.org/0009-0009-0357-6017.
Сафатов Александр Сергеевич – д.ф-м.н., заведующий отделом биофизики и экологических исследований ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии “Вектор”» Роспотребнадзора; e-mail: safatov@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0002-9161-6438.
Кабилов Марсель Расимович – к.б.н., руководитель Центра коллективного пользования «Геномика» ФГБУН «Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН»; e-mail: kabilov@niboch.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0003-2777-0833.
Информация о вкладе авторов: концепция и дизайн исследования: *Кабилов М.Р.*, *Сафатов А.С.*, *Андреева И.С.*, сбор данных: *Ребус М.А.*, *Тотменина О.Д.*, *Андреева И.С.*, *Боднев С.А*; анализ и интерпретация результатов: *Кабилов М.Р.*, *Андреева И.С.*, *Кабанов А.С.*, *Антонец М.Е.*, *Трегубчак Т.В.*, *Бауэр Т.В.*, *Аликина Т.Ю., Батурина О.А.*; литературный обзор: *Андреева И.С.*, *Тотменина О.Д.*; подготовка рукописи: *Андреева И.С.*, *Кабанов А.С.*, *Боднев С.А.*, *Антонец М.Е.*, *Трегубчак Т.В.* Все авторы ознакомились с результатами работы и одобрили окончательный вариант рукописи

Соблюдение этических стандартов: исследование не требует представления заключения комитета по биомедицинской этике или иных документов.
Финансирование: исследование проведено при частичном финансировании проекта РФФИ № 19-05-50032 и Государственного задания Роспотребнадзора №11/21, а также при поддержке федерального проекта «Санитарный щит страны – безопасность для здоровья (предупреждение, выявление, реагирование)» в рамках проекта «Создание национального интерактивного каталога патогенных микроорганизмов и биотоксинов».
Конфликт интересов: авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов в связи с публикацией данной статьи.

Статья получена: 19.12.23 / Принята к публикации: 10.04.24 / Опубликована: 27.04.24

Author information:
✉ Irina S. **Andreeva**, Cand. Sci. (Biol.), docent; Leading Researcher, Department of Biophysics and Environmental Research, State Research Center of Virology and Biotechnology Vector; e-mail: andreeva_is@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0002-3966-3763.
Olga D. **Totmenina**, Researcher, Department of Biophysics and Environmental Research, State Research Center of Virology and Biotechnology Vector; e-mail: totmenina_od@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0009-0002-9775-6287.
Alexey S. **Kabanov**, Cand. Sci. (Biol.), Senior Researcher, Department of Culture Collection of Microorganisms, State Research Center of Virology and Biotechnology Vector; e-mail: kabanov@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0002-6287-0912.
Maria E. **Antonets**, Researcher, Department of Genomic Research, State Research Center of Virology and Biotechnology Vector; e-mail: starchevskaya_me@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0002-3218-0371.

https://doi.org/10.35627/2219-5238/2023-32-4-27-36
Оригинальная исследовательская статья

Sergei A. **Bodnev**, Cand. Sci. (Med.), Leading Researcher, Department of Culture Collection of Microorganisms, State Research Center of Virology and Biotechnology Vector; e-mail: bodnev@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0003-0599-3817.

Tatyana V. **Tregubchak**, Leading Researcher, Department of Genomic Research, State Research Center of Virology and Biotechnology Vector; e-mail: tregubchak_tv@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0001-9608-2044.

Tatyana Yu. **Alikina**, Junior Researcher, Genomics Core Facility, Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences; e-mail: alikina@niboch.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0003-2289-321X.

Olga A. **Baturina**, Junior Researcher, Genomics Core Facility, Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences; e-mail: baturina@niboch.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0003-4115-7592.

Tatyana V. **Bauer**, Junior Researcher, Department of Genomic Research, State Research Center of Virology and Biotechnology VECTOR; e-mail: bauer_tv@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0002-4954-9905.

Maxim E. **Rebus**, postgraduate student, Department of Biophysics and Environmental Research, State Research Center of Virology and Biotechnology Vector; e-mail: rebus_me@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0009-0009-0357-6017.

Alexander S. **Safatov**, Dr. Sci. (Phys.-Math.), Head of the Department of Biophysics and Environmental Research, State Research Center of Virology and Biotechnology Vector; e-mail: safatov@vector.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0002-9161-6438.

Marsel R. **Kabilov**, Cand. Sci. (Biol.), Head of the Genomics Core Facility, Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences; e-mail: kabilov@niboch.nsc.ru; ORCID: https://orcid.org/0000-0003-2777-0833.

Author contributions: study conception and design: *Kabilov M.R.*, *Safatov A.S.*, *Andreeva I.S.*, data collection: *Rebus M.A.*, *Totmenina O.D.*, *Andreeva I.S.*, *Bodnev S.A.*; analysis and interpretation of results: *Kabilov M.R.*, *Andreeva I.S.*, *Kabanov A.S.*, *Antonets M.E.*, *Tregubchak T.V.*, *Bauer T.V.*, *Alikina T.Yu.*, *Baturina O.A.*; bibliography compilation and referencing: *Andreeva I.S.*, *Totmenina O.D.*; draft manuscript preparation: *Andreeva I.S.*, *Kabanov A.S.*, *Bodnev S.A.*, *Antonets M.E.*, *Tregubchak T.V.* All authors reviewed the results and approved the final version of the manuscript.

Compliance with ethical standards: Not applicable.

Funding: The study was partially funded by the RFBR project No. 19-05-50032 and Rospotrebnadzor State Assignment No. 11/21, and also supported by the Federal Project “Sanitary Shield of the Country – Safety for Health (Prevention, Detection, Response)” within the framework of “Creation of a National Interactive Catalog of Pathogenic Microorganisms and Biotoxins”.

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

Received: December 19, 2023 / Accepted: April 10, 2024 / Published: April 27, 2024