

# Орнитогенные экосистемы высокоширотной Арктики в качестве источников вирулентных бактериофагов

✉ А. Е. ГОНЧАРОВ<sup>1,2,3</sup>, Б. И. АСЛАНОВ<sup>2,3</sup>, Д. В. АЗАРОВ<sup>1</sup>,  
В. В. КОЛОДЖИЕВА<sup>1</sup>, М. В. ГАВРИЛО<sup>4</sup>, А. С. АКСЕНОВ<sup>5</sup>,  
В. М. ШУТОВ<sup>1</sup>, В. Т. ЩИПЛЕЦОВА<sup>6</sup>, Ю. М. ПОЛИКИНА<sup>5</sup>,  
К. А. МАЙОРОВА<sup>5</sup>, А. А. ШЕМАНАЕВА<sup>2</sup>, Н. Е. ГОНЧАРОВ<sup>7</sup>, Д. Е. ПОЛЕВ<sup>7</sup>

<sup>1</sup> ФГБНУ «Институт экспериментальной медицины», Санкт-Петербург, Российская Федерация

<sup>2</sup> ФГБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет им. И. И. Мечникова» Минздрава России, Санкт-Петербург, Российская Федерация

<sup>3</sup> ФГБУ «НИИ гриппа им. А. А. Смородинцева» Минздрава России, Санкт-Петербург, Российская Федерация

<sup>4</sup> ФГБУ «Арктический и антарктический научно-исследовательский институт», Санкт-Петербург, Российская Федерация

<sup>5</sup> ФГБОУ ВО «Северный (Арктический) федеральный университет им. М. В. Ломоносова», Архангельск, Российская Федерация

<sup>6</sup> ФГБОУ ВО «Московский государственный университет им. М. В. Ломоносова», Москва, Российская Федерация

<sup>7</sup> ФБУН «Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. Пастера», Санкт-Петербург, Российская Федерация

## Резюме

**Актуальность.** Изучение разнообразия бактериофагов в дикой природе, включая территории, незатронутые человеческой деятельностью, представляет существенный интерес с точки зрения определения стратегий поиска компонентов бактериофаговых препаратов для борьбы с актуальными инфекциями, обусловленными бактериями с множественной лекарственной устойчивостью. **Цель исследования.** Описать структуру и особенности вирусов, ассоциированных с колониями морских птиц на островах Баренцева моря, в качестве потенциального источника вирулентных бактериофагов для фаготерапии инфекционных заболеваний человека и животных. **Материал и методы.** В ходе исследования проведён метагеномный анализ образцов почв, сформировавшихся в колониях птиц на острове Северный архипелага Новая Земля и острове Западный Нордбрук архипелага Земля Франца-Иосифа, а также эксперименты по выделению бактериофагов *Escherichia coli* из этих образцов. Метагеномное секвенирование проводилось на секвенаторе DNBSEQ-G400 с длиной парноконцевых прочтений 150 п. н. Биоинформационный анализ включал в себя сборку сырых ридов в контиги с использованием MEGANIT v.1.2.9 и их классификацию при помощи Kraken2 с использованием Refseq базы данных вирусных последовательностей. Выделение бактериофагов проводилось с использованием метода накопления на культурах *Escherichia coli* floga2c и O017. Геномы двух выделенных бактериофагов были секвенированы и проведён филогенетический анализ их последовательностей с использованием программы parsnp. **Результаты.** В структуре метавирусов доминируют последовательности хвостатых фагов класса *Caudoviricetes*, составляя до 78,45% от общего числа последовательностей, классифицированных в качестве вирусных. Анализ метавирусных данных продемонстрировал значительное разнообразие бактериофагов класса *Caudoviricetes*, включая семейства *Straboviridae* и *Shitoviridae*, рода *Baikalvirus*, *Phitrevirus*, представители которых могут быть использованы для фаговой терапии. Из образцов орнитогенных почв выделены два вирулентных бактериофага *Escherichia coli*. По результатам филогеномного анализа один из них представляет известный вид рода *Justusliebigvirus*, а второй может быть классифицирован как новый вид рода *Kagunavirus*. **Заключение.** Результаты настоящего исследования свидетельствуют о значительном биологическом разнообразии вирулентных бактериофагов в составе микробиомов, связанных с колониями морских арктических птиц, и подтверждают перспективность поиска новых бактериофагов, применимых для фаготерапии, в орнитогенных субстратах побережий арктических островов.

**Ключевые слова:** бактериофаги; Арктика; колонии морских птиц; метагеном; фаготерапия

**Для цитирования:** Гончаров А. Е., Асланов Б. И., Азаров Д. В., Колоджиева В. В., Гаврило М. В., Аксенов А. С., Шутков В. М., Щиплецова В. Т., Поликина Ю. М., Майорова К. А., Шеманаева А. А., Гончаров Н. Е., Полев Д. Е. Орнитогенные экосистемы высокоширотной Арктики в качестве источников вирулентных бактериофагов. *Антибиотики и химиотерапия*. 2026; 71 (1–2): 25–34. doi: <https://doi.org/10.37489/0235-2990-2026-71-1-2-25-34>. EDN: EHUSYP

## Ornithogenic Ecosystems in the High Arctic as a Source of Virulent Bacteriophages

✉ ARTEMIY E. GONCHAROV<sup>1,2,3</sup>, BATYRBEK I. ASLANOV<sup>2,3</sup>, DANIIL V. AZAROV<sup>2</sup>,  
VIKTORIA V. KOLODZHIEVA<sup>2</sup>, MARIA V. GAVRILO<sup>4</sup>, ANDREY S. AKSENOV<sup>5</sup>,

✉ Адрес для корреспонденции:  
E-mail: [phage1@yandex.ru](mailto:phage1@yandex.ru)



✉ Correspondence to:  
E-mail: [phage1@yandex.ru](mailto:phage1@yandex.ru)

EDN: EHUSYP



VLADIMIR M. SHUTOV<sup>1</sup>, VARVARA T. SHCHIPLETSOVA<sup>6</sup>,  
JULIA M. POLIKINA<sup>5</sup>, KSENIA A. MAYOROVA<sup>5</sup>, ARINA A. SHEMANAEVA<sup>2</sup>,  
NIKITA E. GONCHAROV<sup>7</sup>, DMITRII E. POLEV<sup>7</sup>

<sup>1</sup> Institute of Experimental Medicine, Saint Petersburg, Russian Federation

<sup>2</sup> North-Western State Medical University named after I. I. Mechnikov, Saint Petersburg, Russian Federation

<sup>3</sup> Smorodintsev Research Institute of Influenza, Saint Petersburg, Russian Federation

<sup>4</sup> Arctic and Antarctic Research Institute, Saint Petersburg, Russian Federation

<sup>5</sup> Northern (Arctic) Federal University named after M. V. Lomonosov, Arkhangelsk, Russian Federation

<sup>6</sup> Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russian Federation

<sup>7</sup> Saint-Petersburg Pasteur Institute, Saint Petersburg, Russian Federation

## Abstract

**Background.** Studying the diversity of bacteriophages in pristine Arctic ecosystems is of significant interest for determining strategies for finding viruses that can be used as antibacterial agents against multidrug-resistant bacteria. *The aim of the study was to describe the structure and characteristics of viromes associated with seabird colonies on the Barents Sea islands as a potential source for virulent bacteriophages that can be used for phage therapy of infectious diseases in humans and animals. Material and methods.* The study included metagenomic analysis of soil samples collected in the seabird colonies on Severny Island (Novaya Zemlya archipelago) and Western Northbrook Island (Franz-Josef Land archipelago), as well as isolation and sequencing of *Escherichia coli* bacteriophage genomes from these samples. Metagenomic sequencing was performed on a DNBSEQ-G400 sequencing platform with a paired-end read length of 150 base pairs. Further analysis included assembling raw reads into contigs using MEGAHIT version 1.2.9, followed by classification using Kraken2 and the RefSeq database of viral sequences. Bacteriophage isolation was achieved through the accumulation method using *Escherichia coli* flora2c and O017 cultures. The genomes of the two isolated bacteriophages were sequenced, and their phylogenetic relationships were analyzed using the Parsnp program. **Results.** The structure of metaviromes is dominated by sequences of Caudoviricetes-class tailed phages, accounting for up to 78.45% of the total number of classified viral sequences. The analysis of metavirome data revealed a significant diversity of Caudoviricetes bacteriophages, including *Straboviridae* and *Shitoviridae* families and genera such as *Baikalvirus* and *Phitrevirus*. Representatives of these genera can be used in phage therapy. Two virulent *Escherichia coli* bacteriophages were isolated from ornithogenic soil samples. Based on phylogenomic analysis, one of them represents a known species of the genus *Justusliebigvirus*, while the second can be classified as a novel species of the genus *Kagunavirus*. **Conclusion.** The current study reveals a considerable diversity of virulent bacteriophage species in the microbiomes associated with Arctic seabird colonies, suggesting that there is potential for finding new bacteriophages applicable for phage therapy.

**Keywords:** bacteriophages; Arctic; seabird colonies; metagenom; phage therapy

**For citation:** Goncharov AE, Aslanov BI, Azarov DV, Kolodzhieva VV, Gavrilo MV, Aksenov AS, Shutov VM, Shchipletsova VT, Polikina YM, Mayorova KA, Shemanaeva AA, Goncharov NE, Polev DE. Ornithogenic ecosystems in the High Arctic as a source of virulent bacteriophages. *Antibiotiki i Khimioter = Antibiotics and Chemotherapy*. 2026; 71 (1–2): 25–34. (in Russ.). doi: <https://doi.org/10.37489/0235-2990-2025-71-1-2-25-34>. EDN: EHUSYP.

## Введение

Многочисленные исследования, включая рандомизированные клинические испытания, проведённые к настоящему времени, предоставляют убедительные доказательства безопасности и эффективности фаготерапии инфекций, обусловленных бактериями с множественной лекарственной устойчивостью [1, 2].

В то же время, в силу узкой (нередко штаммовой) специфичности литического действия бактериофагов, современные бактериофаговые препараты представляют собой терапевтические коктейли, состоящие из нескольких десятков штаммов вирусов, при этом очевидна необходимость постоянного обновления их состава с учётом изменения клональной структуры бактериальных популяций.

Однако доля лизируемых бактериофагами культур основных бактериальных госпитальных патогенов в целом невысока и варьирует от 11,5 до 49% для отечественных поливалентных препаратов [3, 4].

В данной связи особенно остро стоит вопрос об изыскании новых вирулентных бактериофагов, пер-

спективных для лечения и профилактики инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи.

Изучение экологии вирусов в различных регионах Земли, основанное на использовании метабеномных данных, продемонстрировало высокую степень биологического разнообразия вирусов, характерных для микробных сообществ различных местообитаний в холодных климатических областях, таких как арктические почвы и многолетнемерзлые породы, пресноводные экосистемы Арктики и Антарктики, высокогорные ледники [5, 6]. Кроме того, продемонстрировано [7], что древние микробиомы, сохраняющиеся в объектах криосферы (ледниках) представляют собой резервуар новых ранее неописанных таксонов бактериофагов.

В данной связи изучение разнообразия бактериофагов полярных областей представляет существенный интерес с точки зрения определения перспектив их практического использования в качестве антибактериальных средств в медицине и ветеринарии, средств защиты растений.

Колонии морских птиц в силу высокой интенсивности обмена микробиотой рассматри-

**Таблица 1. Характеристика исследованных образцов биологического материала**  
**Table 1. Characteristics of the studied biological material samples**

№ п. п.	Тип биологического материала	Место отбора проб	Основные виды птиц, формирующие колонию	Количество образцов, протестированных на наличие бактериофагов <i>Escherichia coli</i> / подвергшихся метагеномному секвенированию
1	Орнитогенная почва	Мыс Желания, о. Северный, Новая Земля (76.95447°N 68.57958°E), каменистый пляж под колонией моевок	Обыкновенная моевка <i>Rissa tridactyla</i>	4/1
2	Орнитогенная почва	Мыс Флора, о. Западный Нортбрук, Земля Франца-Иосифа (79.953290°N, 50.171550°E), склон с мохово-злаковым сообществом под скальной стенкой с колонией птиц	Толстоклювая кайра <i>Uria lomvia</i>	4/1

ваются в ряде исследований в качестве «горячих точек» микробного биоразнообразия [8, 9]. Учитывая данное обстоятельство, мы предположили, что участки побережья арктических островов, на которых расположены колонии морских птиц, могут быть перспективными локациями для поиска вирулентных бактериофагов, в том числе, применимых в медицине. Морские колониальные птицы многочисленны и широко распространены на побережьях арктических островов, но в то же время метавирусные данные из местообитаний, испытывающих орнитогенную нагрузку, весьма ограничены.

**Цель исследования** — описание структуры и особенностей виромов, ассоциированных с колониями морских птиц на островах Баренцева моря, в качестве потенциального источника вирулентных бактериофагов для фаготерапии инфекционных заболеваний человека и животных

## Материал и методы

Настоящее исследование включало в себя метагеномный анализ образцов орнитогенного субстрата (почв, сформировавшихся в орнитотрофных условиях колоний морских птиц), а также исследования по выделению бактериофагов *Escherichia coli* из этих образцов.

Материал отбирали в ходе экспедиций «Арктический плавучий университет» летом 2024 и 2025 гг. В качестве локаций для отбора проб выбрали участки колоний характерных и массовых морских птиц Баренцева моря (обыкновенных моевок *Rissa tridactyla* и толстоклювых кайр *Uria lomvia*) на архипелагах Земля Франца-Иосифа (ЗФИ) и Новая Земля (НЗ), расположенных на территории национального парка «Русская Арктика». Информация об исследованных образцах представлена в табл. 1.

**Метагеномные исследования.** Выделение ДНК осуществлялось с использованием набора реагентов «РИБО-преп», согласно протоколу производителя (каталожный номер K2-9-Et-100, Россия). Для подготовки метагеномных библиотек нами использовался набор MGIEasy FS DNA Library Prep Set (MGI, Китай). Секвенирование проводилось на секвенаторе DNBSEQ-G400

с длиной парноконцевых прочтений 150 п. н. Сборка сырых ридов осуществлялась с помощью MEGAHIT v.1.2.9 (<https://github.com/voutcn/megahit>) [10]. Классификация полученных контигов осуществлялась с помощью Kraken2 [11] с использованием стандартной Refseq базы данных вирусных последовательностей, актуализированной на 15.10.2025 (<https://benlangmead.github.io/aws-indexes/k2>). Визуализация результатов классификации проводилась в Pavian (<https://shiny.hiplot.cn/pavian/>).

**Выделение и идентификация бактериальных культур для поиска бактериофагов.** Микробиологические посе́вы проводились на плотных агаризованных дифференциально-диагностических питательных средах (агар Эндо, УТИ хромогенный агар (Oxoid, Великобритания)). Изоляты, обладавшие типичной для бактерий группы кишечной палочки морфологией (крупные, розовые, выпуклые с гладким или шероховатым краем на агаре Эндо и УТИ-агаре) использовали для последующего определения видовой принадлежности методом MALDI-TOF, а также из них проводилось выделение ДНК для геномного секвенирования с использованием наборов для выделения геномной ДНК из клеток, тканей и крови (Биолабмикс, Россия).

Таксономическая идентификация проводилась методом времяпролётной масспектрометрии на приборе MALDI-TOF VastoSCREEN (Литех, Россия), при этом колонии тестируемых культур, выросших на плотной питательной среде, наносили прямо на мишень. Масс-спектры анализировали с использованием программного обеспечения Biotyper 3.1.

**Выделение бактериофагов.** В качестве чувствительных культур для выделения бактериофагов использовали штаммы *Escherichia coli* floga2c, OO17, выделенные от местных морских колониальных птиц прижизненно (от отловленной толстоклювой кайры) или *post mortem* (от свежего трупа моевки). Характеристика данных культур представлена в табл. 2.

Выделение бактериофагов осуществлялось следующим образом: 1 г изучаемого субстрата смешивали с 10 мл физиологического раствора, а затем к полученной суспензии добавляли 240 мл свежей бульонной культуры одного из штаммов *E. coli* (NB12, OO17) после двухчасового проращивания в переносном термостате. Тестовые штаммы были выделены из образцов биоматериала (смывы из клоаки толстоклювой кайры, почва под колонией птиц) непосредственно в полевых условиях. Через 18–20 ч проводили фильтрацию бульонных культур через бактериальные фильтры (Jet Biofil, КНР) с диаметром пор 0,45 мкм. Фильтраты тестировали на присутствие вирусных частиц методом спот-теста в 5 десятикратных раз-

**Таблица 2. Характеристика культур *Escherichia coli*, использованных для выделения бактериофагов**  
**Table 2. Characteristics of *Escherichia coli* cultures used for bacteriophage isolation**

Наименование штамма	Источник выделения	Серотип	ST	cgST	Основные гены вирулентности	Гены устойчивости к антибиотикам
0017	Смыв из клоаки толстоклювой кайры о. Восточный, Большие Оранские острова, НЗ	O15:H18	69	2377	Гены иерсиниобаكتинового кластера сидерофоров, гемолизины E и F	<i>dfrA5</i>
flora2c	Кишечник моевки, мыс Флора, о. Западный Нортбрук, ЗФИ	O22:H14	4448	192210	<i>usp, vat, ibeA, hlyF, fdeC, papC</i>	<i>ampC</i> -подобная бета-лактамаза <i>blaEC</i>

ведениях, а затем при выявлении зон лизиса проводили пасирование фаголизатов на тестовом штамме. Фаголизаты, очищенные путём фильтрации через шприцевые фильтры с диаметром пор 0,22 мкм (Jet Biofil, КНР), использовали для выделения ДНК набором для выделения геномной ДНК из клеток, тканей и крови DU-250 (Биолабмикс, Россия).

**Секвенирование бактериальных и вирусных геномов.** Библиотеки для секвенирования готовили из 50 нг геномной ДНК с применением набора MGIEasy FS DNA Library Prep Set (MGI, Китай), согласно протоколу производителя. Секвенирование осуществляли на приборе DNBSEQ-G50 (MGI, Китай) с длиной прочтений 2×150 п. н. в НИИ ЭМ им. Пастера.

Аннотирование полученных черновых бактериальных геномов было проведено с использованием ресурса RAST (<http://rast.nmpdr.org>). Поиск генов вирулентности и резистентности, определение серотипов, сиквенстипов по схемам MLST и cgST проводили с использованием сервисов ресурса Center for Genomic Epidemiology (<http://cge.cbs.dtu.dk/services>). Аннотирование геномов бактериофагов проводилось с использованием инструмента pharokka <https://github.com/gbouras13/pharokka> (<https://github.com/gbouras13/pharokka>). Для проведения филогенетического анализа из базы данных NCBI GeneBank были отобраны полногеномные последовательности бактериофагов, продемонстрировавшие наибольшее сходство с описываемыми изолятами по результатам выравнивания с помощью BLAST. Филогенетические деревья построены с помощью программы parsnp [12].

## Результаты и обсуждение

В результате предподготовки и секвенирования для образца 1 (почва под колонией моевки на мысе Желания, острова Северный, НЗ) получено 26,6 млн прочтений надлежащего качества длиной 110 п. о.; для образца 2 (мыс Флора, остров Западный Нортбрук, ЗФИ) — 25,2 млн прочтений надлежащего качества длиной 110 п. о. В результате сборки данных метагеномного секвенирования: в образце 1 получено 666306 контигов протяжённостью от 200 до 923 тыс п. о., медианная протяжённость 463 (25%–75% перцентили: 363–695) п. о.; в образце 2 было получено 520745 коротких контигов протяжённостью от 200 до 134 тыс. п. о., медианная протяжённость 472 (25%–75% перцентили: 366–727) п. о.

В общей сложности в образце 1 в качестве вирусных было классифицировано 781 последовательностей (0,12%), в образце 2 — 794 (0,15%).

Результаты классификации последовательностей вирусов в изученных метагеномах представлены на рис. 1, 2.

Как видно из данных, представленных на рис. 1 и 2, подавляющее большинство последовательностей (619 из 789 и 585 из 795) в обоих образцах соответствует классу *Caudoviricetes*, представленных хвостатыми бактериофагами. Таким образом, доля представителей этого класса от общего количества классифицированных вирусных последовательностей составляет 78,45 и 73,58% соответственно.

Среди родов хвостатых вирусов в структуре обоих метагеномов наиболее значительные доли составляют бактериофаги рода *Baikalvirus*. Бактериофаги этого рода, лизирующие бактерии рода *Pseudomonas*, ранее были обнаружены в воде озера Байкал [13]. К числу других групп псевдомонадных бактериофагов, последовательности которых были обнаружены в исследуемом материале, относятся бактериофаги рода *Phitrevirus*. Бактериофаги данного рода ранее было предложено использовать в качестве компонентов терапевтических коктейлей для терапии синегнойной инфекции [14].

С точки зрения использования в качестве агентов фаготерапии вызывает интерес идентификация в образце с острова Западный Нортбрук (ЗФИ) последовательностей бактериофагов микобактерий *Anayavirus* [15]. Кроме того, метавирумы содержали последовательности вирусов, ранее определённых в качестве фагов флавобактерий (*Immutovirus* sp. — в образце 1 и *Peternellavirus* sp. в образце 2) [16, 17], а также последовательности гигантских джамбо-вирусов *Polybotosvirus*. Среди вирусов данного рода известны бактериофаги фитопатогенных агробактерий и ризосферных бактерий рода *Sinorhizobium* [18, 19]. В обоих образцах представлены также последовательности бактериофагов рода *Ampunavirus* — вирулентных бактериофагов ральстоний [20].

Необходимо отметить, что в метагеномах были идентифицированы последовательности семейств бактериофагов энтеробактерий *Straboviridae* и *Shitoviridae*, неклассифицированные до уровня рода. Представители данных семейств обладают антибиоплёточной активностью и могут быть использованы для фаготерапии инфекционных заболеваний, вызываемых эшерихиями и клебсиеллами [21].

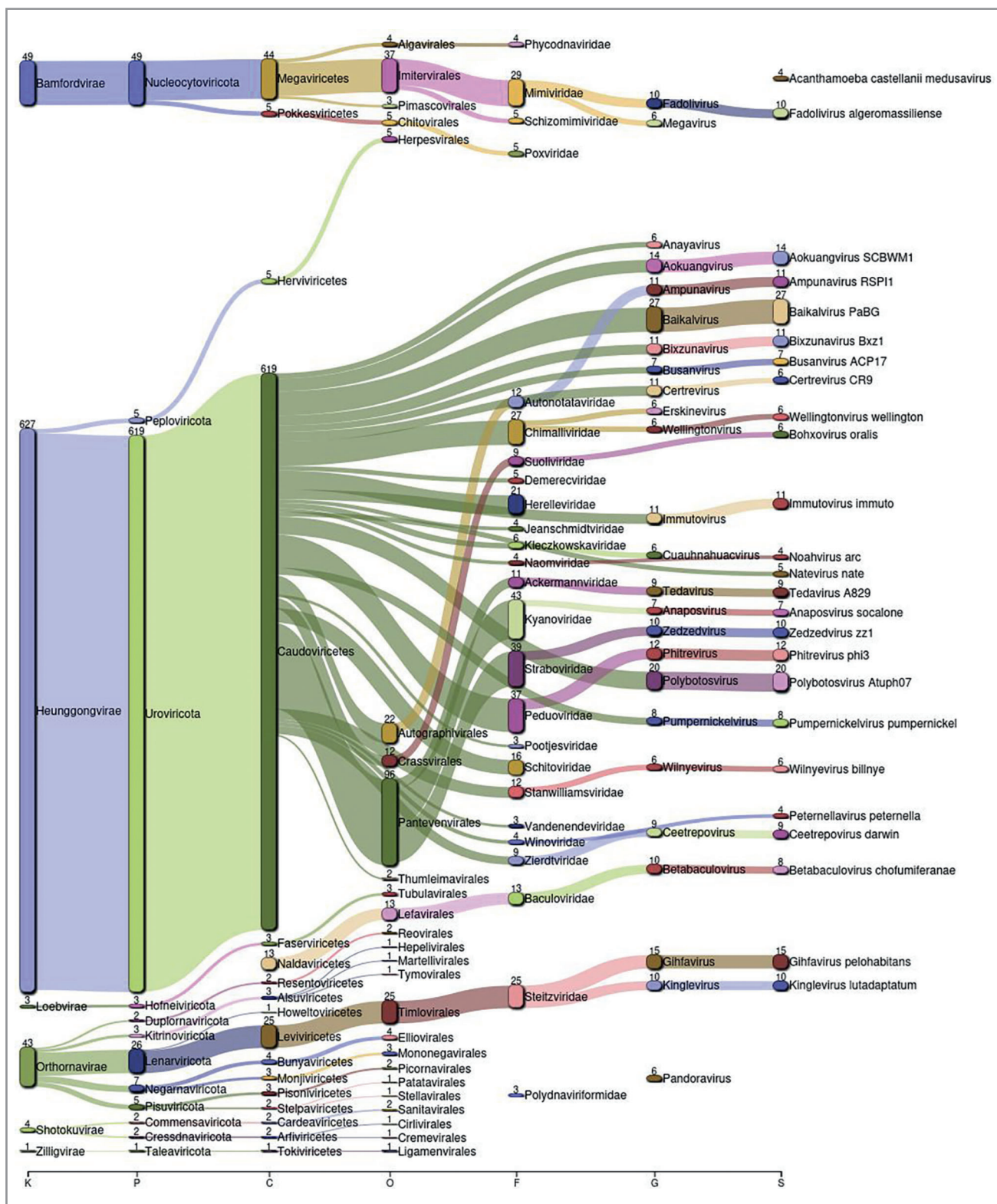
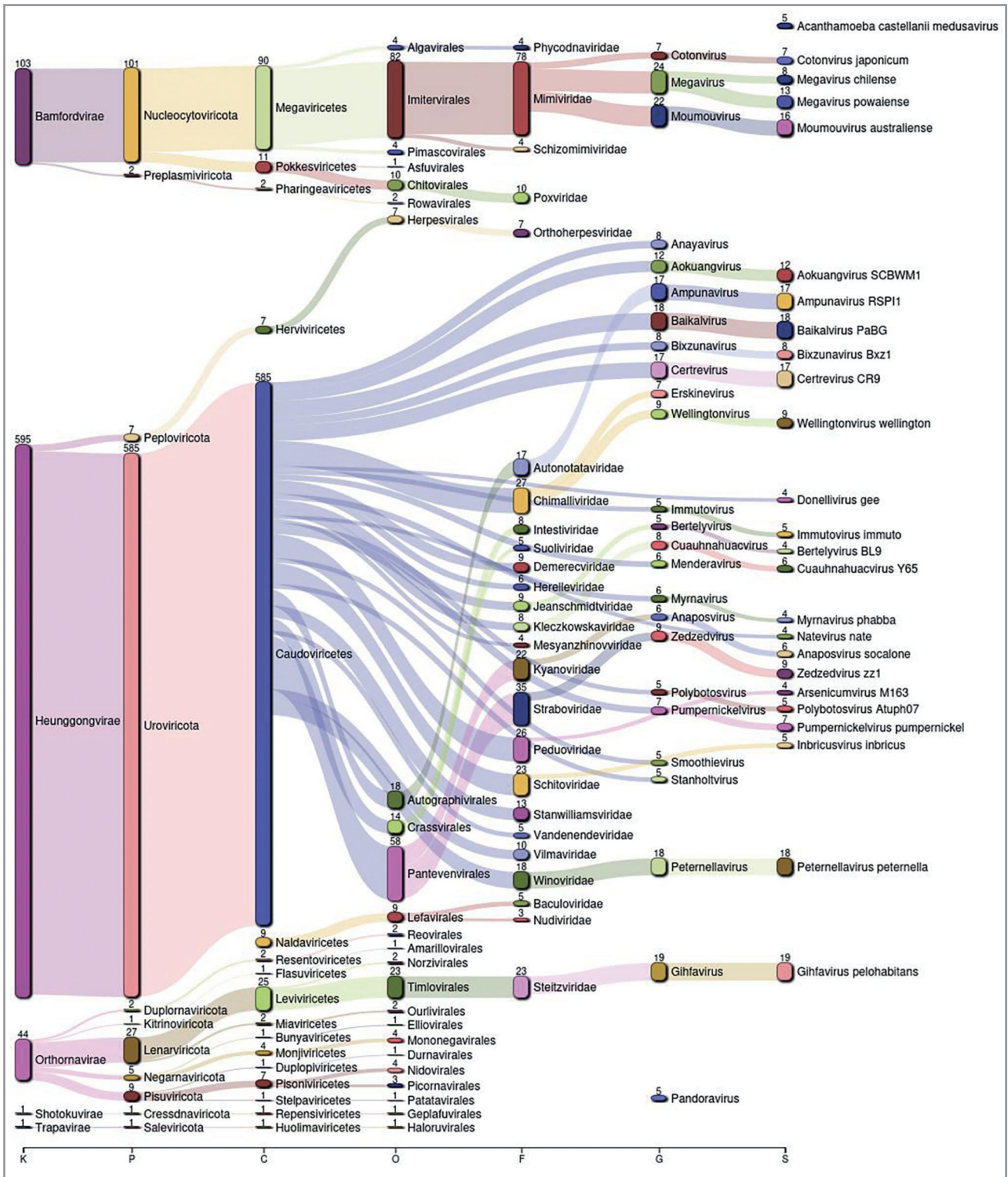


Рис. 1. Метавирусом образца орнитогенной почвы под колонией обыкновенной моевки *Rissa tridactyla*, мыс Желания, остров Северный, Новая Земля.

Примечание. Цифрами обозначено количество классифицированных последовательностей соответствующего таксономического ранга: К — Kingdom (царство); P — Phylum (филум); C — Class (класс); O — Order (порядок); F — Family (семейство); G — Genus (род); S — Species (вид).

Fig. 1. Metavirome of a sample of ornithogenic soil from a colony of black-legged kittiwake (*Rissa tridactyla*), on Cape Zhelaniya, Severny Island, Novaya Zemlya.

Note. The numbers indicate the number of classified sequences of the corresponding taxonomic rank: K — Kingdom; P — Phylum; C — Class; O — Order; F — Family; G — Genus; S — Species.



**Рис. 2.** Метавирусом образца орнитогенной почвы под колонией толстоклювой кайры *Uria lomvia*, мыс мыс Флора, остров Западный Нортбрук, Земля Франца-Иосифа.  
**Fig. 2.** Metavirome of a sample of orntogenic soil from a colony of thick-billed murre *Uria lomvia*, on Cape Flora, West Northbrook Island, Franz Josef Land.

Нефаговая часть виroma в обоих образцах была представлена, главным образом, группой гигантских вирусов класса *Megaviricetes*. Данные вирусы, паразитирующие в клетках простейших, часто обнаруживаются в экстремально холодных местообит-

аниях, включая арктические многолетнемерзлые породы и мумии ископаемых животных, сохраняющиеся в них [22]. Предполагается потенциальная патогенность по отношению к человеку некоторых представителей данного класса [23].

Таким образом, метавирусные данные продемонстрировали значительное разнообразие бактериофагов класса *Caudoviricetes*, вирулентные представители которого могут быть использованы для фаговой терапии инфекций человека и животных, а также защиты культурных растений.

Учитывая это обстоятельство, мы предприняли попытку оценить принципиальную возможность выделения вирулентных бактериофагов из изучаемых образцов орнитогенного биоматериала. В качестве тестовых культур для поиска бактериофагов мы использовали две культуры *Escherichia coli*, выделенные от птиц и обладающие типичным для АРЕС (avian pathogenic *Escherichia coli* — птичьих патогенных *Escherichia coli*) набором факторов патогенности. При выборе целевого вида бактерий для поиска бактериофагов мы исходили из установленного ранее факта широкого распространения патогенных для птиц *Escherichia coli* в биологическом материале и почвах, ассоциированных с их колониями на островах Баренцева моря [24]. Следует отметить, что эшерихии группы АРЕС располагают эпидемическим потенциалом, который определяется генетически сходством данного патотипа кишечной палочки с человеческими ЕхРЕС (уропатогенными эшерихиями (UPEC) и эшерихиями, ассоциированными с менингитом новорождённых (NMEC)) [25]. Данное обстоятельство, по нашему мнению, актуализирует востребованность поиска бактериофагов, способных к специфическому лизису штаммов эшерихий данной группы.

В результате проведённых исследований было выделено два бактериофага.

Из орнитогенной почвы в пределах колонии морских птиц на на мысе Флора (остров Западный Нортбрук, ЗФИ) выделен бактериофаг, активный в отношении тестового штамма *Escherichia coli* flora 2с. Данный фаг (обозначенный как «flora») образовывал прозрачные бляшки с небольшим количеством колоний вторичного роста на газоне восприимчивой культуры и поддерживался при пассировании на ней в титре  $10^8$  к. о. е. на мл.

Геном бактериофага был секвенирован. На основании отсутствия генов фаговых интеграз, установлено, что бактериофаг является вирулентным. Размер генома составил 148197 п. н.

В результате выравнивания с использованием алгоритма BLAST, установлено, что выделенный бактериофаг относится к роду *Justusliebigvirus*. Нуклеотидная последовательность генома бактериофага обнаруживает 95% уровень сходства (идентичность — 96%, покрытие — 98,5%) к ближайшему представителю данного рода — бактериофагу *Justusliebigvirus* VECB (Genbank Acc. № OZ035773.1). Филогения наиболее близких к данному фагу вирусов, построенная на

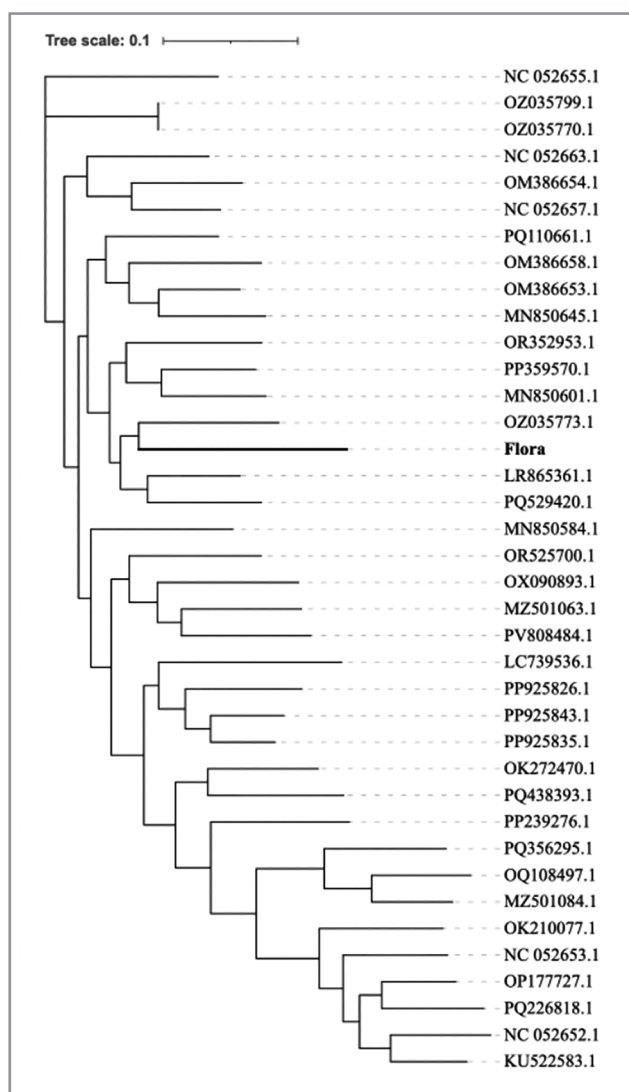


Рис. 3. Филогенетическое дерево бактериофагов рода *Justusliebigvirus*, построенное на основании анализа SNP в коровом геноме.

Fig. 3. Phylogenetic tree of bacteriophages of the genus *Justusliebigvirus*, constructed based on SNP analysis in the core genome.

основании учёта однонуклеотидных полиморфизмов (single nucleotide polymorphism, SNP) в коровом геноме, представлена на рис. 3.

Следует отметить, что бактериофаги данного рода рассматриваются в качестве перспективных компонентов препаратов для фаготерапии инфекционных заболеваний человека, в частности инфекций мочевыводящих путей, вызванных уропатогенными штаммами *Escherichia coli* (UPEC) [26].

Из образца орнитогенной почвы из колонии моевки на мысе Желания (остров Северный, НЗ) на культуре *Escherichia coli* OO17 был выделен второй бактериофаг, названный нами «Mzh1». Фаг формировал прозрачные бляшки с небольшим количеством колоний вторичного роста на газоне восприимчивой культуры и культивировался на ней в титре  $10^6$  к. о. е. на мл. Геном данного бактериофага

размером 43606 также не содержал генов фаговых интеграз и проявил наибольшее сходство (93% сходства при покрытии 81%) с геномом бактериофага vB\_EcoS\_GZMU\_E2010 (Genbank Acc. № PV845598.1) из рода *Kagunavirus*. Полученные данные позволяют классифицировать данный бактериофаг в качестве нового вида вирусов данного рода.

Филогенетические взаимоотношения бактериофагов, наиболее близких фагу Mzh1 по результатам SNP анализа в коровых генах, представлены на рис. 4.

Фаги, отнесённые к данному роду, как показано ранее [27], также могут быть применены для терапии инфекций мочевыводящих путей, обусловленных уропатогенными штаммами кишечной палочки.

Таким образом, результаты культуральных исследований демонстрируют возможность выделения новых видов бактериофагов из местообитаний, ассоциированных с колониями арктических морских птиц, и подтверждают полученные в результате метагеномного секвенирования данные о значительном биологическом разнообразии вирулентных бактериофагов орнитогенных субстратов, в т. ч. применимых в качестве компонентов препаратов для фаготерапии. Следует отметить, что полученные результаты согласуются с результатами ранее проведённого исследования, показавшего существенное таксономическое разнообразие бактериофагового виroma в водных экосистемах архипелага Шпицберген [28].

## Заключение

В исследовании с использованием методов метагеномного анализа и классических культуральных методов получены данные, подтверждающие перспективность поиска новых бактериофагов в орнитогенных субстратах островов Арктики. В частности, один из двух выделенных нами бактериофагов *Escherichia coli*, по результатам филогеномного анализа, может быть отнесён к новому виду рода *Kagunavirus*.

Перспективы применения арктических бактериофагов в качестве антибактериальных средств в настоящее время могут быть существенно расширены с учётом появившихся в последние годы исследований, свидетельствующих о полигостальности ряда бактериофагов, позволяющей им инфицировать представителей различных видов и даже родов бактерий [29].

### Дополнительная информация

**Финансирование.** Исследование выполнено за счёт гранта Российского научного фонда № 24-15-20022, <https://rscf.ru/project/24-15-20022/>, и за счёт гранта Санкт-Петербургского научного фонда № 24-15-20022.

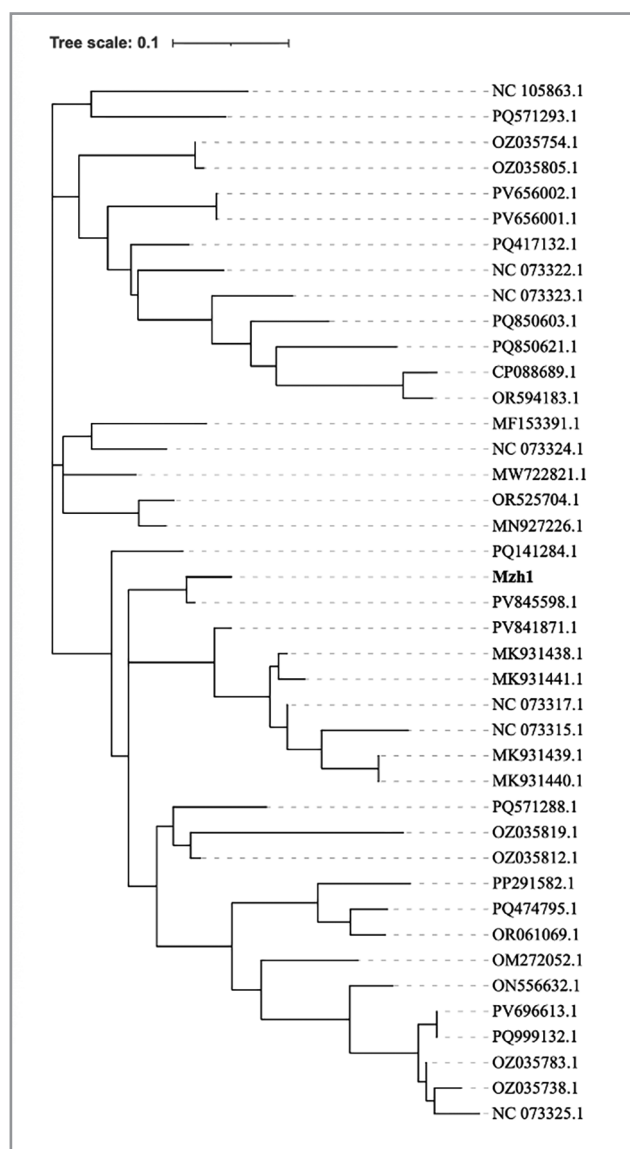


Рис. 4. Филогенетическое дерево бактериофагов, родственных Mzh1, построенное на основании анализа SNP в коровом геноме.

Fig. 4. Phylogenetic tree of bacteriophages related to Mzh1, constructed based on SNP analysis in the core genome.

**Благодарности.** Авторы выражают признательность руководству экспедиции «Арктический плавучий университет» за помощь в организации полевых исследований, а также благодарность национальному парку «Русская Арктика» за предоставление возможности работы на территории парка.

**Конфликт интересов.** Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**Участие авторов.** Гончаров А. Е. — отбор образцов, анализ данных, написание текста статьи, Асланов Б. И. — редактирование рукописи, Азаров Д. В. — биоинформационная обработка геномных и метагеномных данных, редактирование текста рукописи, Колоджиева В. В. — выделение

культур микроорганизмов, Гаврило М. В. — отбор образцов, редактирование рукописи, Щиплецова В. Т., Поликина Ю. М., Майорова К. А. — отбор образцов, микробиологические исследования,

Аксенов А. С. — редактирование рукописи, Шеманаева А. А. — микробиологические исследования, Гончаров Н. Е., Полев Д. Е. — проведение метагеномного и геномного секвенирования.

## Литература/References

- Leitner L, Sybesma W, Chanishvili N, Goderdzishvili M, Chkhotua A, Ujmajuridze A, Schneider MP, Sartori A, Mehnert U, Bachmann LM, Kessler TM. Bacteriophages for treating urinary tract infections in patients undergoing transurethral resection of the prostate: a randomized, placebo-controlled, double-blind clinical trial. *BMC Urol*. 2017 Sep 26; 17 (1): 90. doi: 10.1186/s12894-017-0283-6.
- Jault P, Leclerc T, Jennes S, Pirnay JP, Que YA, Resch G, Rousseau AF, Ravat F, Carsin H, Le Floch R, Schaal JV, Soler C, Fevre C, Arnaud I, Bretaudeau L, Gabard J. Efficacy and tolerability of a cocktail of bacteriophages to treat burn wounds infected by *Pseudomonas aeruginosa* (PhagoBurn): a randomised, controlled, double-blind phase 1/2 trial. *Lancet Infect Dis*. 2019 Jan; 19 (1): 35–45. doi: 10.1016/S1473-3099(18)30482-1.
- Асланов Б.И., Гончаров А.Е., Конева С.Д., Мохов А.С., Азаров Д.В., Лебедева Е.А., Кулешова А.В., Колоджиева В.В., Колосовская Е.Н., Нифонтова А.М., Лиознов Д.А. Чувствительность штаммов *Klebsiella pneumoniae*, выделенных от больных COVID-19, к коммерчески доступным препаратам бактериофагов. Антибиотики и химиотерапия. 2024; 69 (11–12): 59–66. [Aslanov BI, Goncharov AE, Konev SD, Mochov AS, Azarov DA, Lebedeva EA, Kuleshova AV, Kolodzhieva VV, Kolosovskaya EN, Nifontova AM, Lioznov DA. The susceptibility of *Klebsiella pneumoniae* strains isolated from COVID-19 patients to commercially available bacteriophage medications. *Antibiotiki i Khimioterapiya = Antibiotics and Chemotherapy*. 2024; 69 (11–12): 59–66. (in Russ.)]. doi: <https://doi.org/10.37489/0235-2990-2024-69-11-12-59-66>.
- Козлова А.И., Тапальский Д.В. Чувствительность к антибиотикам и бактериофагам клинических изолятов *Klebsiella pneumoniae* с классическим и гипермукоидным фенотипами. Военная медицина. 2019; 1 (50): 44–48. [Kozlova AI, Tapal'skiy DV. Chuvstvitel'nost' k antibiotikam i bakteriofagam klinicheskikh izolyatov *Klebsiella pneumoniae* s klassicheskim i giper mukoidnym fenotipami. *Voennaya medicina*. 2019; 1 (50): 44–48. (in Russ.)].
- Wang J, Xiao J, Zhu Z, Wang S, Zhang L, Fan Z, Deng Y, Hu Z, Peng F, Shen S, Deng F. Diverse viromes in polar regions: a retrospective study of metagenomic data from Antarctic animal feces and Arctic frozen soil in 2012–2014. *Virology*. 2022 Dec; 37 (6): 883–893. doi: 10.1016/j.virus.2022.08.006.
- Rastrojo A, Alcamí A. Viruses in polar lake and soil ecosystems. *Adv Virus Res*. 2018; 101: 39–54. doi: 10.1016/bs.aivir.2018.02.002.
- Zhong ZP, Tian F, Roux S, Gazitua MC, Solonenko NE, Li YF, Davis ME, Van Etten JL, Mosley-Thompson E, Rich VI, Sullivan MB, Thompson LG. Glacier ice archives nearly 15,000-year-old microbes and phages. *Microbiome*. 2021 Jul 20; 9 (1): 160. doi: 10.1186/s40168-021-01106-w.
- van Dijk JGB, Iverson SA, Gilchrist HG, Harms NJ, Hennin HL, Love OP, Buttler EI, Lesceu S, Foster JT, Forbes MR, Soos C. Herd immunity drives the epidemic fadeout of avian cholera in Arctic-nesting seabirds. *Sci Rep*. 2021 Jan 13; 11 (1): 1046. doi: 10.1038/s41598-020-79888-6.
- Derko A, Dubovitskiy N, Prokudin A, Mine J, Tsunekuni R, Uchida Y, Saito T, Kasianov N, Loginova A, Sobolev I, Kumar S, Shestopalov A, Sharshov K. Detection of a novel gull-like clade of Newcastle disease virus and H3N8 avian influenza virus in the Arctic Region of Russia (Taimyr Peninsula). *Viruses*. 2025 Jul 7; 17 (7): 955. doi: 10.3390/v17070955.
- Li D, Luo R, Liu CM, Leung CM, Ting HF, Sadakane K, Yamashita H., Lam TW. MEGAHIT v1.0: a fast and scalable metagenome assembler driven by advanced methodologies and community practices. *Methods*. 2016 Jun 1; 102: 3–11. doi: 10.1016/j.jmeth.2016.02.020.
- Wood DE, Lu J, Langmead B. Improved metagenomic analysis with Kraken 2. *Genome Biol*. 2019; 20 (1): 257. doi: 10.1186/s13059-019-1891-0.
- Treangen TJ, Ondov BD, Koren S, Phillippy AM. The Harvest suite for rapid core-genome alignment and visualization of thousands of intraspecific microbial genomes. *Genome Biol*. 2014; 15 (11): 254. doi: 10.1186/s13059-014-0524-x.
- Gorshkova A, Belykh O, Tikhonova I, Xi L, Siniagina M, Drucker V, Potapov S. Genomic characterization of the novel bacteriophage PfAn1 from Lake Baikal, infecting *Pseudomonas fluorescens*. *Arch Virol*. 2025 May 16; 170 (6): 127. doi: 10.1007/s00705-025-06315-4.
- Корниченко М.А., Купцов Н.С., Данилов Д.И., Гордичев Р.Б., Малахова М.В., Беспятых Д.А., Веселовский В.А., Шитиков Е.А., Ильина Е.Н. Выделение и характеристика бактериофагов *Pseudomonas aeruginosa* — потенциальных агентов для фаговой терапии. Медицина экстремальных ситуаций. 2021; 23 (3): 16–23. [Kornichenko MA, Kupcov NS, Danilov DI, Gordichev RB, Malakhova MV, Bespyatykh DA, Veselovskiy VA, Shitikov EA, Ilyina EN. Isolation and characterization of *Pseudomonas aeruginosa* bacteriophages — potential agents for phage therapy. *Extreme Medicine*. 2021; 23 (3): 16–23. (in Russ.)]. doi: <https://doi.org/10.47183/mes.2021.027>.
- O'Connell LM, Buttner C, Bottacini F, Coffey A, O'Mahony JM. Identification of novel genera and subcluster classifications for mycobacteriophages. *Microbiome Res Rep*. 2023 Jun 15; 2 (3): 21. doi: 10.20517/mrr.2023.17.
- Wang L, Yao H, Morgan DC, Lau KS, Leung SY, Ho JWK, Leung WK. Altered human gut virome in patients undergoing antibiotics therapy for *Helicobacter pylori*. *Nat Commun*. 2023 Apr 17; 14 (1): 2196. doi: 10.1038/s41467-023-37975-y.
- Bartlau N, Wichels A, Krohne G, Adriaenssens EM, Heins A, Fuchs BM, Amann R, Moraru C. Highly diverse flavobacterial phages isolated from North Sea spring biofilms. *ISME J*. 2022 Feb; 16 (2): 555–568. doi: 10.1038/s41396-021-01097-4.
- Attai H, Boon M, Phillips K, Noben JP, Lavigne R, Brown PJB. Larger than life: isolation and genomic characterization of a jumbo phage that infects the bacterial plant pathogen, *Agrobacterium tumefaciens*. *Front Microbiol*. 2018 Aug 14; 9: 1861. doi: 10.3389/fmicb.2018.01861.
- Kozlova AP, Muntyan VS, Vladimirova ME, Saksaganskaia AS, Kabilov MR, Gorbunova MK, Gorshkov AN, Grudinin MP, Simarov BV, Roumiantseva ML. Soil giant phage: genome and biological characteristics of *Sinorhizobium jumbo* phage. *Int J Mol Sci*. 2024 Jul 5; 25 (13): 7388. doi: 10.3390/ijms25137388.
- Liu H, Gu W, Lu Y, Ding L, Guo Y, Zou G, Wu W, Zheng D, Liu C, Wang C, Cao Y, Li J. Exploration of phage-agrochemical interaction based on a novel potent phage LPRS20-Targeting *Ralstonia solanacearum*. *J Agric Food Chem*. 2024 Dec 18; 72 (50): 28005–28018. doi: 10.1021/acs.jafc.4c03799.
- Na JB, Lee S, Park EJ, Lim S, Lee K, Kim YB, Cha TS, Park SY, Kim JH. Characterization of five lytic bacteriophages as new members of the genus *Mosivirus*, infecting multidrug-resistant shiga toxin-producing *Escherichia coli* and their antibiofilm activity. *Viruses*. 2025 Nov 13; 17 (11): 1501. doi: 10.3390/v17111501.
- Alempic JM, Lartigue A, Goncharov AE, Grosse G, Strauss J, Tikhonov AN, Fedorov AN, Poirot O, Legendre M, Santini S, Abergel C, Claverie JM. An update on eukaryotic viruses revived from ancient permafrost. *Viruses*. 2023 Feb 18; 15 (2): 564. doi: 10.3390/v15020564.
- Sakhaee F, Mosayebi Amroabadi J, Razi S, Vaziri F, Abdolrahimi F, Moghaddam S, Rahimi Jamnani F, Siadat SD, Fateh A. Detection of Mimivirus from respiratory samples in tuberculosis-suspected patients. *Sci Rep*. 2022 May 23; 12 (1): 8676. doi: 10.1038/s41598-022-12757-6.
- Асланов Б.И., Азаров Д.В., Макарова М.А., Марышева Е.Г., Краева Л.А., Мохов А.С., Лебедева Е.А., Гончаров Н.Е., Лебедева Н.В., Стариков Д.А., Колоджиева В.В., Полев Д.Е., Гончаров А.Е. Патогенный потенциал орнитогенных штаммов *Escherichia coli*, выявленных в полярных регионах Земли. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2024; 101 (6): 758–768. [Aslanov BI, Azarov DV, Makarova MA, Marysheva EG, Kraeva LA, Mochov AS, Lebedeva EA, Goncharov NE, Lebedeva NV, Starikov DA, Kolodzhieva VV, Polev DE, Goncharov AE. Pathogenic potential of ornithogenic *Escherichia coli* strains detected in the Earth's polar regions. *Journal of Microbiology, Epidemiology and Immunobiology*. 2024; 101 (6): 758–768. (in Russ.)]. doi: <https://doi.org/10.36233/0372-9311-607>.
- Ewers C, Li G, Wilking H, Kiessling S, Alt K, Antão E-M, et al. Avian pathogenic, uropathogenic, and newborn meningitis-causing *Escherichia coli*: how closely related are they? *Int J Med Microbiol*. 2007; 297 (3): 163–76. doi: 10.1016/j.ijmm.2007.01.003.
- Markusková B, Elnwrani S, Andrežal M, Sedláčková T, Szemes T, Slobodníková L, Kajsik M, Drahovská H. Characterization of bacteriophages infecting multidrug-resistant uropathogenic *Escherichia coli* strains. *Arch Virol*. 2024 Jun 8; 169 (7): 142. doi: 10.1007/s00705-024-06063-x.
- Rodea GE, González-Villalobos E, Medina-Contreras O, Castelan-Sánchez HG, Aguilar-Rodea P, Velázquez-Guadarrama N, Hernández-Chiñas U, Es-lava-Campos CA, Balcázar JL, Molina-López J. Genomic characterization of two bacteriophages (vB\_EcoS-phiEc3 and vB\_EcoS-phiEc4) belonging to the genus Kagunavirus with lytic activity against uropathogenic *Escherichia coli*. *Microb Pathog*. 2022 Apr; 165: 105494. doi: 10.1016/j.micpath.2022.105494.
- Kachiprath B, Gopi J, Sarasan M, Puthumana J, Chaithanya ER, Philip R. Metavirome mining from fjord sediments of Svalbard Archipelago. *Journal of Soils and Sediments*. 2024; 24: 2887–2903. doi: <https://doi.org/10.1007/s11368-024-03809-7>.
- Chung KM, Liao XL, Tang SS. Bacteriophages and their host range in multidrug-resistant bacterial disease treatment. *Pharmaceuticals (Basel)*. 2023 Oct 16; 16 (10): 1467. doi: 10.3390/ph16101467.

Поступила / Received 08.12.2025

Принята в печать / Accepted 22.01.2026

## Информация об авторах

*Гончаров Артемий Евгеньевич* — д. м. н., заведующий лабораторией микробиологического мониторинга биологических угроз ФГБНУ Институт экспериментальной медицины; профессор кафедры эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии ФГБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет им. И. И. Мечникова» Минздрава России, Санкт-Петербург, Российская Федерация. ORCID ID: 0000-0002-5206-6656

*Асланов Батырбек Исмаилович* — д. м. н., профессор, директор Института профилактической медицины, заведующий лабораторией молекулярной эпидемиологии и исследований бактериофагов ФГБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет им. И. И. Мечникова» Минздрава России, Санкт-Петербург, Российская Федерация. ORCID ID: 0000-0002-6890-8096

*Азаров Даниил Валерьевич* — к. м. н., старший преподаватель кафедры эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии ФГБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет им. И. И. Мечникова» Минздрава России, Санкт-Петербург, Российская Федерация. ORCID ID: 0000-0003-2483-5144

*Колоджиева Виктория Васильевна* — к. м. н., доцент кафедры эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии, ФГБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет им. И. И. Мечникова» Минздрава России, Санкт-Петербург, Российская Федерация. ORCID ID: 0000-0002-1537-211X

*Гаврило Мария Владиславовна* — к. б. н., ведущий научный сотрудник лаборатории «Арктик-шельф» им. Г. К. Зубакина Арктического и антарктического научно-исследовательского института. Архангельск, Российская Федерация. ORCID ID: 0000-0002-3500-9617

*Аксенов Андрей Сергеевич* — к. т. н., профессор кафедры биологии, экологии и биотехнологии, Северный (Арктический) федеральный университет им. М. В. Ломоносова, Архангельск, Российская Федерация. ORCID ID: 0000-0003-1013-1357

*Шутов Владимир Михайлович* — аспирант ФГБНУ Институт экспериментальной медицины, Санкт-Петербург, Российская Федерация. ORCID ID: 0009-0003-6862-4880

*Щиплецова Варвара Тимофеевна* — студент, Московский государственный университет, Москва, Российская Федерация

*Поликينا Юлия Михайловна* — студент, Северный (Арктический) федеральный университет им. М. В. Ломоносова, Архангельск, Российская Федерация. ORCID ID: 0009-0008-1248-9903

*Майорова Ксения Александровна* — инженер, Северный (Арктический) федеральный университет им. М. В. Ломоносова, Архангельск, Российская Федерация. ORCID ID: 0000-0001-7009-2500

*Шеманаева Арина Антоновна* — аспирант ФГБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет им. И. И. Мечникова» Минздрава России, Санкт-Петербург, Российская Федерация

*Гончаров Никита Евгеньевич* — младший научный сотрудник лаборатории медицинской микробиологии ФБУН «Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. Пастера», Санкт-Петербург, Российская Федерация. ORCID ID: 0000-0002-6097-5091

*Полев Дмитрий Евгеньевич* — к. б. н., заведующий лабораторией метагеномных исследований ФБУН «Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. Пастера», Санкт-Петербург, Российская Федерация. ORCID ID: 0000-0001-9679-2791

## About the authors

*Artemiy E. Goncharov* — D.Sc. in Medicine, Head of the Laboratory of Microbiological Monitoring of Biohazards, Institute of Experimental Medicine; Professor at the Department of Epidemiology, Parasitology, and Disinfection, North-Western State Medical University named after I. I. Mechnikov, Saint Petersburg, Russian Federation. ORCID ID: 0000-0002-5206-6656

*Batyrbek I. Aslanov* — D.Sc. in Medicine, Professor, Director of the Institute of Preventive Medicine, Head of the Laboratory of Molecular Epidemiology and Bacteriophage Research, North-Western State Medical University named after I. I. Mechnikov, Saint Petersburg, Russian Federation. ORCID ID: 0000-0002-6890-8096

*Daniil V. Azarov* — Ph.D. in Medicine, Senior Lecturer at the Department of Epidemiology, Parasitology, and Disinfection, North-Western State Medical University named after I. I. Mechnikov, Saint Petersburg, Russian Federation. ORCID ID: 0000-0003-2483-5144

*Victoria V. Kolodzhieva* — Ph.D. in Medicine, Associate Professor at the Department of Epidemiology, Parasitology, and Disinfection, North-Western State Medical University named after I. I. Mechnikov, Saint Petersburg, Russian Federation. ORCID ID: 0000-0002-1537-211X

*Maria V. Gavrilov* — Ph.D. in Biology, Leading Researcher at the Arctic Shelf Laboratory, Arctic and Antarctic Research Institute, Saint Petersburg, Russian Federation. ORCID ID: 0000-0002-3500-9617

*Andrey S. Aksenov* — Ph.D. in Technical Sciences, Professor at the Department of Biology, Ecology, and Biotechnology, Northern (Arctic) Federal University named after M. V. Lomonosov, Arkhangelsk, Russian Federation. ORCID ID: 0000-0003-1013-1357

*Vladimir M. Shutov* — Postgraduate student, Institute of Experimental Medicine, Saint Petersburg, Russian Federation. ORCID ID: 0009-0003-6862-4880

*Varvara T. Shchiptseva* — student, Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russian Federation

*Julia M. Polikina* — student, Northern (Arctic) Federal University named after M. V. Lomonosov, Arkhangelsk, Russian Federation. ORCID ID: 0009-0008-1248-9903

*Ksenia A. Mayorova* — engineer, Northern (Arctic) Federal University named after M. V. Lomonosov, Arkhangelsk, Russian Federation. ORCID ID: 0000-0001-7009-2500

*Arina A. Shemanaeva* — Postgraduate student, North-Western State Medical University named after I. I. Mechnikov, Saint Petersburg, Russian Federation

*Nikita E. Goncharov* — Junior Researcher at the Laboratory of Medical Microbiology, Saint Petersburg Pasteur Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Saint Petersburg, Russian Federation. ORCID ID: 0000-0002-6097-5091

*Dmitrii E. Polev* — Ph.D. in Biology, Head of the Laboratory of Metagenomic Research, Saint Petersburg Pasteur Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Saint Petersburg, Russian Federation. ORCID ID: 0000-0001-9679-2791