

Гибридная сборка геномов двух штаммов *Klebsiella pneumoniae* ST395

А.Е.Соломенцева¹, Е.В.Карпова², А.А.Кисличкина¹, Д.В.Волков¹, Л.А.Шишкина¹,
Н.А.Сухаричева¹, Д.В.Тапальский², Н.К.Фурсова¹, М.В.Фурсов¹

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

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

Представлены данные о результатах сборки полных геномов двух клинических штаммов *Klebsiella pneumoniae* сиквенс-типа ST395, выделенных в 2021–2022 гг. в лечебных учреждениях Республики Беларусь.
Ключевые слова: *Klebsiella pneumoniae*, полногеномное секвенирование, гибридная сборка

Для цитирования: Соломенцева А.Е., Карпова Е.В., Кисличкина А.А., Волков Д.В., Шишкина Л.А., Сухаричева Н.А., Тапальский Д.В., Фурсова Н.К., Фурсов М.В. Гибридная сборка геномов двух штаммов *Klebsiella pneumoniae* ST395. Бактериология. 2025; 10(4): 158–160. DOI: 10.20953/2500-1027-2025-4-158-160

Hybrid Genome Assembly of two strains of *Klebsiella pneumoniae* ST395

A.E.Solomentseva¹, E.V.Karpova², A.A.Kislichkina¹, D.V.Volkov¹, L.A.Shishkina¹,
N.A.Sukharicheva¹, D.V.Tapalsky², N.K.Fursova¹, M.V.Fursov¹

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

We present the results of the whole-genome assembly of complete genomes of two clinical strains of *Klebsiella pneumoniae* sequence type ST395 isolated in 2021–2022 in healthcare facilities of the Republic of Belarus.
Key words: *Klebsiella pneumoniae*, whole-genome sequencing, nanopore, hybrid assembly

For citation: Solomentseva A.E., Karpova E.V., Kislichkina A.A., Volkov D.V., Shishkina L.A., Sukharicheva N.A., Tapalsky D.V., Fursova N.K., Fursov M.V. Hybrid Genome Assembly of two strains of *Klebsiella pneumoniae* ST395. Bacteriology. 2025; 10(4): 158–160. (In Russian). DOI: 10.20953/2500-1027-2025-4-158-160

Бактерии *Klebsiella pneumoniae* вызывают различные инфекции, включая пневмонию, сепсис, инфекции мочевыводящих путей, бактериемию, менингит и абсцессы в печени [1, 2]. Это один из ведущих возбудителей нозокомиальных инфекций, входящих в группу так называемых ESKAPE-патогенов – микроорганизмов (*Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *K. pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* и *Enterobacter* spp.), ассоциированных с повышенной антибиотикорезистентностью и представляющих собой серьезную проблему для здравоохранения [3].

Горизонтальный перенос плазмид, несущих генетические детерминанты антибиотикорезистентности, способствует распространению лекарственной устойчивости среди бакте-

рий и приводит к ухудшению прогноза заболевания, а также увеличивает внутрибольничную летальность [4]. Подробная характеристика полного генома позволяет лучше охарактеризовать циркулирующие штаммы *K. pneumoniae* на геномном уровне. Также это улучшает понимание генетической изменчивости вида и предоставляет возможность более точного сравнения с геномами других штаммов.

Целью данной работы было получение двух полных последовательностей геномов штаммов *K. pneumoniae*, выделенных в 2021–2022 гг. в лечебном учреждении Республики Беларусь.

Штаммы хранятся в коллекции микроорганизмов «ГКПМ-Оболенск». Бактерии выращивали при 37°C на питательной

Для корреспонденции:

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

Адрес: 142279, Московская обл., г.о. Серпухов, р.п. Оболенск, Территория «Квартал А», 24
Телефон: (4967) 36-0000

Статья поступила 17.10.2025, принята к печати 25.12.2025

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
Phone: (4967) 36-0000

The article was received 17.10.2025, accepted for publication 25.12.2025

Таблица. Данные секвенирования геномов штаммов *K. pneumoniae*
Table. Genome sequencing data for *K. pneumoniae* strains

Штамм / Strain	Количество рядов / Number of reads	Количество нуклеотидов / Number of nucleotides	Средняя длина ряда / Average read length
B-20714	19 141	188 989 611	9 873
B-20848	142 836	1 548 515 549	10 841

среде ГРМ №1 (Оболенск, Россия). ДНК выделяли с использованием набора DNeasy UltraClean Microbial Kit (Qiagen, Хильден, Германия). Для полной сборки генома дополнительно к ранее полученным коротким прочтениям [5] выполнили секвенирование на платформе MinION (Oxford Nanopore, Великобритания). Для получения длинных прочтений использовали набор для быстрого баркодирования RBK004 (Oxford Nanopore, Великобритания), проточную ячейку MinION R9.4.1 (Oxford Nanopore, Великобритания), с использованием программного обеспечения MinKNOW v18.05.5 (время – 48 ч, 180 мВ) (<https://nanoporetech.com/software/devices/minion-mk1b/software>). Постобработка сырого сигнала (бейсколинг) выполнялась с помощью программного обеспечения Guppy ver. 5.0.16 (<https://nanoporetech.com/software/other/guppy>) с параметрами по умолчанию. Данные секвенирования геномов штаммов *K. pneumoniae* представлены в таблице.

Гибридная сборка геномов собрана из всех прочтений с использованием программного обеспечения Unicycler v. 0.4.7 (<https://github.com/rrwick/Unicycler>, дата доступа 05.10.2025) с настройками по умолчанию, которое включало первичную фильтрацию и контроль качества.

Сборка генома штамма *K. pneumoniae* B20714 содержит одну кольцевую хромосому (5 432 516 п.н.) и четыре кольцевые плазиды: B20714_p1 (361 079 п.н.), B-20714_p2 (75 882 п.н.), B-20714_p3 (5010 п.н.) и B20714_p4 (3511 п.н.). Окончательная сборка генома штамма *K. pneumoniae* B20848 содержит одну кольцевую хромосому (5 626 707 п.н.) и три кольцевые плазиды: B_20848_p1 (352 548 п.н.), B20848_p2 (5010 п.н.) B20848_p3 (3511 п.н.).

Полные сборки геномов выложены в базу данных GenBank: *K. pneumoniae* SCPM-O-B-20714 (SAMN48357039, JBNQNO0000000000) и *K. pneumoniae* SCPM-O-B-20848 (SAMN48357127, JBNQKK0000000000).

Информация о финансировании

Работа выполнена в рамках Государственного задания НИОКР 1.1.18.

Financial support

The work was carried out within the framework of the State R&D assignment 1.1.18.

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 involving human subjects

In accordance with the requirements of the Bioethics Committee of the Russian Federation, clinical strains of *K. pneumoniae* were used in this study, without disclosing personal patient information such as name, date of birth, address, medical history, etc.

Литература

1. Asokan S, Jacob T, Jacob J, AlSosowaa AA, Cherian T, Peijnenburg WJGM, et al. *Klebsiella pneumoniae*: A growing threat in the era of antimicrobial resistance. The Microbe. 2025;V7:100333. DOI: 10.1016/j.microb.2025.100333
2. Hetta HF, Alanazi FE, Ali MAS, Alatawi AD, Aljohani HM, Ahmed R, et al. Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*: Insights into Virulence, Antibiotic Resistance, and Fight Strategies Against a Superbug. Pharmaceuticals (Basel). 2025 May 15;18(5):724. DOI: 10.3390/ph18050724
3. Bahrami Y, Darvishi A, Ghadiri K, Mohammadzadeh S, Chegene Lorestani R, Madanchi H, et al. Antibiotic-peptide conjugates as alternatives to conventional antibiotics for treating infections caused by hospital-associated ESKAPE pathogens: A systematic review. Microb Pathog. 2025 Oct;207:107927. DOI: 10.1016/j.micpath.2025.107927
4. Sun D, Sun X, Hu Y, Yamaichi Y. Editorial: Horizontal gene transfer mediated bacterial antibiotic resistance, volume II. Front Microbiol. 2023 Jun 23;14:1221606. DOI: 10.3389/fmicb.2023.1221606
5. Соломентсева АЕ, Карпова ЕВ, Фурсов МВ, Волков ДВ, Кисличкина АА, Шишкина ЛА, и др. Геномы штаммов *Klebsiella pneumoniae*, выделенных от пациентов многопрофильных стационаров в Республике Беларусь в 2016–2022 гг. Бактериология. 2025;10(2):74-78.

References

1. Asokan S, Jacob T, Jacob J, AlSosowaa AA, Cherian T, Peijnenburg WJGM, et al. *Klebsiella pneumoniae*: A growing threat in the era of antimicrobial resistance. The Microbe. 2025;V7:100333. DOI: 10.1016/j.microb.2025.100333
2. Hetta HF, Alanazi FE, Ali MAS, Alatawi AD, Aljohani HM, Ahmed R, et al. Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*: Insights into Virulence, Antibiotic Resistance, and Fight Strategies Against a Superbug. Pharmaceuticals (Basel). 2025 May 15;18(5):724. DOI: 10.3390/ph18050724
3. Bahrami Y, Darvishi A, Ghadiri K, Mohammadzadeh S, Chegene Lorestani R, Madanchi H, et al. Antibiotic-peptide conjugates as alternatives to conventional antibiotics for treating infections caused by hospital-associated ESKAPE pathogens: A systematic review. Microb Pathog. 2025 Oct;207:107927. DOI: 10.1016/j.micpath.2025.107927
4. Sun D, Sun X, Hu Y, Yamaichi Y. Editorial: Horizontal gene transfer mediated bacterial antibiotic resistance, volume II. Front Microbiol. 2023 Jun 23;14:1221606. DOI: 10.3389/fmicb.2023.1221606
5. Solomentseva AE, Karpova EV, Fursov MV, Volkov DV, Kislichkina AA, Shishkina LA, et al. 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. DOI: 10.20953/2500-1027-2025-2-74-78 (In Russian).

Информация о соавторах:

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

Кисличкина Ангелина Александровна, кандидат биологических наук, старший 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

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

Сухаричева Наталья Александровна, кандидат биологических наук, младший 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 Беларусь»

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

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

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

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

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

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

Natalia A. Sukharicheva, PhD in Biological Sciences, Junior Researcher, Culture Collections Dep., State Research Center for Applied Microbiology and Biotechnology of Rospotrebnadzor

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 Rospotrebnadzor

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

НОВОСТИ НАУКИ

Комары могут переносить патогенные микроорганизмы на сотни километров

Заболевания, переносимые комарами, такие как малярия и лихорадка денге, угрожают миллиардам людей и ежегодно становятся причиной гибели сотен тысяч людей. Недавние исследования показали, что многие виды комаров регулярно совершают миграции с ветром, но эпидемиологическое значение этого явления остается неясным. Гипотеза о том, что высоколетящие комары распространяют возбудителей на большие расстояния, напрямую не проверялась. В данной работе сообщается, что высоколетящие комары часто инфицированы арбовирусами, простейшими и гельминтами, и предлагаются понимание этой воздушной сети переносчиков патогенов. В общей сложности 1017 самок комаров, пойманных с помощью сеток, подвешенных к гелиевым шарам на высоте от 120 до 290 м над землей над Мали и Ганой, были обследованы на наличие арбовирусов, гемоспорид и филярий. Комары, собранные на высоте, представляли 61 вид 10 родов, среди которых преобладали *Culex*, *Aedes* и *Anopheles*. Инфицированность и инфекционность (способность передавать возбудителя другому хозяину, определенная на основе распространенности инфекции) мигрирующих комаров составляли 7,2 и 4,4% для *Plasmodium* spp., 1,6 и 0,6% для филярий и 3,5 и 1,1% для флавивирусов соответственно. Был выявлен 21 возбудитель, переносимый комарами, включая вирусы лихорадки Денге, Западного Нила и М'Поко, 15 видов птичьих плазмодиев, включая *Plasmodium matutinum*, и три вида филярий, включая *Pelecitus* sp. Подтвержденные случаи распространения инфекций головы и грудной клетки (диссеминированные) у *Culex perelegans*, *Mansonia uniformis* и *Anopheles squamosus*, вызванных несколькими патогенами, показывают, что патогены, переносимые комарами, способны заражать хозяев далеко от мест их вылета. Этот высотный перенос лесных патогенов (циркулирующих среди диких животных) может быть ключом к их сохранению в энзоотических очагах, а также к возникновению вспышек в отдаленных местах.



Bamou R, Dao A, Yaro AS, Kouam C, Ergunay K, Bourke BP, et al.

Pathogens spread by high-flying wind-borne mosquitoes.

Proc Natl Acad Sci U S A. 2025 Dec 2;122(48):e2513739122. doi: 10.1073/pnas.2513739122