

Геоинформационная система *Pseudomonas aeruginosa*

А.А.Ковалевич, А.С.Водопьянов, Е.Д.Василенко, Р.В.Писанов

ФКУЗ «Ростовский-на-Дону ордена Трудового Красного Знамени научно-исследовательский противочумный институт» Роспотребнадзора, Ростов-на-Дону, Российская Федерация

Актуальность использования геоинформационных систем в эпидемиологическом надзоре обусловлена их способностью обеспечивать оперативный анализ и визуализацию распространения инфекционных заболеваний, обусловленных в т.ч. устойчивыми к антибиотикам штаммами *Pseudomonas aeruginosa*. Представление данных в геопространственном формате позволяет выявлять закономерности в циркуляции патогенов и повышать точность прогнозирования эпидемиологических рисков.

Цель работы – создание геоинформационной онлайн-системы «ГИС *Pseudomonas aeruginosa*», содержащей данные о генетических свойствах циркулирующих штаммов, для оценки генетического разнообразия представителей вида *P. aeruginosa*.

Материалы и методы. В исследовании использованы полногеномные данные 506 штаммов *P. aeruginosa*, изолированных на территории России и прилегающих регионов. Анализ полногеномных данных проводился с использованием разработанных авторских инструментов Genomes Validator и Pseudomonas Analyser.

Результаты. Разработана онлайн-система «ГИС *Pseudomonas aeruginosa*», которая отображает информацию о выбранном штамме: серогруппа, тип жгутикового антигена, мукоидный фенотип, *ExoU/ExoS*-тип, дата выделения, объект выделения. ГИС расположена на центральном сервере института, что позволяет сотрудникам, имеющим доступ, оперативно получать или пополнять информацию практически из любой точки страны и анализировать эти данные. Анализ данных с использованием разработанной ГИС показал, что на территории России преобладают штаммы с генотипом *exoS*⁺ (88%), тогда как более вирулентные *exoU*⁺ штаммы встречаются значительно реже (~12%). Наибольшее число *exoU*⁺ изолятов зарегистрировано в г. Москве, а также замечен факт их длительной циркуляции.

Заключение. В рамках настоящего исследования впервые разработана геоинформационная система для *P. aeruginosa*, основанная на интеграции данных о генетических маркерах и молекулярных характеристиках штаммов и позволяющая проводить выборку штаммов непосредственно на электронной карте. С помощью «ГИС *Pseudomonas aeruginosa*» продемонстрировано локальное распространение наиболее вирулентных изолятов *exoU*⁺ на территории России, а также региональная специфичность их циркуляции.

Ключевые слова: *Pseudomonas aeruginosa*, геоинформационная система, серотипы, *exoU*, *exoS*, жгутиковый антиген

Для цитирования: Ковалевич А.А., Водопьянов А.С., Василенко Е.Д., Писанов Р.В. Система *Pseudomonas aeruginosa*. Бактериология. 2026; 11(1): 34–41. DOI: 10.20953/2500-1027-2026-1-34-41

Pseudomonas aeruginosa geographic information system

A.A.Kovalevich, A.S.Vodopyanov, E.D.Vasilenko, R.V.Pisanov

Rostov-on-Don Antiplague Scientific Research Institute of Rosпотребнадзор, Rostov-on-Don, Russian Federation

The relevance of the use of geoinformation systems in epidemiological surveillance is determined by their ability to provide rapid analysis and visualization of spread of infectious diseases, including antibiotic-resistant strains of *Pseudomonas aeruginosa*. The geospatial format of data presentation makes it possible to identify patterns in the circulation of pathogens and to improve the accuracy of epidemiological risks forecasting.

The aim of the work is to create an online geographic information system “GIS *Pseudomonas aeruginosa*”, containing data on the genetic properties of circulating strains, to assess the genetic diversity of representatives of the *P. aeruginosa* species.

Materials and methods. The whole genome data from 506 strains of *P. aeruginosa* isolated in Russia and in the neighboring regions were used in the study. The analysis of whole genome data was carried out with the use of the author’s developed tools “Genomes Validator” and “Pseudomonas Analyser”.

Results. The online GIS system “GIS *Pseudomonas aeruginosa*” has been developed, which contains information about the selected strain.: its serogroup, type of flagellar antigen, mucoid phenotype, *ExoU/ExoS* types, date of isolation, object of isolation. GIS is accessed on the central server of the institute, which makes it possible to receive or to update information quickly from almost anywhere in the country, which allows employees with the access to the data to analyze it. Data analysis using the developed GIS revealed that the *exoS*⁺ strains predominate in Russia (88%), while the more virulent *exoU*⁺ strains are much less common (about 12%). The largest number of *exoU*⁺ isolates was registered in Moscow, and the fact of their long-term circulation was also noted.

Для корреспонденции:

Ковалевич Алексей Александрович, научный сотрудник лаборатории молекулярной биологии природно-очаговых и зоонозных инфекций ФКУЗ «Ростовский-на-Дону ордена Трудового Красного Знамени научно-исследовательский противочумный институт» Роспотребнадзора

Адрес: 344002, Ростов-на-Дону, ул. М.Горького, 117

Телефон: (863) 240-9133

E-mail: kovalevich_aa@antiplague.ru

ORCID: 0000-0001-6926-0239

Статья поступила 13.10.2025, принята к печати 30.03.2026

For correspondence:

Alexey A. Kovalevich, research officer, Laboratory of molecular biology of natural focal and zoonotic infections, Rostov-on-Don Antiplague Institute Rosпотребнадзор

Address: 117 M.Gorky str., Rostov-on-Don, 344002, Russian Federation

Phone: (863) 240-9133

E-mail: kovalevich_aa@antiplague.ru

ORCID: 0000-0001-6926-0239

The article was received 13.10.2025, accepted for publication 30.03.2026

Conclusion. Within the framework of this study, a geoinformation system for *P. aeruginosa* have been developed for the first time. The system is based on integrated data of the genetic markers and molecular characteristics of strains, allowing us to sample strains directly on the electronic map. The geospatial information system has demonstrated the local distribution of the most virulent *exoU*⁺ isolates in Russia and the regional specificity of their circulation.

Key words: *Pseudomonas aeruginosa*, geoinformation system, serotypes, *exoU*, *exoS*, flagellated antigen

For citation: Kovalevich A.A., Vodopyanov A.S., Vasilenko E.D., Pisanov R.V. *Pseudomonas aeruginosa* geographic information system. Bacteriology. 2026; 11(1): 34–41. (In Russian). DOI: 10.20953/2500-1027-2026-1-34-41

Геоинформационное обеспечение мониторинга за инфекционными болезнями является одним из приоритетных научных направлений Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека (Роспотребнадзор) [1]. Это находит отражение во многих информационных системах, направленных на выявление и предупреждение распространения инфекционных болезней на территории Российской Федерации (РФ) [2–4].

В настоящее время использование геоинформационных систем (ГИС) для мониторинга возбудителей природно-очаговых, зоонозных, актуальных антропонозных инфекционных болезней становится обычной практикой [5–7].

Исключительно важное значение при этом имеет внедрение онлайн-технологий, позволяющих обеспечивать оперативный доступ к информации большому количеству специалистов.

По состоянию на 2020 г. штаммы *Pseudomonas aeruginosa* являлись возбудителями нозокомиальных инфекций в 18,6% случаев, что было продемонстрировано с использованием отечественной онлайн-платформы AMRmap, разработанной с использованием ГИС-ресурсов [8].

Синегнойная палочка распространена повсеместно и способна персистировать в разнообразных экологических ареалах, включая речные и морские бассейны, сточные воды, бутилированную воду, а также почвенные массивы [9].

Также установлено, что у пациентов с инфекцией нижних дыхательных путей, ассоциированной с *P. aeruginosa*, риск летального исхода в 2,4 раза выше, а также отмечается наиболее высокая тяжесть течения инфекционного процесса. *P. aeruginosa* относится к числу патогенов с высоким эпидемическим потенциалом и способна в короткие сроки формировать госпитальные штаммы [10]. Так, внутрибольничная микст-инфекция, ассоциированная с *Acinetobacter* spp. и *P. aeruginosa*, составляет 13% от всех бактериальных изолятов [11].

В формировании эпидемически значимых клонов *P. aeruginosa* большое значение имеют такие свойства возбудителя, как высокий адаптивный потенциал, пластичность генома, наличие широкого спектра детерминант патогенности и природной устойчивости к антибактериальным препаратам [12]. ГИС предоставляют возможность визуализировать пространственное распространение микроорганизмов и отслеживать циркуляцию штаммов, различающихся по генетическим маркерам. Основываясь на этих данных, можно своевременно выявлять варианты, демонстрирующие признаки роста эпидемической или клинической значимости, и рассматривать их как потенциально опасные штаммы. Хотя на данный момент интеграция подобных подходов в практику пока не получила широкого распространения, ее внедрение может стать перспективным направлением в

улучшении эпидемиологического контроля и прогнозирования динамики распространения потенциальных патогенов.

Картографирование и пространственный анализ позволяют выявлять тенденции, зависимости и взаимосвязи между инфекционными заболеваниями и факторами, которые нельзя было бы различить, например, при представлении данных в табличном формате.

Динамическая связь между базами данных и картами, реализуемая при помощи ГИС, означает, что обновления данных автоматически отражаются на картах, что может помочь сделать санитарно-противоэпидемические (профилактические) мероприятия более целенаправленными и эффективными. Взаимодействие между базами данных и картами, которое обеспечивается ГИС, позволяет автоматически обновлять информацию на картах. Это может способствовать более точному и результативному проведению санитарно-противоэпидемических мероприятий.

В свою очередь, это делает возможным отслеживание наиболее значимых клинических изолятов *P. aeruginosa*.

Поэтому целью исследования является создание геоинформационной онлайн-системы «ГИС *Pseudomonas aeruginosa*», содержащей данные о генетических свойствах циркулирующих штаммов, для оценки генетического разнообразия представителей вида *P. aeruginosa*.

Материалы и методы

Для разработки ГИС использовали геномы и информацию о 506 штаммов *P. aeruginosa*. Из них данные о 37 штаммах были получены лично авторами на базе лаборатории молекулярной биологии природно-очаговых и зоонозных инфекций ФКУЗ «Ростовский-на-Дону противочумный институт» Роспотребнадзора. Штаммы были выделены в г. Ростове-на-Дону, в Донецкой Народной Республике (ДНР) РФ и г. Хабаровске в период с 2022 по 2025 г. Полногеномное секвенирование проведено в ходе реализации федерального проекта социально-экономического развития РФ до 2030 г. «Санитарный щит страны – безопасность для здоровья (предупреждение, выявление, реагирование)». Из международной базы NCBI были использованы геномы и информация о 442 штаммов *P. aeruginosa* выделенных на территориях, граничащих с РФ, а также информация о 27 штаммах, полученных из базы данных VGARus. Оценку качества полногеномных последовательностей проводили с помощью программы Genomes Validator (<https://github.com/alexeyvod/GenomesValidator>), для работы использовались геномы с критерием качества «good». Анализ данных полногеномного секвенирования проводили с помощью авторской программы *Pseudomonas Analyser* (<https://github.com/alexeyvod/PseudomonasAnalyser>). Разработку интернет-версии ГИС

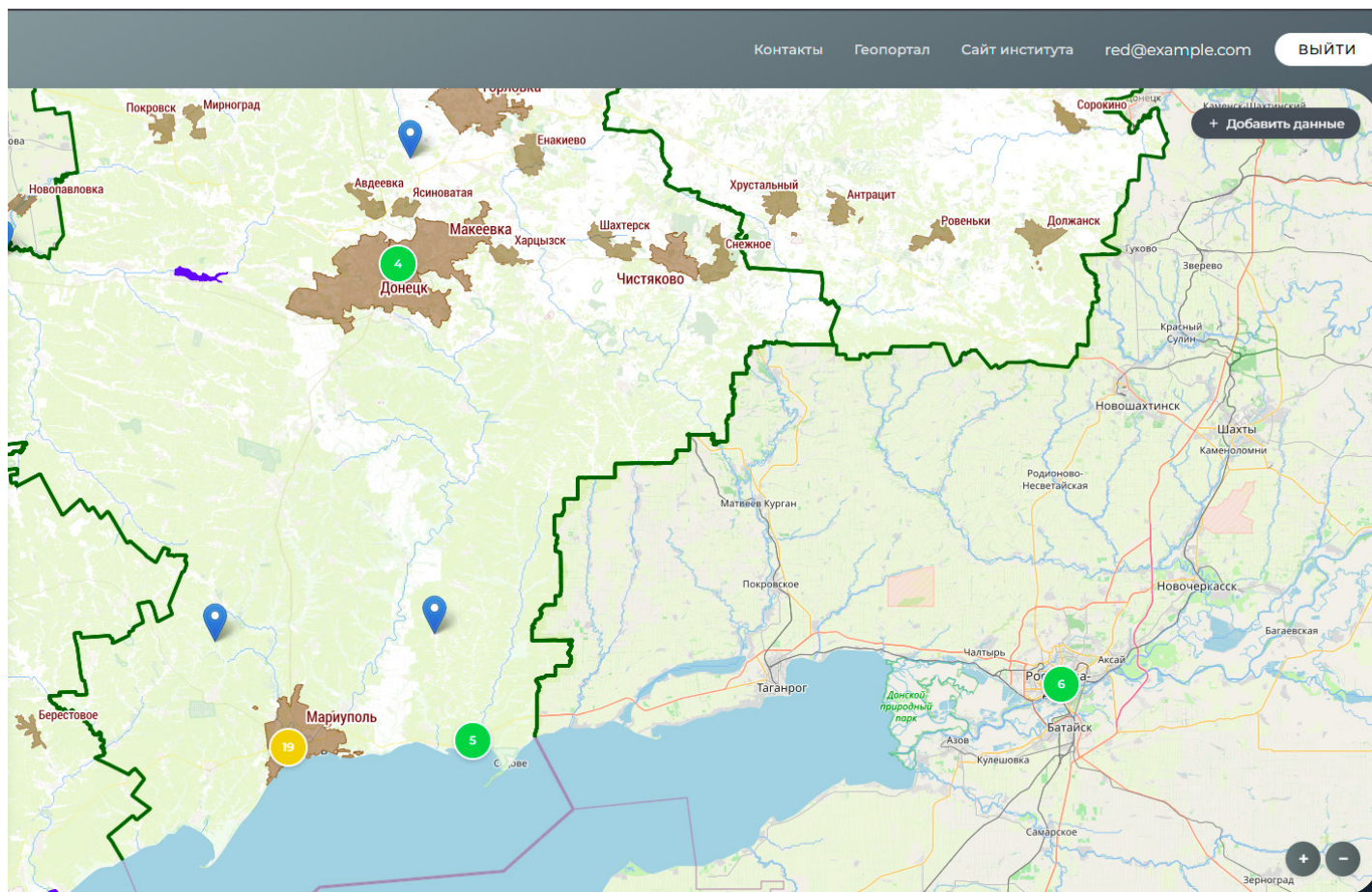


Рис. 1. Общий вид системы. Отдельные штаммы обозначены символом «map pin». Несколько штаммов, сгруппированных вместе, отображаются кружком, в центре указывается, сколько штаммов входит в эту группу.
Fig. 1. General view of the system. Individual strains are marked with a “map pin” symbol. Several strains grouped together are shown with a circle, with the number of strains in the group indicated in the center.

проводили с использованием языков программирования TypeScript, HTML, JavaScript и PHP. Визуализация геоданных реализована с помощью интерактивной карты на базе Leaflet.js, которая включает базовый слой OpenStreetMap и пользовательский слой с тайлами, расположенными локально.

Результаты исследования и их обсуждение

Разработанная «ГИС *Pseudomonas aeruginosa*» доступна по адресу <https://pseudomonas-gis.antiplague.ru>. При этом для работы в ГИС требуется только интернет-браузер (Yandex, Google Chrome, FireFox, Opera и т.п.) и не требуется дополнительного программного обеспечения. Управление отображением данных осуществляется с помощью компьютерной мыши – нажатием можно двигать карту, а колесиком компьютерной мыши – выбирать необходимый масштаб. Отображение мест выделения штаммов зависит от масштаба – на более мелком масштабе штаммы, выделенные на близлежащих территориях, группируются в одну точку, в то время как при изменении масштаба карты становится более детально видно место их изоляции (рис. 1).

При нажатии на символ «map pin», соответствующий конкретному штамму, в отдельном окне отображается информация о нем: название, серогруппа, тип жгутикового антигена, мукоидный фенотип, ExoU/ExoS-тип, дата выделения,

объект выделения, а также дата внесения информации о штамме (рис. 2).

Слева имеется окно, где можно выбирать фильтры, с помощью которых происходит сортировка и отбор штаммов для их визуализации на карте.

В разработанной нами ГИС предусматривается возможность временных выборок в зависимости от года выделения штамма. Для этого необходимо нажать кнопку «Выберите даты» и указать в появившемся окне начальный и конечный год выделения штаммов. На электронной карте будут отображены штаммы, которые попадают в выбранный пользователем временной промежуток. В разработанной системе имеется информация о геномах штаммов, выделенных в промежуток с 1975 по 2025 г.

В интерфейс системы добавлена функция «Сохранить таблицу», позволяющая экспортировать данные обо всех загруженных штаммах в формате .xlsx. Это обеспечивает возможность дальнейшей обработки и анализа информации с использованием внешних программных средств. Кроме того, реализована возможность сохранения графического представления: при выборе соответствующего параметра и нажатии кнопки «Сохранить изображение» отображаемая карта сохраняется в формате .png на устройстве пользователя, что позволяет использовать его для последующего анализа или оформления отчетных материалов.

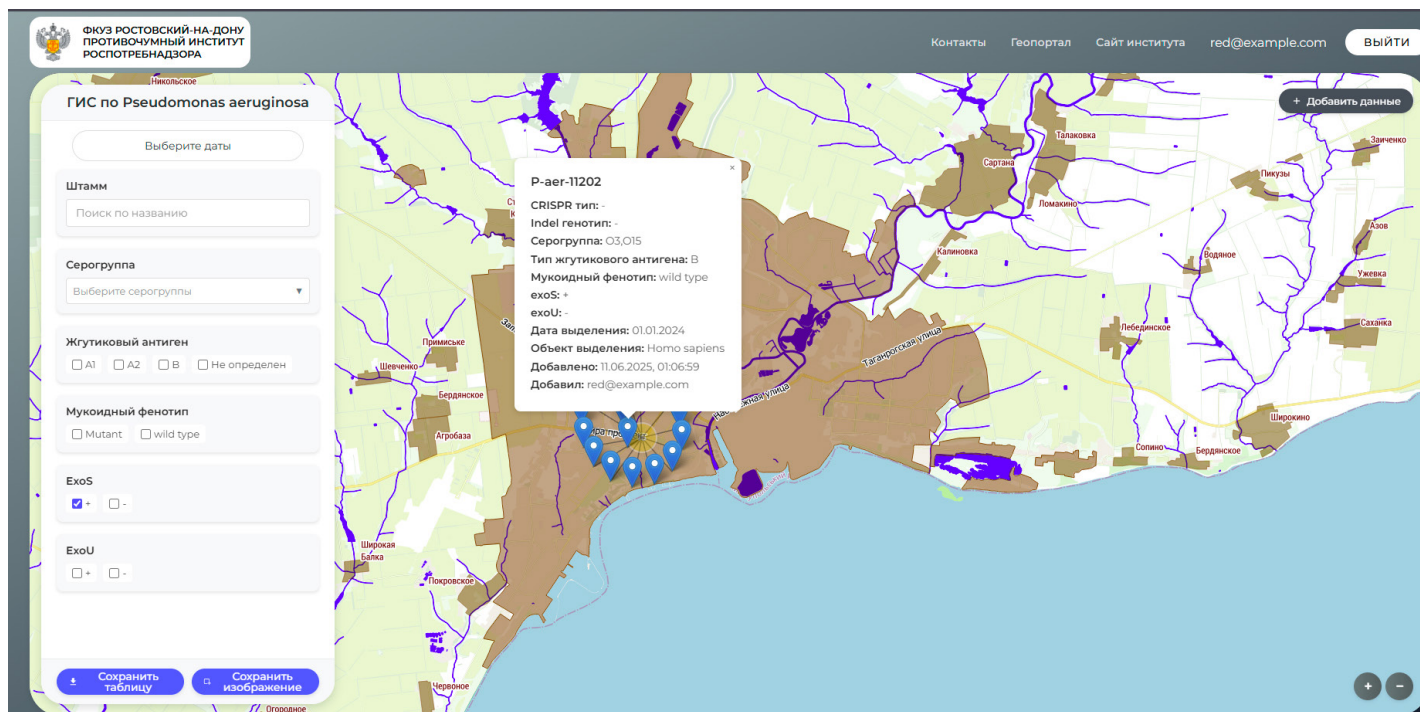


Рис. 2. Окно, отображающее информацию о штамме, а также окно выбора опций для фильтрации.
Fig. 2. A window displaying information about the strain, as well as a window for selecting options for filtering.

Геопозиционирование штаммов было произведено относительно центральной области населенного пункта, в котором он выделен, так как точные координаты и информация о месте выделения штамма *P. aeruginosa* не всегда имеются в базах данных. Аналогично было сделано и с временем выделения, за референс в основном брался год выделения.

ГИС расположена на центральном сервере института, что дает возможность сотрудникам, имеющим доступ, оперативно получать или пополнять информацию практически из любой точки страны и анализировать эти данные. Доступ к ГИС осуществляется через логин и пароль, функции для пользователя разделены, поэтому возможность пополнять данные о штаммах имеется не у всех пользователей данной системы.

Пространственный анализ позволяет не только визуализировать распространение штаммов, но и выявить потенциальные пути их циркуляции. Уже существующий отечественный ресурс AMRmap предоставляет возможность дополнительной оценки клинических изолятов с точки зрения их антибиотикорезистентности, наличия генетических маркеров устойчивости, а также предлагает статистические данные по выделенным штаммам. Вместе с тем платформа не содержит информации о факторах патогенности, а также не предусматривает доступ к данным об отдельных изолятах, что ограничивает возможности анализа в части определения их клональной принадлежности.

Разработка специализированных ГИС-ресурсов, таких как «ГИС *Pseudomonas aeruginosa*», способствует более эффективному выполнению задачи позволяя визуализации распространения штаммов и выявлению потенциальных зон риска. У *P. aeruginosa*, помимо циркулирующих клонов высокого риска (ST 111, 175, 233, 235, 277, 357, 654, 773), выявлены генетические детерминанты, связанные с тяжелым течением инфекции у пациентов [12, 13]. К числу наиболее значимых

факторов патогенности относятся гены *exoS* и *exoU*, кодирующие экзотоксины, которые играют ключевую роль в развитии инфекционного процесса и рассматриваются как важные маркеры вирулентности [12, 14]. Так, к примеру, штаммы *exoS*⁺ ассоциированы с острыми клиническими проявлениями, нередко приводящими к летальному исходу, тогда как штаммы *exoU*⁺ характеризуются более высокой вирулентностью и чаще вызывают тяжелые формы инфекции, включая смертельные случаи в течение 24–72 ч после начала клинических проявлений [15]. В то же время существуют гипервирулентные штаммы *exoS*⁺/*exoU*⁺ с повышенным цитотоксическим и патогенетическим потенциалом в связи с повышенным уровнем экспрессии *ExoS* и *ExoU* [16, 17].

Всемирная организация здравоохранения в 2024 г. пересмотрела классификацию *P. aeruginosa* и внесла ее в группу патогенов высокого приоритета, клоны с повышенным риском летального исхода распространены по всему миру и представляют угрозу для здоровья пациентов с инфекциями, вызванными этими штаммами, что требует их мониторинга и отслеживания мест циркуляции на территории нашей страны [18].

Так, благодаря разработанной ГИС можно оценить степень распространенности штаммов *exoS*⁺, *exoU*⁺, *exoS*⁺/*exoU*⁺. Среди геномов, доступных для анализа, на территории РФ преобладающим генотипом является *exoS*⁺, что составляет 88% от всех российских штаммов, при этом временной диапазон выделения данного генотипа очень широк, охватывая временной отрезок с 2014 по 2025 г. Генотип *exoU*⁺ встречается относительно редко и составляет ~12% среди штаммов *P. aeruginosa*, выделенных на территории России. Полученные данные согласуются с результатами других исследований, в которых доля изолятов с данным генотипом находилась на сопоставимом уровне, а в нашем случае была даже ниже [19]. Следует отметить, что времен-

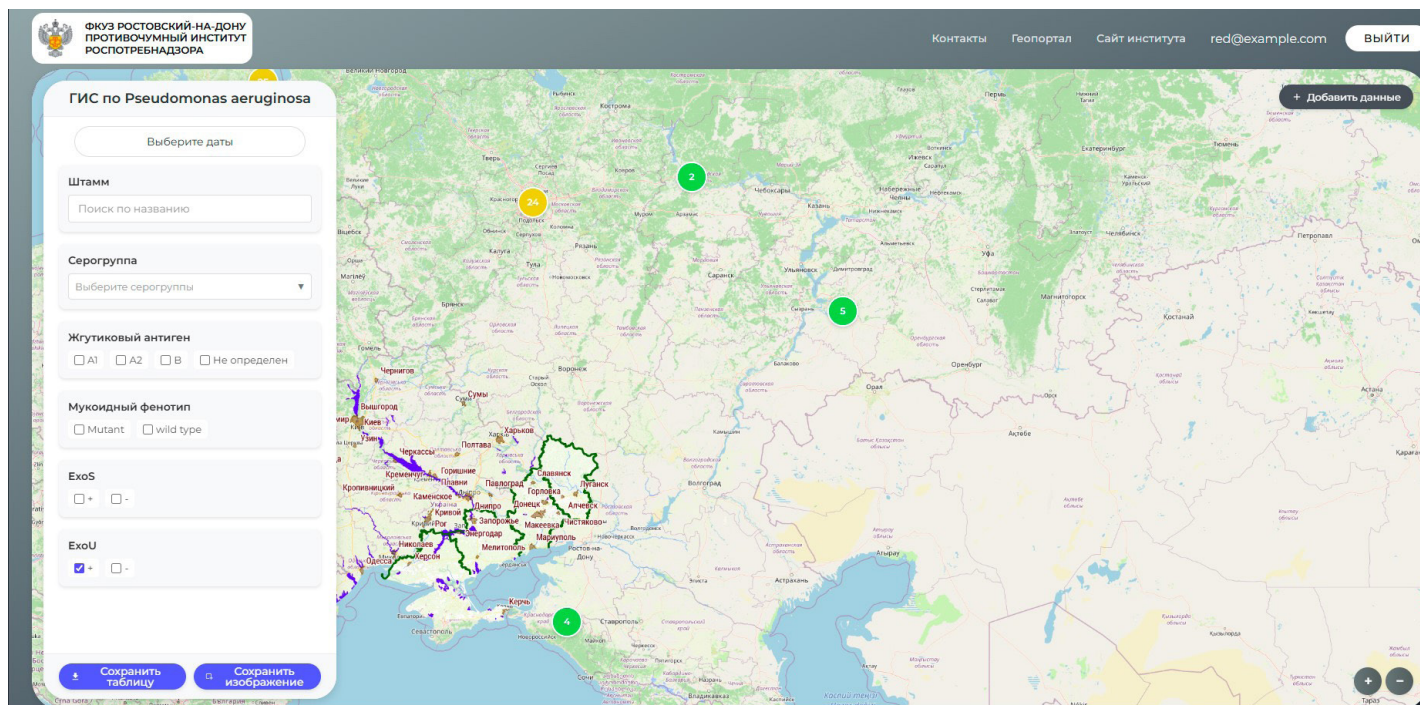


Рис. 3. Распространение генотипа *exoU*⁺ на территории Российской Федерации.
Fig. 3. Distribution of the *exoU*⁺ genotype in the Russian Federation.

ной период выявления штаммов с генотипом *exoU*⁺ охватывает практически те же годы, что и для *exoS*⁺, а именно – с 2014 по 2024 г. При этом большинство изолятов с генотипом *exoU*⁺ (68%) были выделены в г. Москве, что может быть связано как с высокой плотностью населения мегаполиса, так и с высоким уровнем миграции. Вместе с тем данный генотип пока зафиксирован лишь в центральных регионах России, на территории Поволжья и в Краснодарском крае. Это может указывать как на недостаточную представленность полногеномных данных по другим регионам, так и на ограниченное географическое распространение штаммов с подобным генотипом.

Примечательно, что генотип *exoU*⁺ не выявлен на территории ДНР и прилегающих районов Ростовской области, включая г. Ростов-на-Дону, при этом данный генотип присутствует в изолятах из г. Краснодара. Это представляется интересным, поскольку г. Ростов-на-Дону является одним из ключевых транспортных узлов, связывающих регионы Северного Кавказа и Крым с центральными районами России (рис. 3) [20].

Отсутствие выявленных случаев распространения штаммов *exoU*⁺ на территории Ростовской области и ДНР, несмотря на тесные транспортные и хозяйственные связи с Краснодарским краем, позволяет предположить ограниченный характер циркуляции данных штаммов и их локальное происхождение в г. Краснодаре. С другой стороны, это также может указывать на недостаточный объем информации о подобных генотипах, циркулирующих в данных регионах, как уже говорилось выше, что требует более тщательного исследования этого вопроса. Однако генотипы штаммов, представленные в г. Краснодаре, имеют сходные не только вирулотипы, но и серотип, а также жгутиковый антиген, что указывает на клональную природу данных изолятов и локальный характер их происхождения.

Примечательно, что штаммы *exoU*⁺, выделенные в Москве, Нижнем Новгороде и Самаре, демонстрируют сходство, указывающее на их клональное происхождение. Однако каждый штамм из этих регионов обладает уникальной комбинацией генетических маркеров (серотип и жгутиковый антиген), что придает выделенным изолятам выраженную региональную специфичность. Особое внимание заслуживает факт длительной циркуляции большинства штаммов *exoU*⁺ в г. Москве – с 2015 по 2024 г. Это может свидетельствовать о сохранении и накоплении наиболее вирулентных вариантов *P. aeruginosa* в условиях мегаполиса с высокой миграцией. Следовательно, необходим усиленный эпидемиологический надзор с целью предотвращения дальнейшего распространения высоковирулентных штаммов.

На территории РФ гипервирулентные генотипы *P. aeruginosa* – *exoS*⁺/*exoU*⁺ – представлены лишь 2 штаммами (рис. 4). Несмотря на их сходство по вирулотипу, типу жгутикового антигена и серогруппе, различие во времени выделения не позволяет однозначно исключить клональное происхождение данных изолятов. Вместе с тем наличие мукоидного фенотипа только у штамма, выделенного в г. Москве, указывает на потенциальную независимость и возможность циркуляции в разных регионах страны как отдельных клинических вариантов.

Анализ имеющихся сведений о генетической структуре и географическом распространении клинических штаммов *P. aeruginosa* демонстрирует необходимость комплексного подхода, объединяющего геоинформационные технологии и молекулярно-генетические методы в рамках эпидемиологического надзора. Такая интеграция способствует не только прослеживанию путей циркуляции возбудителя, но и выявлению регионов с повышенным риском распространения гипервирулентных штаммов.

Разработанный нами ресурс представляет собой удобный и доступный инструмент для анализа пространственного

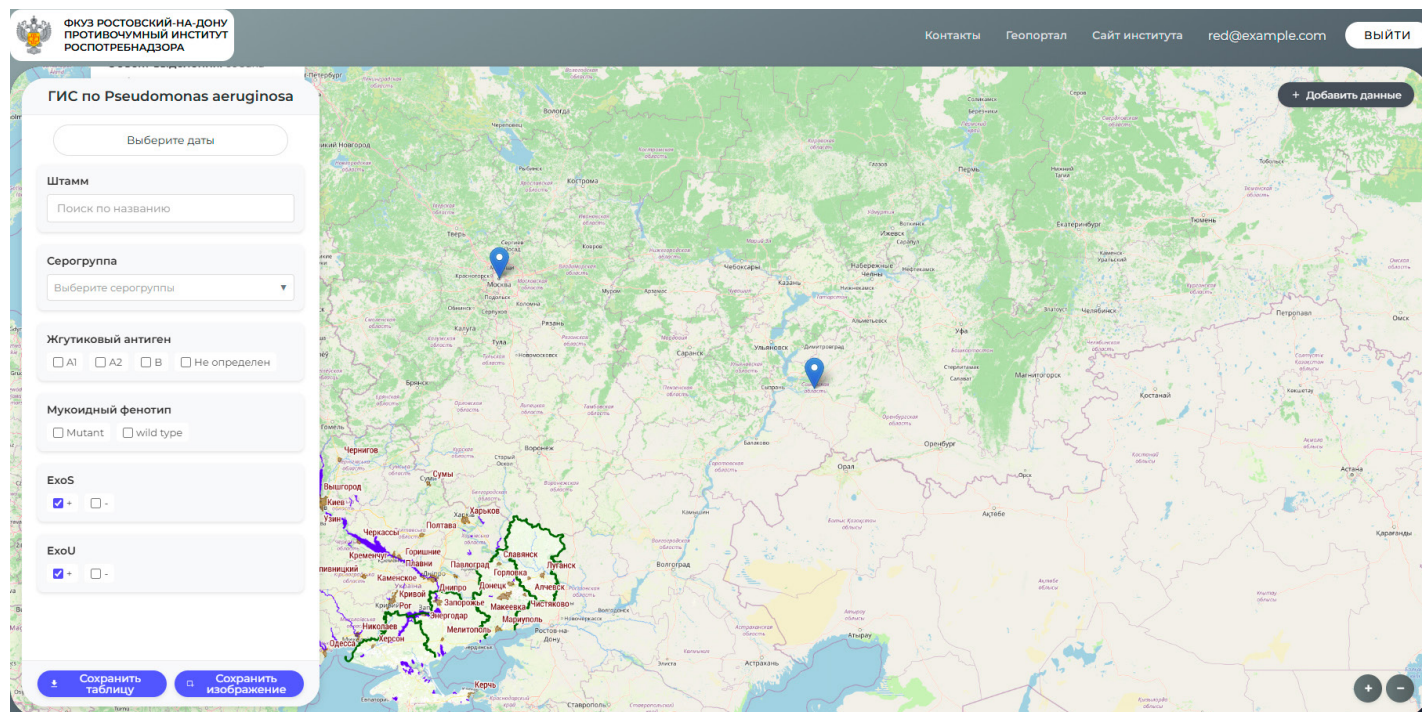


Рис. 4. Распространение генотипа *exoS+exoU+* на территории Российской Федерации.
Fig. 4. Distribution of the *exoS+exoU+* genotype in the Russian Federation.

распространения различных изолятов синегнойной палочки. Его использование может быть востребовано в системе эпидемиологического мониторинга. Регулярное обновление базы данных с включением новых генетических характеристик позволит повысить чувствительность наблюдения за изменением популяционной структуры возбудителя, прогнозировать возможные вспышки и оперативно реагировать на появление потенциально опасных вариантов и отследить их внутрибольничное распространение.

Дальнейшее развитие специализированных платформ, таких как «ГИС *Pseudomonas aeruginosa*», способствует профилактике распространения клинически значимых форм данного патогена.

Заключение

В заключение следует отметить, что ГИС-технологии все активнее используются в эпидемиологическом мониторинге для пространственного анализа распространения инфекционных заболеваний. В рамках настоящего исследования впервые разработана ГИС для *P. aeruginosa*, основанная на интеграции данных о генетических маркерах и молекулярных характеристиках штаммов, предоставляющая возможность проводить выборку штаммов непосредственно на электронной карте. С помощью «ГИС *Pseudomonas aeruginosa*» продемонстрировано локальное распространение наиболее вирулентных изолятов *exoU+* на территории России, характерное для определенных регионов, что указывает на региональную специфичность их циркуляции. Поэтому использование данной системы будет весьма полезно в практике работы учреждений, занимающихся проведением эпидемиологического надзора за синегнойной инфекцией. В дальнейшем планируется пополнять ГИС информацией, имеющей значение для выявления генетиче-

ских особенностей штаммов, путей распространения и выявления клональных комплексов. ГИС расположена на сервере ФКУЗ «Ростовский-на-Дону противочумный институт» Роспотребнадзора и доступна для работы сотрудникам всех заинтересованных ведомств.

Информация о финансировании

Исследование проведено в рамках отраслевой научно-исследовательской программы Роспотребнадзора (2021–2025 гг.).

Financial support

The study was conducted as part of the Rospotrebnadzor industry research program (2021–2025).

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interests

The authors declare that there is no conflict of interest.

Вклад авторов

Все авторы внесли существенный вклад в разработку концепции, проведение исследования и подготовку статьи, прочли и одобрили финальную версию перед публикацией.

Author contribution

All authors made a substantial contribution to the conception of the work, acquisition, analysis, interpretation of data for the work, drafting and revising the work, final approval of the version to be published and agree to be accountable for all aspects of the work.

Литература

1. Побединский ГГ, Сарсков СА, Вьюшков МВ. Прототип раздела эпидемиологического атласа «Мониторинг заболеваемости COVID-19». Фундаментальные

- и прикладные аспекты анализа риска здоровью населения: Материалы всероссийской научно-практической интернет-конференции молодых ученых и специалистов Роспотребнадзора с международным участием. Пермь: Изд-во Перм. нац. исслед. политехн. ун-та, 2020;394-402.
2. Попова АЮ, Ежлова ЕБ, Смоленский ВЮ, Летушев АН, Трескин АА, Иванова АВ, и др. Автоматизированная информационная система «Периметр» – инструмент для модернизации информационного и технического обеспечения санитарно-карантинного контроля. Проблемы особо опасных инфекций. 2023;3:6-14. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-3-6-14
 3. Водопьянов АС, Водопьянов СО, Мишанькин БН, Олейников ИП. ГИС «Холера-Интернет» – использование современных интернет-технологий в эпидемиологической практике. Здоровье населения и среда обитания. 2016;12(285):36-39.
 4. Герасименко ДК, Рязанова АГ, Буравцева НП, Мезенцев ВМ, Семенко ОВ, Аксенова ЛЮ, и др. Ретроспективный анализ эпизоотолого-эпидемиологической ситуации по сибирской язве в Республике Крым с применением ГИС-технологий. Здоровье населения и среда обитания. 2020;11(332):78-84. DOI: 10.35627/2219-5238/2020-332-11-78-84
 5. Водяницкая СЮ, Судьина ЛВ, Логвин ФВ, Водопьянов АС, Киреев ЮГ, Баташев ВВ. ГИС-технологии в совершенствовании эпидемиологического надзора за сибирской язвой в Ростовской области. Эпидемиология и инфекционные болезни. 2016;21(3):152-156. DOI: 10.18821/1560-9529-2016-21-3-152-156
 6. Смелянский ВП, Жуков КВ, Бородай НВ, Никитин ДН, Таратутина МН, Кондратенко ЕВ. Современное состояние проблемы природно-очаговых инфекций на территории Волгоградской области. Здоровье населения и среда обитания. 2021;11:83-93. DOI: 10.35627/2219-5238/2021-29-11-83-93
 7. Дубянский ВМ, Мезенцев ВМ, Ашибокон УМ. Пространственное распределение эпизоотических проявлений чумы в связи с орографическими и эдафическими факторами в Центрально-Кавказском высокогорном природном очаге. Проблемы особо опасных инфекций. 2024;4:63-69. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-4-63-69
 8. Кузьменков АЮ, Виноградова АГ, Трушин ИВ, Эйдельштейн МВ, Авраменко АА, Дехнич АВ, и др. AMRmap-система мониторинга антибиотикорезистентности в России. Клиническая микробиология и антимикробная химиотерапия. 2021;23(2):198-204. DOI: 10.36488/смас.2021.2.198-204
 9. Ковалевич АА, Водопьянов АС, Писанов РВ. Современные аспекты генетической организации *Pseudomonas aeruginosa* как одного из возбудителей внебольничных и нозокомиальных пневмоний. Бактериология. 2024;9(1):87-94. DOI: 10.20953/2500-1027-2024-1-87-94
 10. Перфильева ДЮ, Мирошниченко АГ, Куликов ЕС, Бойков ВА, Нестерович СВ, Перфильев ВЮ. Внутрибольничные инфекции: взгляд на проблему в условиях глобальной угрозы антибиотикорезистентности (обзор). Сибирский журнал клинической и экспериментальной медицины. 2024;39(1):28-37. DOI: 10.29001/2073-8552-2024-39-1-28-37
 11. Mekonnen H, Seid A, Molla Fenta G, Gebrecherkos T. Antimicrobial resistance profiles and associated factors of *Acinetobacter* and *Pseudomonas aeruginosa* nosocomial infection among patients admitted at Dessie comprehensive specialized Hospital, North-East Ethiopia. A cross-sectional study. PLoS One. 2021 Nov 15;16(11):e0257272. DOI: 10.1371/journal.pone.0257272
 12. Алексеева АЕ, Бруснигина НФ, Махова МА. Оценка механизмов устойчивости к антимикробным препаратам клинических штаммов *Pseudomonas aeruginosa*. Русский медицинский журнал. 2023;10:48-51.
 13. Recio R, Sánchez-Diener I, Viedma E, Meléndez-Carmona MÁ, Villa J, Orellana MÁ, et al. Pathogenic characteristics of *Pseudomonas aeruginosa* bacteraemia isolates in a high-endemicity setting for ST175 and ST235 high-risk clones. Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 2020 Apr;39(4):671-678. DOI: 10.1007/s10096-019-03780-z
 14. Plókarz D, Bierowiec K, Rypuła K. Screening for Antimicrobial Resistance and Genes of Exotoxins in *Pseudomonas aeruginosa* Isolates from Infected Dogs and Cats in Poland. Antibiotics (Basel). 2023 Jul 24;12(7):1226. DOI: 10.3390/antibiotics12071226
 15. Gupte A, Jyot J, Ravi M, Ramphal R. High pyocyanin production and non-motility of *Pseudomonas aeruginosa* isolates are correlated with septic shock or death in bacteremic patients. PLoS One. 2021 Jun 11;16(6):e0253259. DOI: 10.1371/journal.pone.0253259
 16. Song Y, Mu Y, Wong NK, Zhuo Y, Juan L, Min Y. Emergence of hypervirulent *Pseudomonas aeruginosa* pathotypically armed with co-expressed T3SS effectors ExoS and ExoU. Hlife. 2023;1(1):44-56. DOI: 10.1016/j.hlife.2023.02.001
 17. Sarges EDSNF, Rodrigues YC, Furlaneto IP, de Melo MVH, Brabo GLDC, Lopes KCM, et al. *Pseudomonas aeruginosa* type III secretion system virulotypes and their association with clinical features of cystic fibrosis patients. Infection and Drug Resistance. 2020;3:771-3781. DOI: 10.2147/IDR.S273759
 18. World Health Organization. WHO bacterial priority pathogens list, 2024: bacterial pathogens of public health importance, to guide research, development, and strategies to prevent and control antimicrobial resistance. World Health Organization. 2024;11.
 19. Nolasco-Romero CG, Prado-Galbarro FJ, Jimenez-Juarez RN, Gomez-Ramirez U, Cancino-Díaz JC, López-Marceliano B, et al. The exoS, exoT, exoU and exoY Virulotypes of the Type 3 Secretion System in Multidrug Resistant *Pseudomonas aeruginosa* as a Death Risk Factor in Pediatric Patients. Pathogens. 2024;13(12):1030. DOI: 10.3390/pathogens13121030
 20. Андреева ЮВ. Градостроительное формирование и развитие территории промышленности в структуре города Ростова-на-Дону. Architecture and Modern Information Technologies. 2023;1:287-296. DOI: 10.24412/1998-4839-2023-1-287-296

References

1. Pobedinsky GG, Sarskov SA, V'yushkov MV. Prototip razdela epidemiologicheskogo atlasa «Monitoring zabolevaemosti COVID-19». Fundamental'nye i prikladnye aspekty analiza riska zdorov'yu naseleniya: Materialy vserossiiskoi nauchno-prakticheskoi internet-konferentsii molodykh uchenykh i spetsialistov Rospotrebnadzora s mezhdunarodnym uchastiem. Perm': Izd-vo Perm. nats. issled. politekhn. un-ta, 2020;394-402. (In Russian).
2. Popova AYU, Ezhlova EB, Smolensky VYu, Letyushev AN, Treskin AA, Ivanova AV, et al. The automated information system "Perimeter" is a tool for the modernization of information and technical support of sanitary and quarantine control. Problems of Particularly Dangerous Infections. 2023;3:6-14. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-3-6-14 (In Russian).
3. Vodop'yanov AS, Vodop'yanov SO, Mishan'kin BN, Oleynikov IP. GIS "CholeraInternet" – the use of modern internet technologies in epidemiological practice. Public Health and Life Environment. 2016;12(285):36-39. (In Russian).
4. Gerasimenko DK, Ryzanova AG, Buravtseva NP, Mezentsev VM, Semenko OV, Aksanova LYU, et al. A GIS-based retrospective analysis of the epizootiologic and epidemiological situation of anthrax in the Republic of Crimea. Public Health and Life Environment (PH&LE). 2020;11(332):78-84. DOI: 10.35627/2219-5238/2020-332-11-78-84 (In Russian).
5. Vodyanitskaya SYu, Sud'ina LV, Logvin FV, Vodop'yanov AS, Kireev YuG, Batashev VV. GIS-technologies in the advancement of epidemiological surveillance for anthrax in the Rostov region. Epidemiology and Infectious Diseases. 2016;21(3):152-156. DOI: 10.18821/1560-9529-2016-21-3-152-156 (In Russian).
6. Smelyanskii VP, Zhukov KV, Borodai NV, Nikitin DN, Taratutina MN, Kondratenko EV. The problem of natural focal infectious diseases in the Volgograd Region: A state-of-the-art review. Public Health and Life Environment (PH&LE). 2021;11:83-93. DOI: 10.35627/2219-5238/2021-29-11-83-93 (In Russian).
7. Dubyansky VM, Mezentsev VM, Ashibokov UM. Spatial Distribution of Epizootic Manifestations of Plague in Connection with Orographic and Edaphic Factors in the Central Caucasian High-Mountain Natural Focus. Problems of Particularly

- Dangerous Infections. 2024;4:63-69. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-4-63-69 (In Russian).
8. Kuz'menkov AYu, Vinogradova AG, Trushin IV, Eidel'shtein MV, Avramenko AA, Dekhnich AV, et al. AMRmap – antibiotic resistance surveillance system in Russia. *Clinical Microbiology and Antimicrobial Chemotherapy*. 2021;23(2):198-204. DOI: 10.36488/cmac.2021.2.198-204 (In Russian).
 9. Kovalevich AA, Vodopyanov AS, Pisanov RV. Modern aspects of the genetic organization of *Pseudomonas aeruginosa* as one of the pathogens of community-acquired and nosocomial pneumonia. *Bacteriology*. 2024;9(1):87-94. DOI: 10.20953/2500-1027-2024-1-87-94 (In Russian).
 10. Perfilova DYu, Miroshnichenko AG, Kulikov ES, Boykov VA, Nesterovich SV, Perfilov VYu. Nosocomial infections: a look at the problem in the context of the global threat of antibiotic resistance (review). *Siberian Journal of Clinical and Experimental Medicine*. 2024;39(1):28-37. DOI: 10.29001/2073-8552-2024-39-1-28-37 (In Russian).
 11. Mekonnen H, Seid A, Molla Fenta G, Gebrecherkos T. Antimicrobial resistance profiles and associated factors of *Acinetobacter* and *Pseudomonas aeruginosa* nosocomial infection among patients admitted at Dessie comprehensive specialized Hospital, North-East Ethiopia. A cross-sectional study. *PLoS One*. 2021 Nov 15;16(11):e0257272. DOI: 10.1371/journal.pone.0257272
 12. Alekseeva AE, Brusnigina NF, Makhova MA. Assessment of the antimicrobial resistance mechanisms of *Pseudomonas aeruginosa* clinical strains. *RMJ*. 2023;10:48-51. (In Russian).
 13. Recio R, Sánchez-Diener I, Viedma E, Meléndez-Carmona MÁ, Villa J, Orellana MÁ, et al. Pathogenic characteristics of *Pseudomonas aeruginosa* bacteraemia isolates in a high-endemicity setting for ST175 and ST235 high-risk clones. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*. 2020 Apr;39(4):671-678. DOI: 10.1007/s10096-019-03780-z
 14. Plókarz D, Bierowiec K, Rypuła K. Screening for Antimicrobial Resistance and Genes of Exotoxins in *Pseudomonas aeruginosa* Isolates from Infected Dogs and Cats in Poland. *Antibiotics (Basel)*. 2023 Jul 24;12(7):1226. DOI: 10.3390/antibiotics12071226
 15. Gupte A, Jyot J, Ravi M, Ramphal R. High pyocyanin production and non-motility of *Pseudomonas aeruginosa* isolates are correlated with septic shock or death in bacteremic patients. *PLoS One*. 2021 Jun 11;16(6):e0253259. DOI: 10.1371/journal.pone.0253259
 16. Song Y, Mu Y, Wong NK, Zhuo Y, Juan L, Min Y. Emergence of hypervirulent *Pseudomonas aeruginosa* pathotypically armed with co-expressed T3SS effectors ExoS and ExoU. *Hlife*. 2023;1(1):44-56. DOI: 10.1016/j.hlife.2023.02.001
 17. Sarges EDSNF, Rodrigues YC, Furlaneto IP, de Melo MVH, Brabo GLDC, Lopes KCM, et al. *Pseudomonas aeruginosa* type III secretion system virulotypes and their association with clinical features of cystic fibrosis patients. *Infection and Drug Resistance*. 2020;3:771-781. DOI: 10.2147/IDR.S273759
 18. World Health Organization. WHO bacterial priority pathogens list, 2024: bacterial pathogens of public health importance, to guide research, development, and strategies to prevent and control antimicrobial resistance. World Health Organization. 2024;11.
 19. Nolasco-Romero CG, Prado-Galbarro FJ, Jimenez-Juarez RN, Gomez-Ramirez U, Cancino-Díaz JC, López-Marceliano B, et al. The exoS, exoT, exoU and exoY Virulotypes of the Type 3 Secretion System in Multidrug Resistant *Pseudomonas aeruginosa* as a Death Risk Factor in Pediatric Patients. *Pathogens*. 2024;13(12):1030. DOI: 10.3390/pathogens13121030
 20. Andreeva JV. The urban planning formation and development of the territory of industry in the structure of the city of Rostov-on-Don. *Architecture and Modern Information Technologies*. 2023;1:287-296. DOI: 10.24412/1998-4839-2023-1-287-296 (In Russian).

Информация о соавторах:

Водопьянов Алексей Сергеевич, кандидат медицинских наук, ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярной биологии природно-очаговых и зоонозных инфекций ФКУЗ «Ростовский-на-Дону ордена Трудового Красного Знамени научно-исследовательский противочумный институт» Роспотребнадзора
ORCID: 0000-0002-9056-3231

Василенко Евгений Дмитриевич, системный администратор, отдел информационных технологий ФКУЗ «Ростовский-на-Дону ордена Трудового Красного Знамени научно-исследовательский противочумный институт» Роспотребнадзора
ORCID: 0009-0009-0923-9265

Писанов Руслан Вячеславович, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, заведующий лабораторией молекулярной биологии природно-очаговых и зоонозных инфекций ФКУЗ «Ростовский-на-Дону ордена Трудового Красного Знамени научно-исследовательский противочумный институт» Роспотребнадзора
ORCID: 0000-0002-7178-8021

Information about co-authors:

Alexey S. Vodopyanov, MD, PhD, Leading Researcher, Laboratory of molecular biology of natural focal and zoonotic infections, Rostov-on-Don Antiplague Institute Rospotrebnadzor
ORCID: 0000-0002-9056-3231

Evgeny D. Vasilenko, system administrator, Information Technology Department, Rostov-on-Don Antiplague Institute Rospotrebnadzor
ORCID: 0009-0009-0923-9265

Ruslan V. Pisanov, PhD in Biological Sciences, Leading Researcher, Laboratory of molecular biology of natural focal and zoonotic infections, Rostov-on-Don Antiplague Institute Rospotrebnadzor
ORCID: 0000-0002-7178-8021

НОВОСТИ НАУКИ

Заморозка под высоким давлением повышает выживаемость клеток при использовании меньшего количества криопротекторов

Криоконсервация путем витрификации обычно требует 30–50% об./об. цитотоксичных проникающих криопротекторных агентов (КПА), чтобы предотвратить образование кристаллов льда во время замораживания и оттаивания, что ограничивает ее более широкое применение. Поскольку давление подавляет кристаллизацию льда, применение высокого давления во время витрификации может позволить снизить концентрацию КПА при сохранении жизнеспособности клеток. В этом исследовании мы использовали устройство криофиксации с высоким давлением (HPF), которое обычно используется для криофиксации, для успешной криоконсервации двумерных слоев клеток и трехмерных клеточных сфероидов с 20–30% об./об. проникающих КПА. По сравнению с обычным погружением в жидкий азот, слои клеток HPF демонстрировали более высокую жизнеспособность после оттаивания и лучшее удержание на субстрате, что позволяло проводить последующее размножение. Сфероиды клеток HPF показали улучшенную жизнеспособность клеток, метаболическую активность и сохраняли межклеточное сцепление. Разработка устройств HPF специально для криоконсервации в сочетании с передовыми методами оттаивания сулит достижение витрификации с низким или даже без КПА.

Fang Song, et al.

A proof-of-concept study on high pressure freezing for cryopreservation.
PNAS Nexus (2026). DOI: 10.1093/pnasnexus/pgag065