

КРАТКИЕ  
СООБЩЕНИЯ

ВЫСОКАЯ ЭФФЕКТИВНОСТЬ УДАЛЕНИЯ ПАТОГЕННЫХ  
МИКРООРГАНИЗМОВ ПРИ ОЧИСТКЕ КОММУНАЛЬНЫХ  
СТОЧНЫХ ВОД ГОРОДА МОСКВЫ

© 2023 г. Ш. А. Бегматов<sup>а</sup>, \*, А. Г. Дорофеев<sup>б</sup>, Н. В. Пименов<sup>б</sup>, А. В. Марданов<sup>а</sup>, Н. В. Равин<sup>а</sup>

<sup>а</sup> Институт биоинженерии им. К.Г. Скрябина, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, 119071 Россия

<sup>б</sup> Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, 119071 Россия

\*e-mail: shabegmatov@gmail.com

Поступила в редакцию 03.04.2023 г.

После доработки 06.04.2023 г.

Принята к публикации 06.04.2023 г.

Несмотря на то, что большинство патогенных бактерий эффективно удаляются из сточных вод при их биологической очистке, некоторые патогены, в частности, *Arcobacter* могут сохраняться в очищенной воде. С помощью профилирования по генам 16S рРНК исследован состав микробных сообществ коммунальных сточных вод города Москвы до и после биологической очистки на Люберецких очистных сооружениях. В поступающей сточной воде преобладали фекальные загрязнители родов *Acinetobacter*, *Aeromonas*, *Arcobacter*, *Bacteroides*, *Streptococcus* и *Veillonella*, которые включают патогены человека. После очистки относительное содержание этих бактерий снижалось в 50–100 раз. В микробиоме очищенной воды преобладали бактерии, характерные для активного ила, в том числе, нитрификаторы *Nitrospira* и *Nitrosomonas*, а также фосфат- и гликоген-аккумулирующие микроорганизмы. Таким образом, патогенные бактерии, включая *Arcobacter*, эффективно удаляются на московских очистных сооружениях.

**Ключевые слова:** сточные воды, патоген, микробное сообщество, молекулярный анализ

**DOI:** 10.31857/S0026365623600153, **EDN:** BNXILR

Основной функцией очистных сооружений сточных вод является удаление из сточных вод органических и неорганических загрязнителей перед их сбросом в окружающую среду или направлением на повторное использование. Также очистные сооружения должны обеспечивать удаление из сточных вод фекальных загрязнителей и патогенных микроорганизмов (Kristensen et al., 2020). В число таких патогенов входят представители родов *Escherichia*, *Campylobacter*, *Salmonella* и *Shigella*, которые в процессе очистки сточных вод могут удаляться более чем на 99% (Mølgaard et al., 2002).

Обычно очистка сточных вод на крупных очистных сооружениях проходит в три этапа. Первый этап включает физические методы очистки воды (осветление), второй этап – биологическую очистку в биореакторах с активным илом (АИ), третий этап – окончательную доочистку воды, включающую обеззараживание с помощью ультрафиолетового облучения. Консорциум микроорганизмов АИ, развивающийся в биореакторах, осуществляет окисление органических веществ, удаляет азот и фосфаты. Поступающие со сточной водой микроорганизмы, в том числе патогены, могут адсор-

бироваться на частицах АИ и удаляться вместе с избыточным АИ, в результате чего в очищенной воде их доля оказывается намного более низкой (Mølgaard et al., 2002).

Обычно выявление фекальных загрязнителей и бактериальных патогенов проводится с применением классических методов – посева на селективные среды, либо с использованием ПЦР в реальном времени на маркерные гены. Скрининг на основе культивирования был “золотым” стандартом в оценке микробиологического качества сточных вод (Di Cesare et al., 2020). Однако эти методы обеспечивают детекцию только некоторых индикаторных видов, таких как *Escherichia coli* и другие энтеробактерии (Koivunen et al., 2003; Frigon et al., 2013). Поскольку многие патогены трудно культивировать в стандартных условиях, или их присутствие вообще не тестируют, реальная эффективность их удаления может оставаться неизвестной, что затрудняет оценку роли очистных сооружений в защите от попадания патогенных микроорганизмов в окружающую среду (Kristensen et al., 2020).

Применение молекулярных методов позволило расширить представления о разнообразии и ге-

нетическом потенциале микробных сообществ сточных вод и АИ очистных сооружений, а также о присутствии в них патогенных микроорганизмов (Hultman et al., 2018; Karaolia et al., 2021). Эти работы также показали, что, хотя большинство патогенов эффективно удаляются при биологической очистке сточных вод, некоторые из них (например, *Arcobacter*) сохраняются и входят в число доминирующих членов микробного сообщества и в очищенной воде (Kristensen et al., 2020).

Несмотря на то, что очистные сооружения Москвы являются одними из крупнейших в мире, большинство исследований связанных с ними микробных сообществ было выполнено классическими методами. Загайновой и соавт. (2022) с применением методов культивирования на всех этапах очистки были идентифицированы потенциально патогенные бактерии *Pseudomonas aeruginosa*, *E. coli*, *Raoultella ornithinolytica*, *Aeromonas hydrophila*, *A. caviae*, *A. molluscorum*, *Enterococcus hirae*, *E. faecium*, *E. faecalis*, *Clostridium perfringens*, *Streptococcus lutetiensis* и *S. suis*. Известно лишь несколько работ, в которых микробные сообщества сточных вод и активных илов очистных установок были исследованы с помощью современных молекулярно-генетических методов. Шеголькова и соавт. (2016) провели профилирование по генам 16S рРНК составов микробных сообществ сточных вод и активных илов на очистных сооружениях, обеспечивающих очистку городских сточных вод, сточных вод скотобоен и нефтеперерабатывающего завода. Содержание большинства известных патогенных микроорганизмов (*Streptococcus*, *Trichococcus* и др.), обнаруженных в поступающих на очистку сточных водах, значительно снижалось в активных илах (Shchegolkova et al., 2016). Структура микробных сообществ активных илов 9 крупномасштабных очистных сооружений коммунальных сточных вод г. Москвы была охарактеризована нами молекулярными методами (Begmatov et al., 2022). Однако в этих работах не проводился сравнительный анализ состава микробных сообществ сточных вод до и после очистки, что не позволяет выявить изменения их состава и определить эффективность удаления патогенных микроорганизмов.

Целью данного исследования являлась характеристика состава микробных сообществ сточной воды до и после биологической очистки на Люберецких очистных сооружениях г. Москвы. Этот комплекс очистных сооружений, имеющий производительность 3 млн м<sup>3</sup>/сут, является крупнейшим в Европе и обеспечивает прием и очистку хозяйственно-бытовых и промышленных сточных вод. Объектами исследования являлись образцы осветленной сточной воды после первичного отстаивания и воды, прошедшей биологическую очистку в биореакторе, использующем трехстадийный анаэробный/аноксидный/аэробный процесс, извест-

ный как технология Кейптаунского университета (UCT).

Химический состав воды определяли в испытательном центре “МГУЛАБ” с использованием методик ионной хроматографии и спектрофотометрии. Для характеристики состава микробного сообщества отбирали пробы воды (по 5 л), затем клетки собирали с помощью центрифугирования. Суммарную ДНК выделяли с помощью набора DNeasy Power Soil Pro Kit (“Qiagen”). Вариабельный V3–V4 регион гена 16S рРНК амплифицировали с использованием универсальных праймеров 341F (5'-CCTAYG GGDBGWCWSCAG) и 806R (5'-GGA CTA CNVGGG THTCTAAT) (Frey et al., 2016). ПЦР фрагменты секвенировали на Illumina MiSeq (в формате 2 × 300 нуклеотидов). Пересекающиеся парные чтения объединяли с помощью FLASH v.1.2.11 (Magoc et al., 2011). Прочтения из обоих образцов были объединены, исключены низкокачественные и химерные последовательности. Прошедшие фильтрацию последовательности фрагментов гена 16S рРНК были кластеризованы в оперативные таксономические единицы (ОТЕ) на уровне 97% идентичности. Для определения доли ОТЕ в каждом из образцов, на последовательности ОТЕ были наложены исходные чтения (включая низкокачественные и синглтоны) с минимальной идентичностью 97% на всей длине. Для выполнения всех этих процедур использовался пакет программ USEARCH v.11 (Edgar, 2010). Таксономическую идентификацию ОТЕ проводили с использованием алгоритма VSEARCH v.2.14.1 по базе данных SILVA v.138 (Rognes et al., 2016). Последовательности фрагментов гена 16S рРНК депонированы в базе NCBI Sequence Read Archive (SRA) и доступны через BioProject PRJNA945245.

Данные химического анализа сточных вод показали, что применяемая технология UCT позволяет эффективно удалить из сточных вод органические вещества (характеризуется биологическим и химическим потреблением кислорода), азот и фосфор (табл. 1).

Для характеристики состава сообществ было использовано 19750 и 14930 прошедших фильтрацию последовательностей фрагментов гена 16S рРНК для образцов сточной воды до и после очистки соответственно. На уровне вида в образцах было детектировано 1186 и 1467 ОТЕ. О более высоком разнообразии микробного сообщества очищенной воды свидетельствует и индекс Шеннон (5.45, в воде до очистки – 4.81).

Как и ожидалось, составы микробных сообществ сильно отличались. После очистки воды относительная численность 307 родов уменьшилась более чем в 2 раза, доли 306 родов увеличились более чем в 2 раза, а для 45 родов доли в сообществах существенно не изменились (изменения численности менее чем в 2 раза). В табл. 2

**Таблица 1.** Основные характеристики сточных вод

Показатель, единица измерения	Осветленная сточная вода	Очищенная сточная вода
Биохимическое потребление кислорода (за 5 сут инкубации), мг/дм <sup>3</sup>	183 ± 26	1.31 ± 0.18
Химическое потребление кислорода, мг/дм <sup>3</sup>	343 ± 51	58 ± 12
Ионы аммония, мг/дм <sup>3</sup>	52.6 ± 4.2	<0.05
Нитрат ионы, мг/дм <sup>3</sup>	<0.1	<0.1
Нитрит ионы, мг/дм <sup>3</sup>	<0.1	0.17 ± 0.02
Сульфат ионы, мг/дм <sup>3</sup>	53.3 ± 6.9	72.6 ± 9.4
Фосфат ионы, мг/дм <sup>3</sup>	8.4 ± 1.1	0.74 ± 0.10

приведены данные об относительной численности родов, составлявших не менее 1% микробиома, в образцах осветленной сточной воды до биологической очистки (ОСВ) и в очищенной воде (ОЧВ).

Среди бактерий, преимущественно детектированных в ОСВ, преобладали представители фекальной микробиоты, которых часто обнаруживают в сточных водах: *Collinsella* (Azcarate-Peril et al., 2021), *Bacteroides*, *Prevotella*, *Arcobacter* (Fisher et al., 2014) и близкие к нему рода семейства *Arcobacteraceae*, *Blautia* (Koskey et al., 2014), *Faecalibacterium*, *Veillonella* и др. К потенциальным патогенам относятся представители *Bacteroides*, *Arcobacteraceae*, *Streptococcus*, *Acinetobacter*, *Aeromonas* и *Veillonella* (Altwegg et al., 1989; Wexler, 2007; Collado et al., 2011; Antunes et al., 2014), суммарная доля которых в ОСВ составляла 44.5% микробиома. Все эти бактерии эффективно удалялись при очистке и составляли лишь 1.2% сообщества в ОЧВ. В частности, эффективность удаления *Arcobacter* составляла более 98%, хотя ранее сообщалось о низкой эффективности удаления этого патогена из сточных вод (Kristensen et al., 2020). Ранее проведенные исследования 14 установок по очистке коммунальных сточных вод в Дании показали, что доля *Arcobacter* в поступающей на очистку воде составляла от 0.9 до 15%, а в полностью очищенной воде – от 1.6 до 13%, причем в их числе были обнаружены патогенные для человека *A. cryaerophilus* и *A. butzleri*. Поэтому распространение патогенных представителей рода *Arcobacter* со сточными водами может быть серьезной проблемой (Kristensen et al., 2020). Вероятно, АИ в Московских очистных сооружениях хорошо адсорбирует клетки *Ar-*

*cobacter*, в отличие от АИ установок, исследованных Kristensen et al. (2020).

В микробиоме очищенной воды преобладали бактерии, характерные для активных илов очистных сооружений и играющие важную роль в удалении азота (*Nitrospira* и *Nitrosomonas*) и фосфора (*Dechloromonas*), а также гликоген-аккумулирующие бактерии *Ca. Competibacter*. Многочисленность этих функциональных групп согласуется с высокой эффективностью удаления азота и фосфора. Также были обнаружены микроорганизмы филумов *Bacteroidota* (env.OPS\_17), *Chloroflexi* (1-20, A4b класса *Anaerolineae*), *Proteobacteria* (*Chitinivorax*), *Nanoarchaeota* и *Patescibacteria*, входившие в число доминирующих групп в ранее охарактеризованных микробиомах активных илов московских очистных сооружений (Begmatov et al., 2022). По-видимому, эти бактерии размножаются в активном иле и, частично вымываясь из него, поступают в очищенную воду.

Таким образом, анализ состава микробных сообществ сточных вод на Люберецких очистных сооружениях показал, что все наиболее многочисленные в поступающей на очистку воде потенциальные патогены, включая представителей рода *Arcobacter*, удаляются с высокой эффективностью, их доли в микробиоме воды снижаются в 50–100 раз. Поскольку общая концентрация микроорганизмов в очищенной воде, как правило, на 2 порядка ниже, чем поступающих на очистку стоках (Kristensen et al., 2020), эффективность удаления патогенов оказывается еще выше.

**Таблица 2.** Изменение относительной численности доминирующих представителей микробных сообществ в результате очистки сточных вод

Филум	Род	Доля в ОСВ (%)	Доля в ОЧВ (%)
Рода, доля которых уменьшилась в очищенной воде			
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Collinsella</i>	1.52	0.04
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroides</i>	2.23	0.05
	<i>Cloacibacterium</i>	1.04	0.15
	<i>Macellibacteroides</i>	1.69	0.07
	<i>Prevotella_9</i>	1.11	0.03
	<i>Campylobacterota</i>	<i>Arcobacter</i>	13.89
<i>Campylobacterota</i>	Arcobacteraceae*	3.42	0.15
	<i>Pseudarcobacter</i>	1.66	0.05
	<i>Sulfurospirillum</i>	1.19	0.05
	<i>Firmicutes</i>	<i>Blautia</i>	2.22
<i>Faecalibacterium</i>		1.53	0.01
<i>Streptococcus</i>		12.30	0.23
<i>Trichococcus</i>		2.33	0.12
<i>Veillonella</i>		1.68	0.02
<i>Fusobacteriota</i>		<i>Hypnocyclicus</i>	1.94
<i>Proteobacteria</i>	<i>Acinetobacter</i>	6.71	0.35
	<i>Aeromonas</i>	2.59	0.16
	<i>Tolumonas</i>	1.26	0.01
<b>Итого</b>		<b>60.30</b>	<b>1.80</b>
Рода, доля которых увеличилась в очищенной воде			
<i>Bacteroidota</i>	env.OPS_17	0.03	1.02
<i>Chloroflexi</i>	1-20	0.06	1.39
	A4b	0.02	1.45
<i>Цyanobacteria</i>	Ancylothrix_8PC	0.00	1.23
	Tychonema_CCAP_1459-11B	0.00	2.98
<i>Nanoarchaeota</i>	Woearchaeales	0.11	7.01
<i>Nitrospirota</i>	<i>Nitrospira</i>	0.18	3.68
<i>Patescibacteria</i>	Ca. Nomurabacteria	0.09	2.71
<i>Proteobacteria</i>	Ca. Competibacter	0.51	11.30
	<i>Chitinivorax</i>	0.01	1.32
	<i>Dechloromonas</i>	0.77	1.90
	<i>Nitrosomonas</i>	0.03	2.57
<b>Итого</b>		<b>1.80</b>	<b>38.55</b>

\* Отдельный род семейства *Arcobacteraceae* в таксономии SILVA v.138.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (грант 22-74-00022, характеристика сточных вод и молекулярный анализ микробных сообществ) и Министерства науки и высшего образования Российской Федерации.

СОБЛЮДЕНИЕ ЭТИЧЕСКИХ СТАНДАРТОВ

Настоящая статья не содержит результатов исследований, в которых в качестве объектов использовались люди или животные.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ.

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

ВКЛАД АВТОРОВ

Ш.А. Бегматов – выделение метагеномной ДНК, анализ последовательностей генов 16S рРНК, подготовка статьи; А.В. Марданов – секвенирование генов 16S рРНК; А.Г. Дорофеев и Н.В. Пименов – отбор образцов; Н.В. Равин – анализ данных и подготовка статьи.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Загайнова А.В., Асланова М.М., Курбатова И.В., Ракова В.М., Федец З.Е., Пай Г.В., Грицюк О.В., Панькова М.Н., Ножвилов К.А., Абрамов И.А., Иванова П.А., Недачин А.Е., Автономова А.А., Стародубова Н.Ю., Савостикова О.Н. Оптимизация методов санитарно-микробиологического и санитарно-паразитологического контроля сточных вод // Гигиена и санитария. 2022. Т. 101. С. 545–555.

Altwegg M., Geiss H.K. *Aeromonas* as a human pathogen // Crit. Rev. Microbiol. 1989. V. 16. P. 253–286.

Antunes L.C, Visca P., Townner K.J. *Acinetobacter baumannii*: evolution of a global pathogen // Pathog Dis. 2014. V. 71. P. 292–301.

Azcarate-Peril M.A., Roach J., Marsh A., Chey W.D., Sandborn W.J., Ritter A.J., Savaiano D.A., Klaenhammer T.R. A double-blind, 377-subject randomized study identifies *Ruminococcus*, *Coprococcus*, *Christensenella*, and *Collinsella* as long-term potential key players in the modulation of the gut microbiome of lactose intolerant individuals by galacto-oligosaccharides // Gut Microbes. 2021. V. 13. Art. 1957536. <https://doi.org/10.1080/19490976.2021.1957536>

Begmatov S., Dorofeev A.G., Kadnikov V.V., Beletsky A.V., Pimenov N.V., Ravin N.V., Mardanov A.V. The structure of microbial communities of activated sludge of large-scale wastewater treatment plants in the city of Moscow // Sci. Rep. 2022. V. 12. Art. 3458. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-07132-4>

Collado L., Figueras M.J. Taxonomy, epidemiology, and clinical relevance of the genus *Arcobacter* // Clin. Microbiol. Rev. 2011. V. 24. P. 174–192.

Di Cesare A., De Carluccio M., Eckert E.M., Fontaneto D., Fiorentino A., Corno G., Prete P., Cucciniello R., Proto A., Rizzo L. Combination of flow cytometry and molecular analysis to monitor the effect of UVC/H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> vs UVC/H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>/Cu-IDS processes on pathogens and antibiot-

ic resistant genes in secondary wastewater effluents // Water Res. 2020. V. 184. Art. 116194. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2020.116194>

Edgar R.C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST // Bioinformatics. 2010. V. 26. P. 2460–2461.

Fisher J.C., Levican A., Figueras M.J., McLellan S.L. Population dynamics and ecology of *Arcobacter* in sewage // Front. Microbiol. 2014. V. 5. Art. 525. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00525>

Frey B., Rime T., Phillips M., Stierli B., Hajdas I., Widmer F., Hartmann M. Microbial diversity in European alpine permafrost and active layers // FEMS Microbiol. Ecol. 2016. V. 92. Art. fiw018. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiw018>

Frigon D., Biswal B.K., Mazza A., Masson L., Gehr R. Biological and physicochemical wastewater treatment processes reduce the prevalence of virulent *Escherichia coli* // Appl. Environ. Microbiol. 2013. V. 79. P. 835–844.

Hultman J., Tamminen M., Pärnänen K., Cairns J., Karkman A., Virta M. Host range of antibiotic resistance genes in wastewater treatment plant influent and effluent // FEMS Microbiol. Ecol. 2018. V. 94. Art. fiy038. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiy038>

Karaolia P., Vasileiadis S., Michael S., Karpouzias D., Fatta-Kassinos D. Shotgun metagenomics assessment of the resistome, mobilome, pathogen dynamics and their ecological control modes in full-scale urban wastewater treatment plants // J. Hazard. Mater. 2021. P. 418. Art.126387. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2021.126387>

Koivunen J., Siitonen A., Heinonen-Tanski H. Elimination of enteric bacteria in biological-chemical wastewater treatment and tertiary filtration units // Water Res. 2003. V. 37. P. 690–698.

Koskey A.M., Fisher J.C., Eren A.M., Ponce-Terashima R., Reis M.G., Blanton R.E., McLellan S.L. *Blautia* and *Prevotella* sequences distinguish human and animal fecal pollution in Brazil surface waters // Environ. Microbiol. Rep. 2014. V. 6. P. 696–704. <https://doi.org/10.1111/1758-2229.12189>

Kristensen J.M., Nierychlo M., Albertsen M., Nielsen P.H. Bacteria from the genus *Arcobacter* are abundant in effluent from wastewater treatment plants // Appl. Environ. Microbiol. 2020. V. 86. Art. e03044-19. <https://doi.org/10.1128/AEM.03044-19>

Magoc T., Salzberg S. FLASH: Fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies // Bioinformatics. 2011. V. 27. P. 2957–2963.

Mølgaard K., Nickelsen C., Jansen J. Hygienic quality of wastewater from municipal treatment plant. Report no. 684. Danish Environmental Protection Agency, Odense, Denmark. 2002. <https://www2.mst.dk/udgiv/publikationer/2002/87-7972-078-1/pdf/87-7972-080-3.pdf>

Rognes T., Flouri T., Nichols B., Quince C., Mahé F. VSEARCH: a versatile open source tool for metagenomics // PeerJ. 2016. V. 4. <https://doi.org/10.7717/peerj.2584>

Shchegolkova N.M., Krasnov G.S., Belova A.A., Dmitriev A.A., Kharitonov S.L., Klimina K.M., Melnikova N.V., Kudryavtseva A.V. Microbial community structure of activated sludge in treatment plants with different wastewater compositions // Front. Microbiol. 2016. P. 7. Art. 90. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00090>

Wexler H.M. *Bacteroides*: the good, the bad, and the nitty-gritty // Clin. Microbiol. Rev. 2007. V. 20. P. 593–621.

## High Efficiency of Removal of Pathogenic Microorganisms at Wastewater Treatment Plants in the City of Moscow

Sh. A. Begmatov<sup>1, \*</sup>, A. G. Dorofeev<sup>2</sup>, N. V. Pimenov<sup>2</sup>, A. V. Mardanov<sup>1</sup>, and N. V. Ravin<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Institute of Bioengineering, Research Center of Biotechnology, Russian Academy of Sciences, Moscow, 119071 Russia*

<sup>2</sup>*Winogradsky Institute of Microbiology, Research Center of Biotechnology, Russian Academy of Sciences, Moscow, 119071 Russia*

\*e-mail: shabegmatov@gmail.com

Received April 3, 2023; revised April 6, 2023; accepted April 6, 2023

**Abstract**—While most pathogenic bacteria are efficiently removed from wastewater during biological treatment, some pathogens, notably *Arcobacter*, may be abundant in the purified water. Using 16S rRNA gene profiling, the composition of microbial communities of municipal wastewater in the city of Moscow was studied before and after biological purification at the Lyubertsy wastewater treatment plant. Fecal contaminants of the genera *Acinetobacter*, *Aeromonas*, *Arcobacter*, *Bacteroides*, *Streptococcus*, and *Veillonella*, which include human pathogens, predominated in the influent wastewater. After treatment, the relative abundance of these bacteria decreased by 50–100 times. Predominant organisms in the microbiome of the effluent water were bacteria characteristic of activated sludge, including the nitrifiers of the genera *Nitrospira* and *Nitrosomonas*, as well as phosphate- and glycogen-accumulating microorganisms. Thus, pathogenic bacteria, including *Arcobacter*, are effectively removed at the Moscow wastewater treatment plant.

**Keywords:** wastewater, pathogen, microbial community, molecular analysis