

Геномы штаммов *Klebsiella pneumoniae*, выделенных от пациентов многопрофильных стационаров в Республике Беларусь в 2016–2022 гг.

А.Е.Соломенцева¹, Е.В.Карпова², М.В.Фурсов¹, Д.В.Волков¹, А.А.Кисличкина¹,
Л.А.Шишкина¹, Д.В.Тапальский², Н.К.Фурсова¹

¹ФБУН «Государственный научный центр прикладной микробиологии и биотехнологии» Роспотребнадзора, Оболенск, Московская область, Российская Федерация;

²ГНУ «Институт физиологии Национальной академии наук Беларуси», Минск, Республика Беларусь

Представлены данные о результатах полногеномного секвенирования 140 клинических штаммов *Klebsiella pneumoniae*, выделенных в 2016–2022 гг. в четырех лечебных учреждениях Республики Беларусь. Показано, что все полученные полногеномные последовательности удовлетворяют общепринятым критериям оценки качества геномных сборок. Наиболее представленным (51,5%) среди 12 идентифицированных сиквенса-типов был ST395.

Ключевые слова: полногеномное секвенирование, *Klebsiella pneumoniae*, Республика Беларусь

Для цитирования: Соломенцева А.Е., Карпова Е.В., Фурсов М.В., Волков Д.В., Кисличкина А.А., Шишкина Л.А., Тапальский Д.В., Фурсова Н.К. Геномы штаммов *Klebsiella pneumoniae*, выделенных от пациентов многопрофильных стационаров в Республике Беларусь в 2016–2022 гг. Бактериология. 2025; 10(2): 74–78. DOI: 10.20953/2500-1027-2025-2-74-78

Genomes of *Klebsiella pneumoniae* strains isolated from patients of multidisciplinary hospitals in the Republic of Belarus in 2016–2022

A.E.Solomentseva¹, E.V.Karpova², M.V.Fursov¹, D.V.Volkov¹, A.A.Kislichkina¹,
L.A.Shishkina¹, D.V.Tapalsky², N.K.Fursova¹

¹State Research Center for Applied Microbiology and Biotechnology of Rospotrebnadzor, Obolensk, Moscow region, Russian Federation;

²Institute of Physiology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus

The results of whole-genome sequencing of 140 *Klebsiella pneumoniae* clinical strains, isolated in 2016–2022 in four healthcare institutions of the Republic of Belarus, are presented. It is shown that all obtained whole-genome sequences meet the generally accepted criteria for assessing the quality of genome assemblies. Among the 12 identified sequence types, ST395 was the most prevalent.

Key words: whole genome sequencing, *Klebsiella pneumoniae*, Republic of Belarus

For citation: Solomentseva A.E., Karpova E.V., Fursov M.V., Volkov D.V., Kislichkina A.A., Shishkina L.A., Tapalsky D.V., Fursova N.K. Genomes of *Klebsiella pneumoniae* strains isolated from patients of multidisciplinary hospitals in the Republic of Belarus in 2016–2022. Bacteriology. 2025; 10(2): 74–78. (In Russian). DOI: 10.20953/2500-1027-2025-2-74-78

Для корреспонденции:

Соломенцева Александра Евгеньевна, младший научный сотрудник отдела коллекционных культур ФБУН «Государственный научный центр прикладной микробиологии и биотехнологии» Роспотребнадзора

Адрес: 142279, Московская область, г.о. Серпухов, р.п. Оболенск, территория «Квартал А», 24

Статья поступила 12.05.2025, принята к печати 30.06.2025

For correspondence:

Aleksandra E. Solomentseva, Junior Researcher, Culture Collections Dep., State Research Center for Applied Microbiology and Biotechnology of Rospotrebnadzor

Address: 24 "Quarter A" Territory, Obolensk, City District Serpukhov, Moscow Region, 142279, Russian Federation

The article was received 12.05.2025, accepted for publication 30.06.2025

K *lebsiella pneumoniae* – один из основных возбудителей инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи, в мире, выявляемый в 16–26% случаев госпитальных инфекций в Российской Федерации и в 14% случаев в Республике Беларусь [1–3]. Бактерии данного вида вызывают также и внебольничные инфекции различной локализации, в т.ч. пневмонию, сепсис, инфекции мочевыводящих путей, кожи, мягких тканей и др. [4, 5]. Штаммы *K. pneumoniae* характеризуются значительной генетической и фенотипической гетерогенностью, подразделяются на две эволюционно-генетические линии: классические *K. pneumoniae* (сКр) и гипервирулентные *K. pneumoniae* (hvКр) [6]. Клиническая значимость сКр тесно связана с феноменом быстрого распространения штаммов со множественной (MDR), экстремальной и пан-резистентностью, т.е. с устойчивостью ко многим или всем потенциально используемым в антибиотикотерапии препаратам (β-лактамам, включая карбапенемы, аминогликозидам, фторхинолонам, тетрациклинам, полимиксином и др.) [7]. *K. pneumoniae* включены в состав группы бактерий ESKAPE-патогенов (*Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* и *Enterobacter* spp.), представляющих значительную угрозу всемирному здравоохранению, которая усугубилась во время всемирной пандемии SARS-CoV-2 [8]. Штаммы hvКр характеризуются гипервирулентностью, ассоциированной с гипермукоидным фенотипом, повышенной способностью к биопленкообразованию, набором специфических генетических детерминант вирулентности (регулятор синтеза капсульных полисахаридов *trpA*; кластеры генов, определяющих капсульные типы K1,

K2, K5, K20, K57 и др.; гены сидерофоров энтеробактина, ерсиниабактина, салмохелина и азробактина; гены транспортной системы железа *kfu*, транспортера *Peg-344* и метаболизующей системы аллантина *allSR*) [9]. В последние годы появилось много фактов о продолжающейся эволюции *K. pneumoniae*, вследствие которой происходит объединение сКр и hvКр эволюционных ветвей данного патогена: описаны «гибридные формы» MDR-hvКр, характеризующиеся одновременно мультирезистентностью и гипервирулентностью [10, 11].

Появление и распространение клонов высокого риска, горизонтальный перенос плазмид, несущих множественные генетические детерминанты антибиотикорезистентности, формирование сложных многокомпонентных генетических островов в геномах эпидемических штаммов – механизмы, лежащие в основе возникновения современных штаммов *K. pneumoniae*, описанных в разных регионах мира, в т.ч. в Российской Федерации и Республике Беларусь [12–15].

Целью данной работы было получение и описание полногеномных последовательностей штаммов *K. pneumoniae* ($n = 140$), выделенных в 2016–2022 гг. в четырех лечебных учреждениях Республики Беларусь: Гомельской областной туберкулезной клинической больницы, г. Гомель ($n = 60$); Республиканском научно-практическом центре пульмонологии и фтизиатрии, г. Минск ($n = 31$); Витебской областной клинической больницы, г. Витебск ($n = 42$) и Могилевской больнице №1, г. Могилев ($n = 7$).

ДНК выделяли с использованием набора DNeasy UltraClean Microbial Kit (Qiagen, Хильден, Германия). Полногеномное секвенирование проводили на платформе GenoLab M, с использованием набора SG GM Plus («Сесана», Москва, Россия). Полученные единичные прочтения собирали в контиги с использованием программы Unicycler 0.5.0 (<https://github.com/rrwick/Unicycler>). Собранные *de novo* геномы аннотировали в базу данных GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>). Оценку качества собранных контигов проводили с помощью алгоритма CheckM2 (<https://github.com/chklovski/CheckM2>). MLST-типирование осуществляли по схеме BIGSdb (<https://pubmlst.org/software/bigsdb>) с помощью алгоритма *mlst* (<https://github.com/tseemann/mlst>). Филогенетический анализ проводили с помощью программ *Andi*, *FastME* и *GrapeTree* (<https://github.com/EvolBioInf/andi>, <https://gite.lirmm.fr/atgc/FastME/>, <https://github.com/achtman-lab/GrapeTree>).

Показано, что все полученные полногеномные последовательности удовлетворяют общепринятым критериям оценки качества геномных сборок, а именно: 1) полнота генома (процент покрытия полной генетической последовательности данного микроорганизма) составила >99,9%; 2) загрязнение генома (процент присутствия в секвенированном геноме чужеродной ДНК) находилось на уровне <2% [16]; 3) размеры геномов находились в диапазоне 5 390 002–5 780 256 п.о.; 4) значения GC-состава геномов составили 0,56–0,57%, что соответствует рекомендуемым значениям для *K. pneumoniae* (<https://bigsdb.pasteur.fr/klebsiella/genomes-quality-criteria/>) (таблица).

Наиболее представленным среди 12 сиквенс-типов был ST395 (51,5%), далее по убыванию – ST512 (16,4%), ST147 (9,3%), ST23 (9,3%), ST307 (4,3%), ST101 (3,6%), ST874

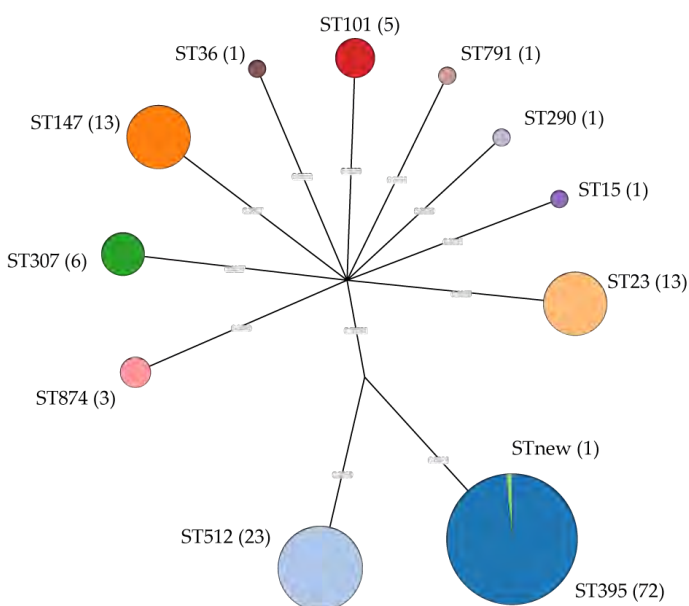


Рисунок. Филогенетическое дерево, построенное на основании 140 полногеномных последовательностей штаммов *K. pneumoniae* с помощью алгоритмов *Andi*, *FastME* и *GrapeTree* (<https://github.com/EvolBioInf/andi>, <https://gite.lirmm.fr/atgc/FastME/>, <https://github.com/achtman-lab/GrapeTree>).

Figure. Phylogenetic tree constructed based on 140 whole genome sequences of *K. pneumoniae* strains using the *Andi*, *FastME* and *GrapeTree* algorithms (<https://github.com/EvolBioInf/andi>, <https://gite.lirmm.fr/atgc/FastME/>, <https://github.com/achtman-lab/GrapeTree>).

Таблица. Геномы штаммов *K. pneumoniae*, выделенных из разных источников на территории Республики Беларусь в 2016–2022 гг.
Table. Genomes of *K. pneumoniae* strains isolated from different sources in the Republic of Belarus in 2016–2022

Город / City	Источник / Source of isolation	Годы / Years	Код доступа генома в базе данных GenBank / Genome access code in GenBank	ST (кол-во) / ST database (qty)	Полнота генома, % / Genome completeness, %	Загрязнение генома, % / Genome contamination, %	Размер генома, п.о. / Genome size, bp	GC состав, % / GC composition, %	Кол-во контигов / Number of contigs
Витебск / Vitebsk	Дыхательная система / Respiratory system	2016	SAMN48357025, SAMN48357027, SAMN48357028, SAMN48357029, SAMN48357030, SAMN48357032, SAMN48357033, SAMN48357034, SAMN48357035	395 (8), new (1)	100	0,18–0,77	5390002– 5520130	0,57	137–400
		2020	SAMN48356994, SAMN48356995, SAMN48356996, SAMN48356997, SAMN48356998, SAMN48356999, SAMN48357000, SAMN48357001, SAMN48357002, SAMN48357003, SAMN48357004, SAMN48357010, SAMN48357011, SAMN48357012, SAMN48357013, SAMN48357015, SAMN48357016, SAMN48357017, SAMN48357018, SAMN48357019, SAMN48357020, SAMN48357021, SAMN48357022, SAMN48357023	23 (9), 101 (1), 395 (12), 512 (1), 874 (1)	99,95–100	0,05–0,88	5364239– 5866057	0,56–0,57	146–490
		2016	SAMN48357024, SAMN48357031	395 (2)	99,98–100	0,41–0,52	5387334– 5516209	0,57	233–465
		2020	SAMN48357005, SAMN48357007, SAMN48357008, SAMN48357009, SAMN48357014, SAMN48357006	23 (1), 395 (3), 874 (2)	100	0,13–0,49	5491553– 5837588	0,57	174–320
		2016	SAMN48357026	395 (1)	100	0,26	5459496	0,57	137
Гомель / Gomel	Дыхательная система / Respiratory system	2021	SAMN48357074, SAMN48357076, SAMN48357079, SAMN48357080	147 (1), 395(3)	99,99–100	0,53–0,68	5347409– 5860259	0,57	220–363
		2022	SAMN48357081, SAMN48357082, SAMN48357084, SAMN48357085, SAMN48357086, SAMN48357087, SAMN48357089, SAMN48357091, SAMN48357092, SAMN48357093, SAMN48357096, SAMN48357098, SAMN48357099, SAMN48357100, SAMN48357101, SAMN48357102, SAMN48357109, SAMN48357111, SAMN48357113, SAMN48357114, SAMN48357115, SAMN48357116, SAMN48357119, SAMN48357120, SAMN48357121, SAMN48357122, SAMN48357123, SAMN48357124, SAMN48357125, SAMN48357127, SAMN48357128, SAMN48357130, SAMN48357131, SAMN48357133	36 (1), 101 (10), 147 (3), 307 (1), 395 (16), 512 (11), 791 (1)	99,94–100	0,11–2,02	5315583– 5882144	0,56–0,57	121–574
		2022	SAMN48357107	395 (1)	100	0,29	5374208	0,57	143
		2022	SAMN48357132	395 (1)	100	1,1	5744632	0,56	564
		2021	SAMN48357075, SAMN48357077, SAMN48357078	395 (2), 512 (1)	100	0,2–0,67	5408403– 5676486	0,57	185–202
Минск / Minsk	Дыхательная система / Respiratory system	2022	SAMN48357083, SAMN48357088, SAMN48357090, SAMN48357094, SAMN48357095, SAMN48357097, SAMN48357103, SAMN48357104, SAMN48357105, SAMN48357106, SAMN48357108, SAMN48357110, SAMN48357112, SAMN48357117, SAMN48357118, SAMN48357126, SAMN48357129	15 (1), 101 (1), 147 (1), 395 (6), 512 (8)	100	0,05–0,97	5303670– 5806661	0,56–0,57	99–408
		2022	SAMN48357043, SAMN48357044, SAMN48357045, SAMN48357046, SAMN48357047, SAMN48357048, SAMN48357049, SAMN48357050, SAMN48357051, SAMN48357052, SAMN48357053, SAMN48357054, SAMN48357055, SAMN48357056, SAMN48357057, SAMN48357058, SAMN48357059, SAMN48357060, SAMN48357061, SAMN48357062, SAMN48357063, SAMN48357066, SAMN48357067, SAMN48357068, SAMN48357070, SAMN48357071, SAMN48357072, SAMN48357073	23 (3), 101 (2), 147 (6), 290 (1), 307 (4), 395 (12)	99,93–100	0,14–1,26	5291925– 5883813	0,56–0,57	150–540
		2022	SAMN48357064, SAMN48357065, SAMN48357069	147 (2), 307 (1)	100	0,55–1,65	5719833– 5791405	0,57	119–353
		2021	SAMN48357036, SAMN48357037, SAMN48357038, SAMN48357040, SAMN48357042	395 (4), 512 (1)	100	0,3–0,57	5274483– 5705806	0,57	162–336
		2021	SAMN48357039, SAMN48357041	395 (1), 512 (1)	100	0,37–0,49	5729686– 5780256	0,57	194–280

(2,1%); остальные (ST36, ST791, ST290, ST15 и ранее не описанный новый ST) – по 1 штамму (рисунок).

Полученные данные представляют интерес для клиницистов, эпидемиологов и молекулярных биологов с точки зрения оценки современной эпидемиологической ситуации в Республике Беларусь, сравнения ее с таковой в Российской Федерации и в мире.

Информация о финансировании

Секвенирование штаммов *K. pneumoniae* выполнено в рамках: федерального проекта «Санитарный щит – безопасность для здоровья (предупреждение, выявление, реагирование)».

Financial support

Sequencing of *K. pneumoniae* strains was carried out within the framework of the federal project “Sanitary Shield – safety for health (prevention, detection, response)”.

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest

The authors declare that there is no conflict of interest.

Информация об исследованиях, где в качестве объектов выступали люди

В соответствии с требованиями Биоэтического комитета Российской Федерации в работе использованы клинические штаммы *K. pneumoniae* без указания персональных данных пациентов, таких как имя, дата рождения, адрес, история болезни и др.

Information on studies where human subjects were used

In accordance with the requirements of the Bioethics Committee of the Russian Federation, the work used clinical strains of *K. pneumoniae* without specifying personal data of patients, such as name, date of birth, address, medical history, etc.

Литература

1. Карноух КИ, Лазарева НБ. Оценка рациональности антибактериальной терапии внутрибольничных инфекций у пациентов в отделении реанимации и интенсивной терапии на фоне COVID-19: ретроспективный анализ. Безопасность и риск фармакотерапии. 2022;10(3):269-282. DOI: 10.30895/2312-7821-2022-278
2. Бычинин МВ, Антонов ИО, Клыпа ТВ, Мандель ИА, Минец АИ, Колышкина НА, и др. Нозокомиальная инфекция у пациентов с тяжелым и крайне тяжелым течением COVID-19. Общая реаниматология. 2022;18(1):4-10. DOI: 10.15360/1813-9779-2022-1-4-10
3. Довнар РИ, Федянин СД, Окулич ВК, Конопелько ЕА, Ставчиков ЕЛ. Анализ этиологической структуры микрофлоры у пациентов с гнойными ранами в различных регионах Республики Беларусь. Вестник НМХЦ им. Н.И.Пирогова. 2025;20(1):94-97. DOI: 10.25881/20728255_2025_20_1_94
4. Russo TA, Marr CM. Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*. Clin Microbiol Rev. 2019;32(3):e00001-19. DOI: 10.1128/CMR.00001-19
5. Liu YN, Zhang YF, Xu Q, Qiu Y, Lu QB, Wang T, et al. Infection and co-infection patterns of community-acquired pneumonia in patients of different ages in China from 2009 to 2020: a national surveillance study. Lancet Microbe. 2023;4(5):e330-e339. DOI: 10.1016/S2666-5247(23)00031-9
6. Parrott AM, Shi J, Aaron J, Green DA, Whittier S, Wu F. Detection of multiple hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* strains in a New York City hospital through

screening of virulence genes. Clin Microbiol Infect. 2021;27(4):583-589. DOI: 10.1016/j.cmi.2020.05.012

7. Hussein RA, Al-Kubaisy SH, Al-Ouqaili MTS. The influence of efflux pump, outer membrane permeability and β -lactamase production on the resistance profile of multi, extensively and pandrug resistant *Klebsiella pneumoniae*. J Infect Public Health. 2024;17(11):102544. DOI: 10.1016/j.jiph.2024.102544
8. Sakalauskienė GV, Malcienė L, Stankevičius E, Radzevičienė A. Unseen enemy: mechanisms of multidrug antimicrobial resistance in gram-negative ESKAPE pathogens. Antibiotics (Basel). 2025;14(1):63. DOI: 10.3390/antibiotics14010063
9. Tian T, Han H, Guan ZH, Zhang K, Huang X, Wang W, et al. A systematic review of hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* research: bibliometric and topic modeling perspectives. Front Med (Lausanne). 2025;12:1545678. DOI: 10.3389/fmed.2025.1545678
10. Zheng Y, Zhu X, Ding C, Chu W, Pang X, Zhang R, et al. Multidrug-resistant hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*: an evolving superbug. Future Microbiol. 2025;20(6):499-511. DOI: 10.1080/17460913.2025.2482478
11. Shapovalova VV, Chulkova PS, Ageevets VA, Nurmukanova V, Verentsova IV, Girina AA, et al. High-risk lineages of hybrid plasmids carrying virulence and carbapenemase genes. Antibiotics (Basel). 2024;13(12):1224. DOI: 10.3390/antibiotics13121224
12. Muteeb G, Kazi RNA, Aatif M, Azhar A, Oirdi ME, Farhan M. Antimicrobial resistance: Linking molecular mechanisms to public health impact. SLAS Discov. 2025;33:100232. DOI: 10.1016/j.slasd.2025.100232
13. Kuzina ES, Novikova TS, Astashkin EI, Fedyukina GN, Kislichkina AA, Kurdyumova NV, et al. Rectal and tracheal carriage of carbapenemase genes and class 1 and 2 integrons in patients in neurosurgery intensive care unit. Antibiotics (Basel). 2022;11(7):886. DOI: 10.3390/antibiotics11070886
14. Воронина ОЛ, Кунда МС, Рыжова НН, Аксенова ЕИ, Садеева ЗЗ, Новикова ИЕ, и др. Геномные особенности резистентных изолятов *Klebsiella pneumoniae*, выделенных из кровяного русла и ликвора пациентов детского стационара. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2023;100(6):399-409. DOI: 10.36233/0372-9311-430
15. Tapalski DV, Timoshkova EV, Petrovskaya TA, Osipkina OV, Karpov IA. Microbiological efficiency of the combinations of two carbapenems against antibiotic resistant *Klebsiella pneumoniae* strains. Klin Lab Diagn. 2021;66(5):304-309. DOI: 10.51620/0869-2084-2021-66-5-304-309
16. Riesco R, Trujillo ME. Update on the proposed minimal standards for the use of genome data for the taxonomy of prokaryotes. Int J Syst Evol Microbiol. 2024;74(3):006300. DOI: 10.1099/ijsem.0.006300

References

1. Karnoukh KI, Lazareva NB. Evaluation of the Rationality of Antibiotic Therapy of Nosocomial Infections in Resuscitation and Intensive Care Patients with COVID-19: a Retrospective Analysis. Safety and Risk of Pharmacotherapy. 2022;10(3):269-282. DOI: 10.30895/2312-7821-2022-278 (In Russian).
2. Bychinin MV, Antonov IO, Klypa TV, Mandel IA, Minets AI, Kolyshkina NA, et al. Nosocomial Infection in Patients with Severe and Critical COVID-19. General Reanimatology. 2022;18(1):4-10. DOI: 10.15360/1813-9779-2022-1-4-10 (In Russian).
3. Dovnar RI, Fedzianin SD, Okulich VK, Konopelko EA, Stavchikov EL. Analysis of the etiological structure of microflora in patients with purulent wounds in various regions of the Republic of Belarus. Bulletin of Pirogov National Medical & Surgical Center. 2025;20(1):94-97. DOI: 10.25881/20728255_2025_20_1_94 (In Russian).
4. Russo TA, Marr CM. Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*. Clin Microbiol Rev. 2019;32(3):e00001-19. DOI: 10.1128/CMR.00001-19
5. Liu YN, Zhang YF, Xu Q, Qiu Y, Lu QB, Wang T, et al. Infection and co-infection patterns of community-acquired pneumonia in patients of different ages in China from 2009 to 2020: a national surveillance study. Lancet Microbe. 2023;4(5):e330-e339. DOI: 10.1016/S2666-5247(23)00031-9

6. Parrott AM, Shi J, Aaron J, Green DA, Whittier S, Wu F. Detection of multiple hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* strains in a New York City hospital through screening of virulence genes. Clin Microbiol Infect. 2021;27(4):583-589. DOI: 10.1016/j.cmi.2020.05.012
7. Hussein RA, Al-Kubaisy SH, Al-Ouqaili MTS. The influence of efflux pump, outer membrane permeability and β -lactamase production on the resistance profile of multi, extensively and pandrug resistant *Klebsiella pneumoniae*. J Infect Public Health. 2024;17(11):102544. DOI: 10.1016/j.jiph.2024.102544
8. Sakalauski n  GV, Malcien  L, Stankevi ius E, Radzevi ien  A. Unseen enemy: mechanisms of multidrug antimicrobial resistance in gram-negative ESKAPE pathogens. Antibiotics (Basel). 2025;14(1):63. DOI: 10.3390/antibiotics14010063
9. Tian T, Han H, Guan ZH, Zhang K, Huang X, Wang W, et al. A systematic review of hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* research: bibliometric and topic modeling perspectives. Front Med (Lausanne). 2025;12:1545678. DOI: 10.3389/fmed.2025.1545678
10. Zheng Y, Zhu X, Ding C, Chu W, Pang X, Zhang R, et al. Multidrug-resistant hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*: an evolving superbug. Future Microbiol. 2025;20(6):499-511. DOI: 10.1080/17460913.2025.2482478
11. Shapovalova VV, Chulkova PS, Ageevets VA, Nurmukanova V, Verentsova IV, Girina AA, et al. High-risk lineages of hybrid plasmids carrying virulence and carbapenemase genes. Antibiotics (Basel). 2024;13(12):1224. DOI: 10.3390/antibiotics13121224
12. Muteeb G, Kazi RNA, Aatif M, Azhar A, Oirdi ME, Farhan M. Antimicrobial resistance: Linking molecular mechanisms to public health impact. SLAS Discov. 2025;33:100232. DOI: 10.1016/j.slasd.2025.100232
13. Kuzina ES, Novikova TS, Astashkin EI, Fedyukina GN, Kislichkina AA, Kurdyumova NV, et al. Rectal and tracheal carriage of carbapenemase genes and class 1 and 2 integrons in patients in neurosurgery intensive care unit. Antibiotics (Basel). 2022;11(7):886. DOI: 10.3390/antibiotics11070886
14. Voronina OL, Kunda MS, Ryzhova NN, Aksenova EI, Sadeeva ZZ, Novikova IE, et al. Genomic features of resistant *Klebsiella pneumoniae*, isolated from the bloodstream and cerebrospinal fluid of pediatric hospital patients. Journal of Microbiology, Epidemiology and Immunobiology. 2023;100(6):399-409. DOI: 10.36233/0372-9311-430 (In Russian).
15. Tapalski DV, Timoshkova EV, Petrovskaya TA, Osipkina OV, Karpov IA. Microbiological efficiency of the combinations of two carbapenems against antibiotic resistant *Klebsiella pneumoniae* strains. Klin Lab Diagn. 2021;66(5):304-309. DOI: 10.51620/0869-2084-2021-66-5-304-309
16. Riesco R, Trujillo ME. Update on the proposed minimal standards for the use of genome data for the taxonomy of prokaryotes. Int J Syst Evol Microbiol. 2024;74(3):006300. DOI: 10.1099/ijsem.0.006300

Информация о соавторах:

Карпова Елена Васильевна, кандидат медицинских наук, доцент, заведующая Центром медицинской микробиологии и антибиотикорезистентности ГНУ «Институт физиологии Национальной академии наук Беларуси»

Фурсов Михаил Васильевич, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник отдела коллекционных культур ФБУН «Государственный научный центр прикладной микробиологии и биотехнологии» Роспотребнадзора

Волков Даниил Владимирович, младший научный сотрудник отдела коллекционных культур ФБУН «Государственный научный центр прикладной микробиологии и биотехнологии» Роспотребнадзора

Кисличкина Ангелина Александровна, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник отдела коллекционных культур ФБУН «Государственный научный центр прикладной микробиологии и биотехнологии» Роспотребнадзора

Шишкина Лидия Алексеевна, кандидат биологических наук, научный сотрудник отдела коллекционных культур ФБУН «Государственный научный центр прикладной микробиологии и биотехнологии» Роспотребнадзора

Тапальский Дмитрий Викторович, доктор медицинских наук, профессор, директор ГНУ «Институт физиологии Национальной академии наук Беларуси»

Фурсова Надежда Константиновна, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник отдела молекулярной микробиологии ФБУН «Государственный научный центр прикладной микробиологии и биотехнологии»

Information about co-authors:

Elena V. Karpova, PhD, MD, Associate Professor, Head of the Center for Medical Microbiology and Antibiotic Resistance, Institute of Physiology, National Academy of Sciences of Belarus

Mikhail V. Fursov, PhD in Biological Sciences, Leading Researcher, Culture Collections Dep., State Research Center for Applied Microbiology and Biotechnology of Rosпотребнадзор

Daniil V. Volkov, Junior Researcher, Culture Collections Dep., State Research Center for Applied Microbiology and Biotechnology of Rosпотребнадзор

Angelina A. Kislichkina, PhD in Biological Sciences, Senior Researcher, Culture Collections Dep., State Research Center for Applied Microbiology and Biotechnology of Rosпотребнадзор

Lidia A. Shishkina, PhD in Biological Sciences, Researcher, Culture Collections Dep., State Research Center for Applied Microbiology and Biotechnology of Rosпотребнадзор

Dmitry V. Tapalsky, MD, PhD, DSc, Professor, Director of the Institute of Physiology of the National Academy of Sciences of Belarus

Nadezhda K. Fursova, PhD in Biological Sciences, Leading Researcher, Molecular Microbiology Dep., State Research Center for Applied Microbiology and Biotechnology of Rosпотребнадзор