

О результатах научно-исследовательских работ в области бактериологических исследований, полученных в рамках Федеральной целевой программы «Национальная система химической и биологической безопасности Российской Федерации (2015–2020 годы)»

В реализации данной части программы принимали участие: ФБУН ГНЦ ПМБ (координатор НИОКР среди НИИ Роспотребнадзора), ФКУЗ РосНИПЧИ «Микроб», ФКУЗ Иркутский научно-исследовательский противочумный институт, ФКУЗ Ростовский-на-Дону противочумный институт, ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт, ФКУЗ Ставропольский противочумный институт, ФБУН НИИЭМ им. Пастера, ФБУН ЦНИИ эпидемиологии, ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» (вирусологические исследования), ФБУН ННИИЭМ им. академика И.Н.Блохиной.



Данное сообщение посвящено анализу выполненных научно-исследовательских работ в области бактериологии, в основном особо опасных и социально значимых инфекций. Результаты распределены по направлениям, обозначенным в Федеральной целевой программе.

Разработка и оптимизация средств и методов идентификации и дифференциации возбудителей особо опасных инфекций (ООИ) на основе данных о разнообразии геномов

В рамках данной тематики с помощью биоинформационных баз данных и программ проанализирована информация об особенностях нуклеотидных последовательностей штаммов и видов целевых микроорганизмов. В результате работы подобраны специфичные для возбудителей чумы, холеры, легионеллеза, сапа, мелиоидоза, бруцеллеза ДНК-мишени, олигонуклеотидные праймеры и зонды, которые использованы для разработки методов их выявления, генетического типирования и дифференциации, а именно: проведены подбор и оптимизация компонентов и условий для выявления и внутривидовой дифференциации штаммов чумного микроба методом мультилокусной полимеразной цепной реакции (ПЦР) в формате биочипа (МЛ ПЦР-Чип); выбраны 12 хромосомных и плазмидных ДНК-мишеней (локусы *Za*, *yihN*, *pla*, *caf1*, *irp2*, *hmsH*, *lcrV*, *45*, *89*, *Med(-24)*, *Med(-70)*, *glpD(-93)*, *Pro*, *Phage*), рассчитаны праймеры для них, оптимизированы слайды для иммобилизации зондов, буферы для печати и гибридизации; эффективность компонентов подтверждена на 22 штаммах основного и неосновного подвидов; проведены подбор и оптимизация компонентов (в частности, праймеров и зондов к ДНК-мишеням *lolB*, *wbeN*, *wbfR*, а также *seqY*, *hlyA*) для выявления и дифференциации возбудителей холеры и актуальных острых кишечных инфекций, в частности сальмонеллезов и кампилобактериозов, путем амплификации нуклеиновых кислот, включая мультилокусный формат; проведены подбор и оптимизация компонентов и условий для ге-

нетического типирования штаммов возбудителя чумы методом мультилокусного VNTR-анализа на 15 локусах; подобраны компоненты (в частности, праймеры и зонды к ДНК-мишеням *sdhA*, *ftsZ*, *16SrDNA*, а также *dotA*, *lvrA(lvhD)*) и оптимизированы условия для выявления и дифференциации легионелл методом ПЦР с гибридизационно-флуоресцентным учетом результатов в режиме реального времени (ПЦР РВ); на основе анализа геномных последовательностей 86 штаммов *Burkholderia pseudomallei* сформированы схемы *sg/wg* MLST для внутривидовой дифференциации штаммов возбудителей мелиоидоза методом фрагментного анализа; подобраны и получены компоненты (в частности, праймеры и зонды к ДНК-мишеням *bcsrp31*(*Brucella*), *BMEI10847*(*melitensis*), *sodA*, *smc(abortus)*) и оптимизированы условия для генетического типирования штаммов возбудителя бруцеллеза путем амплификации целевых локусов INDEL и VNTR.

В ходе выполнения данной НИОКР на основании данных полногеномного секвенирования адаптированы для эффективного генотипирования возбудителей ООИ методы фрагментного анализа нуклеиновых кислот, что позволит проводить на новом уровне точности их внутривидовую дифференциацию.

Новые данные о генетическом разнообразии патогенных микроорганизмов на клональном, штаммовом и видовом уровнях могут быть использованы для оценки рисков возникновения вспышек инфекций в рамках деятельности по контролю за инфекционными заболеваниями.

Разработка линейки тест-систем лабораторного и полевого применения для экспресс-диагностики инфекций, вызываемых патогенными биологическими агентами (ПБА) I–II групп патогенности, с использованием гено- и иммунодиагностических технологических платформ

В рамках данной темы проведены выбор, получение и оптимизация компонентов и условий: для выявления возбудителя Ку-лихорадки в тесте ПЦР; для выявления возбудителя Ку-лихорадки в иммуноферментном анализе (ИФА); для выявления антител к возбудителю туляремии в иммунохроматографическом анализе. Оформлены соответствующие протоколы.

Выполнены конструирование и опытно-экспериментальные исследования компонентов пробоподготовки для одновременного выявления 5 возбудителей особо опасных бактериальных патогенов с использованием реакции петлевой изотермической амплификации (LAMP). Получен и оптимизирован набор компонентов пробоподготовки на наномангнитных частицах (НМЧ) для LAMP-тестов, исследована эффективность использования пробоподготовки на НМЧ для LAMP-тестов на возбудителей ООИ. Проведены выбор и получение антигенных компонентов мультиплексных иммуночипов для быстрого обнаружения антител к вирусам I–II групп патогенности: сравнительный анализ антигенов филовирюсов с целью выявления видоспецифических фрагментов.

С помощью биоинформационных баз данных и программ проанализирована имеющаяся информация об особенностях генома *Coxiella burnetii* и выявлены высокоспецифичные консенсусные участки генетических мишеней, для амплификации которых сконструированы системы олигонуклеотидных праймеров и флуоресцентных зондов. На их основе разработан диагностический ПЦР-тест для выявления *C. burnetii*. Получен антиген *C. burnetii*, применение которого обеспечивает специфическую активность разрабатываемого диагностического ИФА-теста для выявления антител к *C. burnetii*. Подобраны специфичные компоненты иммунохроматографического теста для выявления антител к возбудителю туляремии. Сконструированы компоненты наборов пробоподготовки с использованием НМЧ для одновременного выявления 5 возбудителей ООИ в реакции LAMP. Для разработки диагностической системы, предназначенной для выявления антител к возбудителям вирусных заболеваний I–II групп патогенности, проведен анализ литературных данных о потенциальных белковых вирусных антигенах. Оценена диагностическая ценность различных вирусных антигенов, для наиболее перспективных проведена оптимизация нуклеотидных последовательностей кодирующих их генов под конкретные системы экспрессии, а также получены генетические конструкции, содержащие фрагменты ДНК, кодирующие целевые белки.

Впервые получены новые данные о возможностях экспресс-диагностики ООИ по генетическим и иммунологическим маркерам. Разработаны диагностические тест-системы на основе ПЦР РВ для выявления *C. burnetii*, ИФА – для серодиагностики Ку-лихорадки, иммунохроматографии – для серодиагностики туляремии. Показана возможность эффективного использования пробоподготовки на НМЧ для одновременного выявления возбудителей ООИ методом LAMP.

Разработка и внедрение в медицинскую практику современных методов, обладающих высокой информативностью и производительностью для осуществления одновременной диагностики целого ряда инфекционных заболеваний, позволит повысить качество и доступность диагностических услуг населению, будет способствовать росту уровня отечественного здравоохранения в целом. Применение результатов данной работы позволит проводить раннее диагностирование инфекционных заболеваний, предотвращая угрозу их распространения.

Совершенствование нормативно-методической базы процедуры депонирования штаммов патогенных микроорганизмов, клеточных культур и результатов их исследований в Государственных коллекциях Роспотребнадзора

При выполнении работ по данной тематике на основе выбранного программного обеспечения создана структура информационного банка данных результатов научных исследований штаммов патогенных микроорганизмов и клеточных культур в Государственных коллекциях патогенных микроорганизмов Роспотребнадзора. Подготовлен проект методических рекомендаций «Порядок организации и управление информационным банком данных результатов научных исследований штаммов патогенных микроорганизмов и клеточных культур в Государственных коллекциях патогенных микроорганизмов Роспотребнадзора».

Определены современные методические подходы к идентификации и установлению аутентичности коллекционных штаммов патогенных микроорганизмов и клеточных культур в Государственных коллекциях патогенных микроорганизмов Роспотребнадзора; подготовлена аналитическая справка. Выполнено формирование базы данных результатов научных исследований штаммов патогенных микроорганизмов и клеточных культур из Государственных коллекций патогенных микроорганизмов Роспотребнадзора. Оформлены паспорта коллекционных штаммов бактерий и вирусов I–II групп патогенности и клеточных культур.

Разработка методологии идентификации возбудителей особо опасных инфекций в биологическом материале, содержащем смесь патогенных биологических агентов

В рамках данной тематики созданы 3 базы данных, включающие характерные варианты последовательностей ДНК *Bacillus anthracis*, *Francisella tularensis* и *Vibrio cholerae*. Создана программа MetaAnalyzer 2.0 для работы с базой данных характерных вариантов последовательностей ДНК *V. cholerae*.

Разработаны методические рекомендации «Алгоритм анализа метагеномных данных, позволяющего выявлять в сложных образцах присутствие ДНК *Bacillus anthracis*, *Francisella tularensis*, *Vibrio cholerae*» учрежденческого уровня. Получены протоколы создания сложных модельных образцов с концентрациями ДНК *B. anthracis*, *F. tularensis* и *V. cholerae* менее 1% от ДНК других микроорганизмов и протоколы оценки эффективности обнаружения в сложных образцах присутствия ДНК *B. anthracis*, *F. tularensis* и *V. cholerae*, а также протоколы создания сложных модельных образцов, содержащих ДНК возбудителей кишечных инфекций II–IV групп патогенности (возбудители холеры, возбудители эшерихиозов, стафилококки, листерии, клостридии, сальмонеллы, патогенные вирусы), и соответствующие протоколы оценки эффективности обнаружения в сложных образцах присутствия ДНК возбудителей инфекций II–V групп патогенности. Подготовлена аналитическая справка «Особенности анализа метагеномных образцов, содержащих новые и редкие возбудители инфекционных заболеваний».

В результате выполненного исследования созданы и представлены 3 базы данных (электронные варианты): база данных, включающая характерные варианты последовательностей ДНК *Burkholderia* spp.; база данных, включающая характерные варианты последовательностей ДНК *Brucella* spp.; база данных, включающая характерные варианты последовательностей нуклеиновых кислот, характерных для патогенных вирусов. Разработана модельная система, позволяющая оценить эффективность обнаружения в сложных образцах присутствия нуклеиновых кислот, принадлежащих *Burkholderia* spp., *Brucella* spp., патогенным вирусам.

Проведен анализ геномов штаммов ПБА I–II групп бактериальной и вирусной этиологии, представляющих наибольшую актуальность для обеспечения биологической безопасности. Создана база данных, включающая характерные варианты последовательностей нуклеиновых кислот различных ПБА I–II групп бактериальной и вирусной природы, предназначенная для идентификации ПБА I–II групп бактериальной и вирусной этиологии, представляющих наибольшую актуальность для обеспечения биологической безопасности.

Осуществлен выбор параметров для картирования данных метагеномных исследований, направленных на исследование образцов, подозрительных на наличие патогенов бактериальной либо вирусной природы с известной таксономической принадлежностью; универсальных параметров для картирования данных высокопроизводительного секвенирования, полученных при исследовании образцов, содержащих возбудителей инфекционных заболеваний неясной этиологии; критериев оценки достоверности обнаружения в исследуемых образцах присутствия возбудителей инфекционных заболеваний, наиболее актуальных для обеспечения биологической безопасности.

Создание новой технологической платформы для получения нативных человеческих терапевтических моноклональных антител (МКА) к опасным токсинам и особо опасным инфекциям бактериальной и вирусной природы

При выполнении работ по данной тематике проведено определение иммунного статуса добровольцев, вакцинированных против сибирской язвы и клещевого энцефалита, для выбора доноров иммунокомпетентных клеток с целью последующего слияния. Проанализированы сыворотки крови 28 доноров, иммунизированных против клещевого энцефалита, и 10 доноров, иммунизированных против сибирской язвы, на взаимодействие с вирусом клещевого энцефалита и компонентами летального токсина соответственно. Оформлен протокол исследований.

Отработана технология получения гетерогридом человек–мышь. Для проведения экспериментов по слиянию и получению гибридных клонов отобраны образцы сывороток крови 12 добровольцев, вакцинированных против клещевого энцефалита, с титрами антител IgG от 1:1600 до 1:200, и 4 добровольцев, вакцинированных против сибиреязвенной инфекции. С использованием методологии клеточного сортирования для отбора плазмобластов, технологий розеттинга, иммортализации вирусом Эпштейна–Барр и процедуры электрослияния было проведено конструирование гетерогридом человек–мышь. Оформлены паспорта гетерогридом – продуцентов нативных человеческих МКА.

Проведен отбор специфических клонов терапевтических МКА к протективному антигену и летальному фактору летального токсина сибирской язвы и антигенным белкам вируса клещевого энцефалита. Оформлен протокол селекции клонов-продуцентов. Проведен скрининг продуцентов нативных человеческих МКА. Из 29 криоконсервированных клонов тригибридом на основании данных ИФА и токсиннейтрализующей активности клонов МКА в *in vitro* тесте против летального токсина *B. anthracis* и против вируса клещевого энцефалита выбрано 19 стабильных клонов продуцентов МКА. Получены рекомбинантные белки к III и IV доменам протективного антигена возбудителя сибирской язвы. Определена специфическая активность клонов МКА в отношении компонентов летального токсина – полноразмерных рГА и рЛФ *B. anthracis*, а также доменная специфичность МКА против III и IV доменов рГА. Синтезируемые клонами МКА охарактеризованы по классовой принадлежности и аффинности. Подобраны и описаны оптимальные условия культивирования тригибридных клеточных линий продуцентов МКА, позволяющих получить высокие показатели продукции нативных человеческих терапевтических антител. На основании оптимизации условий культивирования разработан протокол продукции МКА тригибридными клеточными линиями в динамическом режиме.

Разработаны технология пилотного культивирования гибридных клонов и выделения нейтрализующих человеческих моноклональных антител из культуральной жидкости и технология очистки нейтрализующих человеческих МКА методами высокоэффективной жидкостной хроматографии (ВЭЖХ). Оформлен протокол выделения и очистки токсин-нейтрализующих человеческих антител и человеческих антител, нейтрализующих вирус клещевого энцефалита. Исследованы способность нейтрализации человеческими МКА действия летального токсина на мышах линии BALB/c и способность нейтрализации человеческими МКА вируса клещевого энцефалита на беспородных мышах.

Оформлены: протокол исследований по нейтрализации инфекции клещевого энцефалита с помощью человеческих МКА на модели мышей; протокол исследований по нейтрализации действия летального токсина с помощью человеческих МКА на модели мышей линии BALB/c; паспорта клонов, обладающих высокоэффективной продукцией антител, специфически нейтрализующих действие сибиреязвенного токсина и вируса клещевого энцефалита *in vivo*.

В рамках выполнения НИР предложено техническое решение для создания экономически эффективного способа получения панелей полностью человеческих МКА к антигенам патогенных бактерий и вирусов. Использование мышинных моделей позволяет выбрать тригибри-

домы, синтезирующие антитела с высокой токсиннейтрализующей активностью в отношении сибиреязвенного токсина и вируса клещевого энцефалита. Оптимизация культивирования тригибридом с использованием микроносителя в среде культивирования позволяет увеличить выход продукта в 2,5 раза.

В продолжение предыдущей тематики были выполнены исследования в рамках НИОКР «Разработка технологии получения очищенных терапевтических моноклональных антител человека», в рамках которой получены и очищены методами хроматографии рекомбинантные полноразмерные протективный антиген и летальный фактор *B. anthracis*, а также их домены. Получены меченые флюоресцентным красителем рекомбинантные протективный антиген и летальный фактор *B. anthracis*.

Получены данные об уровне антител, специфичных к протективному антигену *B. anthracis*, в сыворотках крови доноров, иммунизированных вакциной сибиреязвенной живой сухой, токсиннейтрализующей активности исследуемых сывороток в отношении летального токсина *B. anthracis*, на основании которых будут выбраны доноры для получения плазмобластов. Отработана методология стерильного сортирования плазмобластов в щадящем для клеток режиме. Проведены фенотипирование и селекция единичных плазмобластов, специфических к протективному антигену возбудителя сибирской язвы из популяции В-лимфоцитов, полученных методом негативной селекции.

В результате выполненных работ оптимизирована технология селекции единичных плазмобластов человека из крови вакцинированных против сибирской язвы доноров. Ключевыми элементами технологии являются: 1) селективное выделение В-лимфоцитов в жидкой фазе из образцов крови; 2) фенотипирование плазмобластов в крови вакцинированных доноров; 3) оптимизация условий единичного сортирования плазмобластов. Оформлен протокол селекции специфических плазмобластов против инфекционных агентов на примере *B. anthracis*.

В рамках выполнения НИР предложено техническое решение для создания экономически эффективного способа получения последовательностей, кодирующих вариабельные участки специфически активных иммуноглобулинов человека с целью их дальнейшего использования для получения человеческих МКА. На основании фенотипических характеристик В-лимфоцитов предложено проводить единичный сортирование плазмобластов методом проточной цитометрии. Для получения В-лимфоцитов используют кровь доноров на 6–7-е сутки после иммунизации вакциной сухой сибиреязвенной живой. Применение единичного сортирования плазмобластов значительно упрощает дальнейшее получение и селекцию экспрессионных векторов.

Таким образом, разработана высокочувствительная экспресс-система скрининга и сортирования специфических плазмобластов (препродуцентов антител), основанная на селекции клеток, экспрессирующих маркеры плазмобластов и антитела к протективному антигену *B. anthracis*. Данный метод позволит получить специфические плазмобласты в течение 4 ч. Оптимизированная технология может быть использована в дальнейшем при конструировании человеческих и химерных МКА.

Получены данные о технологии клонирования последовательностей, кодирующих вариабельные части человеческого иммуноглобулина G, из одной клетки-плазмобласта, создания вектора, оптимизации условий трансфекции и культивирования клеток-продуцентов с последующей очисткой моноклональных антител методами ВЭЖХ.

Проведено определение первичной структуры специфических человеческих антител. В составе промежуточного отчета представлено описание последовательностей кДНК, кодирующей синтез IgG, специфических к токсину *B. anthracis*. Осуществлена оптимизация процесса синтеза терапевтических МКА человека. Оформлен «Лабораторный регламент наработки терапевтических моноклональных антител человека ЛР 78095326-224-2019».

Проведена оптимизация процесса выделения терапевтических МКА человека. Оформлен «Лабораторный регламент хроматографического выделения терапевтических моноклональных антител человека ЛР 78095326-225-2019».

Проанализирована токсиннейтрализующая активность МКА в системе *in vitro* с использованием перевиваемой макрофагоподобной клеточной линии J774A.1. В мышинной модельной системе проведена оценка нейтрализующей активности МКА против летального токсина сибиреязвенного микроба. Данные о токсиннейтрализующей активности МКА в отношении сибиреязвенного токсина в системе *in vitro* на перевиваемой клеточной линии J774A.1 и в системе *in vivo* на мышах представлены в виде раздела в составе отчета.

На основании данных о токсиннейтрализующей активности антител выбраны наиболее эффективные клоны-продуценты. Нарботано два образца человеческих МКА, оформлены акт наработки и паспорта.

Использование современных омиксных и генно-инженерных технологий для характеристики фондовых культур бактерий и вирусов из состава Государственных коллекций патогенных микроорганизмов Роспотребнадзора

В рамках данной тематики проведена разработка технологии определения полных последовательностей бактериальных хромосом и плазмид у штаммов *Yersinia pestis*. Выполнено гибридное секвенирование трех штаммов чумного микроба с использованием технологий мономолекулярного гибридного секвенирования (MinION) и секвенирования путем синтеза (Illumina). Показана высокая эффективность совместного использования данных молекулярного нанопорового секвенирования и данных, полученных при секвенировании посредством синтеза, для реконструкции последовательностей бактериальной хромосомы. Представлены: протоколы гибридного секвенирования штаммов *Y. pestis*; протоколы реконструкции полных последовательностей хромосом и плазмид штаммов *Y. pestis*.

Выполнено полногеномное секвенирование 25 штаммов бактерий I–II группы патогенности и 10 штаммов вирусов из коллекционных фондов Государственных коллекций патогенных микроорганизмов Роспотребнадзора. Представлены полученные в результате секвенирования паспорта геномных последовательностей 10 штаммов патогенных вирусов и 25 патогенных бактерий; полный набор нуклеотидных последовательностей 25 штаммов патогенных бактерий в формате FASTQ; полный набор нуклеотидных последовательностей 10 штаммов вирусов в формате FASTA.

Проведена разработка прототипа интерактивного каталога штаммов микроорганизмов, депонированных в Государственных коллекциях патогенных микроорганизмов Роспотребнадзора. Проект интерактивного каталога штаммов микроорганизмов из Государственных коллекций патогенных микроорганизмов Роспотребнадзора представлен в составе отчета. Для совершенствования учета штаммов, депонированных в Государственных коллекциях патогенных микроорганизмов Роспотребнадзора, подготовлен проект регистрации и алгоритм обработки запросов для создания интерактивного каталога. Разработан проект интерфейса интерактивного электронного каталога.

Проведена разработка технологии определения полных последовательностей бактериальных хромосом и плазмид у штаммов *Y. pestis*, *B. anthracis*, *F. tularensis*, *V. cholerae*. Осуществлено наполнение интерактивного каталога штаммов микроорганизмов, депонированных в Государственных коллекциях патогенных микроорганизмов Роспотребнадзора, данными экспериментальных исследований по изучению биологических свойств бактерий и вирусов. Интерактивный каталог, дополненный результатами научных исследований, представлен в составе промежуточного отчета.

Выполнено полногеномное секвенирование штаммов микроорганизмов из фондов Государственных коллекций патогенных микроорганизмов (не менее 150 штаммов). Оформлены паспорта геномных последовательностей штаммов бактерий и вирусов (не менее 150 штаммов).

Проведена разработка технологии мобильной экспресс-идентификации штаммов *Y. pestis*, *B. anthracis*, *F. tularensis*, *V. cholerae*, а также патогенных вирусов в биологических жидкостях и материалах окружающей среды с использованием мономолекулярного секвенирования на основании метагеномного подхода. Проведена разработка методов идентификации изменения экспрессии бактериальных генов, ассоциированных с вирулентностью. Оформлены протоколы РНК-секвенирования бактериальных культур, депонированных в Государственных коллекциях патогенных микроорганизмов Роспотребнадзора (не менее 8 протоколов).

Проведена разработка технологии определения полных последовательностей бактериальных хромосом и плазмид у штаммов *Burkholderia mallei*, *Burkholderia pseudomallei*, *Brucella melitensis*, *Brucella abortus*, *Brucella suis*.

Выполнено полногеномное секвенирование не менее 200 штаммов бактерий и вирусов из фондов Государственных коллекций патогенных микроорганизмов Роспотребнадзора. Оформлено не менее 200 паспортов геномных последовательностей штаммов. На электронном носителе информации представлен каталог нуклеотидных последовательностей CRISPR-Cas системы у штаммов возбудителей особо опасных инфекций, депонированных в Государственных коллекциях патогенных микроорганизмов Роспотребнадзора.

Разработана технология мобильной экспресс-идентификации штаммов *Burkholderia* spp., *Brucella* spp., веротоксинпродуцирующих штаммов *Escherichia coli* в биологических жидкостях и материалах окружающей среды с использованием мономолекулярного секвенирования на основании метагеномного подхода. Оформлены протоколы идентификации штаммов

в биологических жидкостях и материалах окружающей среды с применением мобильной системы, основанной на использовании мономолекулярного секвенирования, для штаммов *B. mallei*, *B. pseudomallei*, *B. melitensis*, *B. abortus*, *B. suis* и веротоксинпродуцирующих штаммов *E. coli*. Разработан и оформлен проект методических рекомендаций «Экспресс-идентификация возбудителей особо опасных инфекций на основании метагеномного подхода с использованием технологии мономолекулярного секвенирования».

Осуществлена разработка методов идентификации изменения статуса метилирования бактериальной ДНК штаммов патогенных бактерий, депонированных в Государственных коллекциях патогенных микроорганизмов Роспотребнадзора. Проведен анализ статуса метилирования хромосом и плазмид штаммов патогенных бактерий, депонированных в Государственных коллекциях патогенных микроорганизмов Роспотребнадзора; оформлено не менее 8 протоколов анализа статуса метилирования ДНК методом мономолекулярного секвенирования.

В результате выполнения научно-исследовательских работ по данной Федеральной целевой программе было разработано 28 диагностических, профилактических и лекарственных препаратов, находящихся на разных уровнях утверждения и внедрения. Кроме того, создано, усовершенствовано или освоено множество современных методов исследования патогенов, генно-инженерных технологий конструирования важных для диагностики и профилактики биомолекул, внедрены биоинформационные технологии. Эти обстоятельства позволяют считать, что программа внесла существенный вклад в укрепление биологической безопасности страны и решение подобных задач программно-целевым методом существенно повышает результативность и практическую значимость научно-исследовательских и опытно-конструкторских работ.

В данном сообщении представлено краткое изложение основных результатов Федеральной целевой программы «Национальная система химической и биологической безопасности Российской Федерации (2015–2020 годы)», многие из которых стали заделом для формирования Государственной программы «Обеспечение химической и биологической безопасности Российской Федерации в 2021–2024 годах», в рамках которой будут продолжены научные и прикладные исследования в области санитарно-эпидемиологического благополучия государства.

*Директор ФБУН «Государственный научный центр прикладной микробиологии
и биотехнологии» Роспотребнадзора, академик РАН
И.А.Дятлов*