

Применение современных методов исследования для уточнения видовой аутентичности штаммов бактерий рода *Salmonella* из фонда Государственной коллекции патогенных бактерий ФКУН «Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора

Е.Ю.Агафонова, И.А.Касьян, Е.А.Нарышкина, Н.А.Шарапова, А.В.Фёдоров, Н.Е.Щербакова, А.В.Осин

ФКУН «Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора, Саратов, Российская Федерация

Исторически классификация сальмонелл была основана на клинических признаках и особенностях поражения животных-хозяев (*Salmonella Typhi* – брюшной тиф, *Salmonella Choleraesuis* – холера свиней и т.д.). Но с развитием техник культивирования и идентификации микроорганизмов, совершенствования методов молекулярной биологии выяснилось, что многие виды сальмонелл обладают обширным адаптивным потенциалом, способны инфицировать различные организмы. Классический метод типирования сальмонелл – серотипирование – имеет ряд недостатков. В настоящее время начинают внедрять в работу новые подходы на основе анализа полных геномов (SeqSero2 и SISTR).

Целью работы являлось проведение расширенного изучения и номенклатурная ревизия штаммов бактерий рода *Salmonella*, поддерживаемых в коллекционном фонде Государственной коллекции патогенных бактерий (ГКПБ) ФКУН «Российский противочумный институт «Микроб».

Материалы и методы. В работе было использовано 43 штамма бактерий рода *Salmonella* из фонда ГКПБ ФКУН «Российский противочумный институт «Микроб». Штаммы были изучены с помощью биохимических, серологических, молекулярно-генетических методов.

Результаты и обсуждение. При комплексном и углубленном изучении штаммов было установлено новое таксономическое положение 4 штаммов – 2 штаммов *Shigella sonnei* и 2 штаммов *Morganella morganii*. Установлено наличие основных маркеров патогенности (гены *stn*, *invA*, *fimA*, *clyA*) и плазмиды вирулентности (*spvR/C*) у изученных штаммов бактерий рода *Salmonella*. Получены новые данные о свойствах штаммов сальмонелл из фонда ГКПБ и установлено таксономическое положение с учетом требований современной систематики.

Заключение. Уточнено таксономическое положение 4 штаммов, изначально неверно отнесенных к роду *Salmonella*. Установлены основные факторы патогенности изученных штаммов сальмонелл. Обновлены данные по биохимическим и серологическим характеристикам коллекционных штаммов бактерий рода *Salmonella*.

Ключевые слова: *Salmonella enterica*, типирование, геносеротипирование, коллекционная деятельность

Для цитирования: Агафонова Е.Ю., Касьян И.А., Нарышкина Е.А., Шарапова Н.А., Фёдоров А.В., Щербакова Н.Е., Осин А.В. Применение современных методов исследования для уточнения видовой аутентичности штаммов бактерий рода *Salmonella* из фонда Государственной коллекции патогенных бактерий ФКУН «Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора. Бактериология. 2026; 11(1): 54–60. DOI: 10.20953/2500-1027-2026-1-54-60

Application of modern research methods to clarify the species authenticity of collection strains of bacteria of the genus *Salmonella*

E.Yu.Agafonova, I.A.Kasyan, E.A.Naryshkina, N.A.Sharapova, A.V.Fedorov, N.E.Shcherbakova, A.V.Osin

Russian Anti-Plague Institute “Microbe”, Rospotrebnadzor, Saratov, Russian Federation

Для корреспонденции:

Агафонова Елена Юрьевна, кандидат биологических наук, научный сотрудник отдела Государственная коллекция патогенных бактерий ФКУН «Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора

Адрес: 410005, Саратов, ул. Университетская, 46

Телефон: (8452) 51-52-13

E-mail: rusrap@microbe.ru

ORCID: 0000-0001-9988-6312

Статья поступила 15.10.2025, принята к печати 30.03.2026

For correspondence:

Elena Yu. Agafonova, PhD in Biological Sciences, Researcher, Department of State Collection of Pathogenic Bacteria, Russian Anti-Plague Institute “Microbe” of Rospotrebnadzor

Address: 46 Universitetskaya str., Saratov, 410005, Russian Federation

Phone: 8(8452)51-52-13

E-mail: rusrap@microbe.ru

ORCID: 0000-0001-9988-6312

The article was received 15.10.2025, accepted for publication 30.03.2026

The classification of salmonella was based on clinical signs and characteristics of the host animal lesions (*Salmonella* Typhi – typhoid fever, *Salmonella* Choleraesuis – swine cholera, etc.). However, with the development of microorganism cultivation and identification techniques and the improvement of molecular biology methods, it became clear that many *Salmonella* species have extensive adaptive potential and are capable of infecting various organisms. The classical method of salmonella typing – serotyping – has a number of disadvantages. Currently, new approaches based on the analysis of complete genomes (SeqSero2 and SISTR) are being introduced into work.

The aim of the work was to conduct an extended study and nomenclature revision of the strains of bacteria of the genus *Salmonella* maintained in the collection fund of the State Collection of Pathogenic Bacteria (SCPБ) of the Russian Anti-Plague Institute “Microbe”.

Materials and methods. The study involved 43 strains of *Salmonella* bacteria from the collection of the SCPБ. The strains were studied using biochemical, serological, and molecular genetic methods.

Results and discussion. A comprehensive and in-depth study of the strains allowed us to establish a new taxonomic position for 4 strains: 2 *Shigella sonnei* strains and 2 *Morganella morganii* strains. The study revealed the presence of the main pathogenicity markers (*stn*, *invA*, *fimA*, *clyA* genes) and virulence plasmids (*spvR/C*) in the studied strains of *Salmonella* bacteria. New data were obtained on the properties of *Salmonella* strains from the SCPБ and their taxonomic position was established taking into account the requirements of modern taxonomy.

Conclusions. The taxonomic position of 4 strains that were initially incorrectly assigned to the genus *Salmonella* was clarified. The main pathogenicity factors of the studied *Salmonella* strains were established. Updated data on biochemical and serological characteristics of collection strains of bacteria of the genus *Salmonella*.

Key words: *Salmonella enterica*, typing, geno-serotyping, collection activities

For citation: Agafonova E.Yu., Kasyan I.A., Naryshkina E.A., Sharapova N.A., Fedorov A.V., Shcherbakova N.E., Osin A.V. Application of modern research methods to clarify the species authenticity of collection strains of bacteria of the genus *Salmonella*. Bacteriology. 2026; 11(1): 54–60. (In Russian). DOI: 10.20953/2500-1027-2026-1-54-60

Одним из важнейших направлений коллекционной деятельности является определение таксономической принадлежности штаммов и подтверждение их аутентичности, т.е. соответствие заявленных характеристик, указанных в паспорте, на момент поступления. Указанное в паспортах таксономическое положение штаммов определялось в момент идентификации и согласно нормам таксономии тех лет. Современная систематика бактерий достаточно динамична в связи с получением все более новых данных о штаммах. Исторически сложившийся процесс установления таксономической принадлежности штаммов микроорганизмов основан на изучении большого количества морфологических, культуральных, биохимических, антигенных свойств. Поэтому нередки случаи, когда штаммы, идентифицированные по фенотипическим свойствам как один вид, при более глубоком изучении оказывались иной видовой принадлежности. Так как выделение и описание некоторых штаммов микроорганизмов проводилось в первой половине XX века, сведения об их свойствах могут быть достаточно разрознены и не всегда стандартизированы.

Сальмонеллы исторически были классифицированы клинически как инвазивные (брюшнотифозные) и неинвазивные (нетифозные/небрюшнотифозные сальмонеллы) на

Family: Enterobacteriaceae

Genus: *Salmonella*

Species: *Salmonella bongori*

Species: *Salmonella subterranea*

Species: *Salmonella enterica*

Subspecies: *Salmonella enterica* subsp. *arizonae*

Salmonella enterica subsp. *diarizonae*

Salmonella enterica subsp. *enterica* (более 2600 сероваров)

Salmonella enterica subsp. *houtenae*

Salmonella enterica subsp. *indica*

Salmonella enterica subsp. *salamae*

Рисунок. Современная систематика бактерий рода *Salmonella* [4].
Fig. 1. Modern taxonomy of bacteria of the genus *Salmonella* [4].

основе предпочтений организма-хозяина и проявлений заболевания у людей. Каждый вид сальмонелл был назван в соответствии с клиническими проявлениями и специфичностью к организму хозяина, например, *Salmonella typhimurium* (мышинный тиф), *S. choleraesuis* (холера свиней), *S. abortusovis* (аборт овец), *S. abortusequi* (аборт лошадей). После того как было признано, что специфичность хозяина не существенна для многих видов сальмонелл, новые штаммы стали получать видовые названия в соответствии с местом выделения (*S. dublin*, *S. moscow*, *S. potsdam*). В 1988–1989 гг. Le Minor et Popoff, используя данные молекулярно-генетических исследований, показали, что род *Salmonella* состоит из видов *S. enterica*, *S. bongori* и *S. subterranea*, и превратили бывшие названия видов в серовары. Только к 2005 г. окончательно сложилась современная номенклатура рода *Salmonella* (рисунок) [1–4].

Однако названия наиболее часто встречающихся сероваров *Salmonella* настолько известны, что было бы нереалистично заменить их на антигенную формулу. Названия сероваров были сохранены только для подвида *enterica*, как наиболее распространенного.

Для сальмонелл золотым стандартом типирования является серотипирование с использованием специфических сывороток. Типирование проводят по стандартной схеме Кауффмана–Уайта–Ле-Минора (9-е издание, 2007 г.), определяя соматический O- и жгутиковый H-антигены. Несмотря на то, что серотипирование используется почти столетие и постоянно совершенствуется, метод имеет ряд недостатков. Это трудоемкость процесса и длительность его выполнения, необходимость иметь большое количество дорогостоящих сывороток, высокие требования к профессионализму и опыту исследователей, также сюда следует отнести встречаемость неагглютинабельных и монофазных штаммов сальмонелл [1, 5, 6].

В настоящее время пытаются внедрить в практику и совершенствовать процесс типирования штаммов сальмонелл на основе анализа данных полногеномного секвенирования, определяя различия в соматических и жгутиковых

Таблица 1. Список использованных в работе штаммов
 Table 1. List of strains used in the work

№	Наименование штамма / Strain name	Место/год выделения / Place/ year of allocation	Источник выделения / Source	№	Наименование штамма / Strain name	Место/год выделения / Place/ year of allocation	Источник выделения / Source
1	<i>S. abdominalis</i> M-29	Саратов / Saratov/1960	Человек / Human	23	<i>S. Paratyphi</i> B M-53	*	*
2	<i>S. abdominalis</i> M-30	Саратов / Saratov/1960	Человек / Human	24	<i>S. Paratyphi</i> B M-54	Саратов / Saratov/1966	Человек / Human
3	<i>S. Typhi abdominalis</i> M-31	Саратов / Saratov/1966	Человек / Human	25	<i>S. suipestifer</i> M-55	*	*
4	<i>S. Typhi abdominalis</i> M-32	Китай / China/*	*	26	<i>S. Enteritidis</i> M-57	*/1947	*
5	<i>S. Typhi abdominalis</i> M-33	Китай / China/*	*	27	<i>S. Dublin</i> M-59	*	*
6	<i>S. Typhi</i> M-34	Лондон / London/*	*	28	<i>S. Enteritidis</i> Danysz M-61	Лондон / London/*	*
7	<i>S. Typhi</i> M-35	Туркменская ССР/* Turkmen SSR/*	*	29	<i>S. suipestifer</i> M-86	Лондон / London/*	*
8	<i>S. Typhi</i> M-36	Лондон / London/*	*	30	<i>S. Enteritidis</i> Danysz M-518	*	*
9	<i>S. Typhi</i> M-37	Лондон / London/*	*	31	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> ser. Typhi M-747	*	*
10	<i>S. Typhimurium</i> M-38	Чита / Chita/1947	Тарбаган / Tarbagan marmot	32	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> ser. Typhimurium M-752	*	*
11	<i>S. Typhimurium</i> M-39	Чита / Chita/1947	Полевка Брандта / Brandt's vole	33	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> ser. Enteritidis M-765	Казань / Kazan/2013	Человек / Human
12	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> ser. Typhimurium M-42	Туркменская ССР / Turkmen SSR/*	*	34	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> ser. Abony M-767	*	*
13	<i>S. Breslau</i> M-43	*	*	35	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> ser. London M-768	*	*
14	<i>S. Breslau</i> M-44	*/1943	*	36	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> ser. Paratyphi B M-769	*	*
15	<i>S. Breslau</i> M-45	*	*	37	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> ser. Typhi M-770	*	*
16	<i>S. Enteitidis</i> Gärtneri M-46	*	*	38	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> ser. Enteritidis M-774	*	*
17	<i>S. Enteitidis</i> Gärtneri M-47	*	*	39	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> ser. Virchow M-775	*	*
18	<i>S. morganii</i> M-48	Лондон / London/*	*	40	<i>S. enterica</i> subsp. <i>Enterica</i> ser. Gallinarum M-776	*	*
19	<i>S. morganii</i> M-49	*/1951	*	41	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> ser. Enteritidis M-777	*	*
20	<i>S. Paratyphi</i> A M-50	Лондон / London/*	*	42	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> ser. Typhi M-778	*	*
21	<i>S. Paratyphi</i> A M-51	Лондон / London/*	*	43	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> ser. Paratyphi A M-779	*	*
22	<i>S. Paratyphi</i> B M-52	*	*				

*нет данных / no data

детерминантах для определения серовара [5, 7]. Имеются открытые биоинформационные платформы, позволяющие с достаточно высокой точностью устанавливать серологическую характеристику штаммов. К такому программному обеспечению можно отнести платформу SeqSero2 [8] и ресурс типирования *Salmonella in silico* (SISTR) [9]. SISTR на данный момент внедрен в систему здравоохранения Канады как замена классическому серотипированию, в частности при исследовании вспышек и массовых заболеваний.

Таким образом, целью работы являлось проведение расширенного изучения и номенклатурная ревизия штаммов бактерий рода *Salmonella*, поддерживаемых в коллекционном фонде Государственной коллекции патогенных бактерий (ГКПБ) ФКУН «Российский противочумный институт «Микроб».

Материалы и методы исследования

Бактериологические методы. В работе было использовано 43 штамма бактерий рода *Salmonella*, хранящихся в ГКПБ (табл. 1).

Микроорганизмы культивировали при 37°C в течении 24 ч на агаре Хоттингера pH 7,2. Биохимические свойства определяли с использованием тестов микрообъемной биохимической идентификации API20E (BioMérieux, Франция) в соответствии с инструкцией производителя. Учет результатов проводили с помощью сервиса APIWEBTM [10].

Серологические методы. Антигенную характеристику штаммов *Salmonella* spp. изучали согласно действующим методическим указаниям [11] с диагностическими адсорбированными поливалентными и моновалентными О- и Н-сыво-

ротками (ФГУП СПбНИИВС «ПЕТСАЛ», ЗАО «ЭКОлаб», Россия).

Масс-спектрометрия (MALDI-ToF MS). Видовую идентификацию микроорганизмов проводили на приборе Biotyper (Bruker, Германия). Подготовку образцов проводили согласно руководству пользователя [12].

Молекулярно-генетические методы. Выделение и очистку геномной ДНК проводили из бактериальной суспензии с использованием коммерческого набора EasyPure® Genomic DNA Kit (TransGen Biotech Co. Ltd., Китай) в соответствии с протоколом производителя. Предварительно исследуемый материал обрабатывали согласно нормативам [13].

Полногеномное секвенирование исследуемых штаммов осуществлялось на платформе MGI (DNBSEQ-G50RS, Китай) с использованием наборов для пробоподготовки (MGIEasy FS DNA Library Prep Set) и секвенирования ДНК (DNBSEQ-G50 High-throughput Sequencing Set, PE150). Контроль качества полученных прочтений проводился в программе fastp v. 0.24.0 [14], de novo сборка осуществлялась с помощью алгоритма unicycler v. 0.4.7 [15].

Биоинформационные методы. Поиск основных генетических детерминант патогенности был проведен с помощью программы Salmonella Analyzer [16] и Blast [17].

Геносеротипирование проводили с помощью ресурса SISTR [18] и платформы SeqSero2 [19].

Результаты исследования и их обсуждение

На первом этапе были верифицированы паспортные данные в отношении биохимических свойств. Для этого были использованы тесты микрообъемной биохимической идентификации API20E (BioMérieux, Франция). В результате выявлено, что 4 штамма не соответствуют биохимическому профилю бактерий рода *Salmonella* и относятся к видам *Morganella morganii* (2 штамма: M-48, M-49) и *Shigella sonnei* (2 штамма: M-29, M-30). Остальные 39 штаммов достоверно соотносились с биохимическим профилем *Salmonella* spp. (профиль идентичности 95–99%).

Штаммы, по биохимической активности отнесенные к морганеллам и шигеллам, были исследованы дополнительными методами (полногеномное секвенирование, MALDI-ToF MS, агглютинация с сыворотками). В результате комплексного анализа штаммы были достоверно отнесены к видам *S. sonnei* и *M. morganii*.

Далее штаммы сальмонелл агглютинировали с помощью групповых сывороток, и в результате они были соотношены со следующими группами: 1 штамм был отнесен к серогруппе А, 12 – к серогруппе В, 6 – к серогруппе С, 16 – к серогруппе D. С поливалентной групповой сывороткой ABCDE агглютинировались 2 штамма, 2 штамма не агглютинировались ни с одной из сывороток.

В последние годы активно пытаются внедрять метод геносеротипирования на основе анализа полного генома бактерий, выявления различий в соматических и жгутиковых детерминантах для предсказания серовара. В настоящее время разработаны открытые биоинформационные платформы, позволяющие с достаточно высокой точностью установить серологическую характеристику штамма за счет анализа данных полногеномных нуклеотидных последова-

тельств. К примеру, платформы SeqSero2 и ресурс типирования SISTR проводят серотипирование, анализируя нуклеотидную последовательность генов, кодирующих соматические и жгутиковые антигены. Если установить антигенную формулу невозможно из-за неполноты данных, то программа прогнозирует наиболее вероятный серотип

С помощью двух ресурсов для геносеротипирования (SISTR и SeqSero2) был проведен сравнительный анализ, а также сопоставление полученных результатов с заявленными в паспортах данными о сероварах (табл. 2).

3 штаммам (M-31, M-32, M-33) были изменены названия сероваров в соответствии с современной номенклатурой: с *S. Typhi abdominalis* на *S. enterica* subsp. *enterica* serovar Typhi. 2 штамма (M-38 и M-39), по паспортным данным первоначально идентифицированные как серовар Typhimurium, не соответствовали его антигенной формуле, что было определено с помощью геносеротипирования. В итоге штаммы были отнесены к *S. enterica* subsp. *enterica* serovar Bovismorbificans. Аналогичная ситуация была и со штаммами *S. enteritidis* Gärtneri (M-46 и M-47), которые в соответствии с данными геносеротипирования были переименованы в *S. enterica* subsp. *enterica* serovar Dublin. Три штамма *S. breslau* (M-43, M-44 и M-45) были отнесены к *S. enterica* subsp. *enterica* serovar Typhi и Typhimurium в соответствии с корректной антигенной формулой. Штаммы *S. suipestifer* (M-55, M-86), идентифицированные по старой схеме Кауфмана–Уайта, на сегодняшний день именуются *S. enterica* subsp. *enterica* serovar Choleraesuis. Штаммы *S. enteritidis* danysz (M-61, M-518) были отнесены к двум разным сероварам: *S. enterica* subsp. *enterica* serovar Enteritidis (M-61) и *S. enterica* subsp. *enterica* serovar Paratyphi B (M-518). Стоит отметить, что программа SeqSero2 в сравнении с SISTR дает недостаточно полные данные по определению антигенной формулы и прогнозированию сероваров, определяет не все детерминанты антигенной формулы. Поэтому в некоторых случаях SeqSero2 не может точно определить предсказать серотип и требуется дополнительный анализ. Систематическое положение и соответствие серологии остальных 21 штамма сальмонелл соответствовали заявленным в их паспортах данным.

Нами было определено также наличие основных детерминант патогенности. Было выявлено, что 39 исследуемых штаммов сальмонелл несли гены энтеротоксина (*stn*), инвазина (*invA*), основной субъединицы фимбрин I типа (*fimA*). В 16 штаммах из 39 были определены маркеры плазмиды вирулентности, гены *spvR/C*, в 13 штаммах – генетический маркер цитолизина *clyA*, пороформирующего белка. По данным литературы [20, 21] известно, что присутствие гена цитолизина в геноме штаммов сальмонелл ассоциировано преимущественно с сероварами Typhi и Paratyphi A. В нашей выборке распределение по сероварам было следующим: 11 штаммов серовара Typhi, 1 – Paratyphi A, 1 – London.

Заключение

Таким образом, при комплексном и углубленном анализе установлено новое таксономическое положение 4 штаммов – 2 штаммов *S. sonnei* и 2 штаммов *M. morganii*.

Установлено наличие основных генетических детерминант патогенности у изученных штаммов сальмонелл (гены

Таблица 2. **Итоговые результат типирования штаммов *Salmonella* при использовании комплекса методов**
 Table 2. **Final results of typing of *Salmonella* strains using a set of methods**

Наименование штамма / Strain name	SeqSero2	SISTR	Серотипирование / Serotyping	Итог идентификации / Identification result
<i>S. Typhi</i> abdominalis M-31, M-32, M-33	Serovar Typhi 9:d:-	Serovar Typhi 9,12,[Vi]:d:- Серогруппа/Serogroup D1	Серогруппа / Serogroup D	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Typhi
<i>S. Typhimurium</i> M-38, M-39	Serovar Bovismorbificans 8:r:1,5	Serovar Bovismorbificans 6,8,20:r:1,5 Серогруппа / Serogroup C2-C3	Серогруппа / Serogroup C	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Bovismorbificans
<i>S. Enteritidis</i> Gärtneri M-46, M-47	Serovar Dublin 9:g,p:-	Serovar Dublin 1,9,12[Vi]:g,p:- Серогруппа / Serogroup D1	Серогруппа / Serogroup D	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Dublin
<i>S. Breslau</i> M-43	Serovar Typhi 9:d:-	Serovar Typhi 9,12,[Vi]:d:- Серогруппа / Serogroup D1	Серогруппа / Serogroup D	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Typhi
<i>S. Breslau</i> M-44, M-45	Serovar Typhimurium 4:i:1,2	Serovar Typhimurium 1,4,[5],12:i:1,2 Серогруппа / Serogroup B	Серогруппа / Serogroup B	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Typhimurium
<i>S. Paratyphi</i> A M-50, M-51	Serovar Paratyphi B 4:b:1,2	Serovar Paratyphi B 1,4,[5],12:b:1,2 Серогруппа / Serogroup B	Серогруппа / Serogroup B	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Paratyphi B
<i>S. Paratyphi</i> B M-53	Serovar Typhimurium 4:i:1,2	Serovar Typhimurium 1,4,[5],12:i:1,2 Серогруппа / Serogroup B	Серогруппа / Serogroup B	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Typhimurium
<i>S. Suipestifer</i> M-55, M-86	Paratyphi C/Choleraesuis/ Typhisuis*	Serovar Choleraesuis 6,7:c:1,5 Серогруппа / Serogroup C1	Серогруппа / Serogroup C	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Choleraesuis
<i>S. Enteritidis</i> Daysz M-61	Serovar Enteritidis/Gallinarum 9:g,m:-	Serovar Enteritidis 1,9,12:g,m:- Серогруппа / Serogroup D1	Культура не агглютинировалась / No agglutination	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Enteritidis
<i>S. Enteritidis</i> Danysz M-518	***	Serovar Macclesfield/ Paratyphi B****	Серогруппа B / Serogroup B	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Paratyphi B

* серовары имеют общую формулу 7:c:1,5. Требуется дополнительный анализ! / Serovars have a general formula of 7:c:1.5. Further analysis is required!
 ** серовары имеют общую формулу 9:g,m:-. Требуется дополнительный анализ! / Serovars have a general formula of 9:g,m:-. Further analysis is required!
 *** Программа не может точно спрогнозировать серовар с данной антигенной формулой 9:g,m:1,2 / The program cannot accurately predict the serovar with the given antigen formula 9:g,m:1,2
 **** Невозможно точно предсказать серовар. Умеренное количество отсутствующих локусов cgMLST330 (n = 21 > 10). Найдено локусов cgMLST330 (n = 309). Сопоставлено только 215 локусов cgMLST330 (Мин. порог для уверенного прогноза серовара 297,0) / Cannot accurately predict serovar *Moderate number of cgMLST330 loci missing (n = 21 > 10). Number of cgMLST330 loci found (n = 309). Only matched 215 cgMLST330 loci. (Min threshold for confident serovar prediction from cgMLST is 297.0).

stn, *invA*, *fimA*, *clyA*), а также маркеры плазмиды вирулентности (*spvR/C*);

Были получены новые данные по биохимической активности, серотипам и геносеротипированию штаммов рода *Salmonella* из коллекции ГКПБ и установлено их таксономическое положение с учетом требований современной систематики.

Информация о финансировании

Исследование выполнено в рамках НИР 90-3-21 «Изучение молекулярных и биохимических характеристик штаммов возбудителей опасных инфекционных болезней из фонда Государственной коллекции патогенных бактерий (ГКПБ ФКУН «Российский противочумный институт «Микроб») и разработка новых подходов для их паспортизации» (2021–2025 гг.).

Financial support

The study was carried out within the framework of research work 90-3-21 “Study of the molecular and biochemical characteristics of strains of pathogens causing dangerous infectious diseases from the State Collection of Pathogenic Bacteria (SCPБ Russian Anti-Plague Institute “Microbe”) and the development of new approaches for their certification” (2021–2025).

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest

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

- Grimont PAD, Weill FX. Antigenic formulae of the *Salmonella* serovars. WHO collaborating centre for reference and research on *Salmonella*. 2007;9:1-166.
- Brown EW, Bell R, Zhang G, Timme R, Zheng J, Hammack TS, et al. *Salmonella* Genomics in Public Health and Food Safety. EcoSal Plus. 2021, 9(2):eESP00082020. DOI: 10.1128/ecosalplus.ESP-0008-2020
- Naushad S, Ogunremi D, Huang H. *Salmonella*: a brief review. *Salmonella – Perspectives for Low-Cost Prevention, Control and Treatment*. Huang H, Naushad S, eds. 2023;1-22. DOI: 10.5772/intechopen.112948
- Genus: *Salmonella* [Электронный ресурс]. Режим доступа: <https://lpsn.dsmz.de/genus/salmonella> (дата обращения: 01.10.2025).
- Прунтова ОВ, Шадрова НБ. Современные методы индикации и дифференциации бактерий рода *Salmonella* (обзор литературы). Актуальные вопросы ветеринарной биологии. 2023;4(60):61-65. DOI: 10.24412/2074-5036-2023-4-61-65
- Кафтырева ЛА, Макарова МА, Матвеева ЗН, Полев ДЕ, Сайтова АТ, Жамборова МХ, и др. Первые находки монофазной *Salmonella* Typhimurium

- в Санкт-Петербурге. Проблемы медицинской микологии. 2023;25(3):3-9. DOI: 10.24412/1999-6780-2023-3-3-9
- Егорова СА, Кулешов КВ, Кафтырева ЛА. Современные методы субтипирования сальмонелл при расследовании вспышек сальмонеллеза. Иммунопатология, аллергология, инфектология. 2019;3:36-42. DOI: 10/14427/jipai.2019.3.33
 - Zhang S, den Bakker HC, Li S, Chen J, Dinsmore BA, Lane C, et al. SeqSero2: Rapid and Improved *Salmonella* Serotype Determination Using Whole-Genome Sequencing Data. Appl Environ Microbiol. 2019 Nov 14;85(23):e01746-19. DOI: 10.1128/AEM.01746-19
 - Yoshida CE, Kruczkiewicz P, Laing CR, Lingohr EJ, Gannon VPJ, Nash JHE, et al. The *Salmonella In Silico* Typing Resource (SISTR): An Open Web-Accessible Tool for Rapidly Typing and Subtyping Draft *Salmonella* Genome Assemblies. PLoS ONE. 2016;11(1):e0147101. DOI: 10.1371/journal.pone.0147101
 - apiweb™ [Электронный ресурс]. Режим доступа: <https://apiweb.biomerieux.com/login> (дата обращения 01.07.2025 г.).
 - Методические указания МУ 4.2.2723-10 «Лабораторная диагностика сальмонеллез, обнаружение сальмонелл в пищевых продуктах и объектах окружающей среды» (утв. Главным государственным санитарным врачом РФ 13 августа 2010 г.). Документы ленты ПРАЙМ: ГАРАНТ.РУ [Электронный ресурс]. Режим доступа: <https://www.garant.ru/products/ipo/prime/doc/4091056/?ysclid=mmnd6jcdp2646835412> (дата обращения: 01.07.2025 г.).
 - MALDI Biotyper 3.0 User Manual. Revision 1, January 2011. Bruker Daltonics GmbH.
 - Методические указания МУ 1.3.2569-09 «Организация работы лабораторий, использующих методы амплификации нуклеиновых кислот при работе с материалом, содержащим микроорганизмы I–IV групп патогенности» (утв. Федеральной службой по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Главным государственным санитарным врачом РФ 22 декабря 2009 г.). ГАРАНТ [Электронный ресурс]. Режим доступа: <https://base.garant.ru/70180116/> (дата обращения: 01.07.2025 г.).
 - Chen S, Zhou Y, Chen Y, Gu J. fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor. Bioinformatics. 2018 Sep 1;34(17):i884-i890. DOI: 10.1093/bioinformatics/bty560
 - Wick RR, Judd LM, Gorrie CL, Holt KE. Unicycler: Resolving bacterial genome assemblies from short and long sequencing reads. PLoS Comput Biol. 2017 Jun 8;13(6):e1005595. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1005595
 - «Salmonella Analyzer» – программа для анализа данных полногеномного секвенирования *Salmonella* spp. [Электронный ресурс]. Режим доступа: <https://antiplague.ru/scientific-activity/publication/salmonella-analyzer-programma-dlya-analiza-dannykh-polnogenomnogo-sekvenirovaniya-salmonella-spp/> (дата обращения 14.11.2024 г.).
 - BLAST: Basic Local Alignment Search Tool [Electronic resource]. Режим доступа: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> (дата обращения: 20.11.2024).
 - GitHub – phac-nml/sistr_cmd: SISTR (*Salmonella In Silico* Typing Resource) command-line tool [Электронный ресурс]. Режим доступа: https://github.com/phac-nml/sistr_cmd?tab=readme-ov-file#web-application (дата обращения: 28.05.2024).
 - SeqSero2-*Salmonella* Serotyping by Whole Genome Sequencing [Электронный ресурс]. Режим доступа: <http://www.denglab.info/SeqSero2> (дата обращения: 17.11.2024).
 - Krone L, Mahankali S, Geiger T. Cytolysin A is an intracellularly induced and secreted cytotoxin of typhoidal *Salmonella*. Nat Commun. 2024;15(1):8414. DOI: 10.1038/s41467-024-52745-0
 - Oscarsson J, Westermark M, Löfdahl S, Olsen B, Palmgren H, Mizunoe Y, et al. Characterization of a pore-forming cytotoxin expressed by *Salmonella enterica* serovars Typhi and Paratyphi A. Infect Immun. 2002;70(10):5759-69. DOI: 10.1128/IAI.70.10.5759-5769.2002

References

- Grimont PAD, Weill FX. Antigenic formulae of the *Salmonella* serovars. WHO collaborating centre for reference and research on *Salmonella*. 2007;9:1-166.
- Brown EW, Bell R, Zhang G, Timme R, Zheng J, Hammack TS, et al. *Salmonella* Genomics in Public Health and Food Safety. EcoSal Plus. 2021, 9(2):eESP00082020. DOI: 10.1128/ecosalplus.ESP-0008-2020
- Naushad S, Ogunremi D, Huang H. *Salmonella*: a brief review. *Salmonella – Perspectives for Low-Cost Prevention, Control and Treatment*. Huang H, Naushad S, eds. 2023;1-22. DOI: 10.5772/intechopen.112948
- Genus: *Salmonella* [Electronic resource]. Available at: <https://psn.dsmz.de/genus/salmonella> (accessed 01.10.2025).
- Pruntova OV, Shadrova NB. Modern methods for *Salmonella* identification and differentiation (literature review). Actual Questions of Veterinary Biology. 2023;4(60):61-65. DOI: 10.24412/2074-5036-2023-4-61-65 (In Russian).
- Kafyeva LA, Makarova MA, Matveeva ZN, Polev DE, Saitova AT, Zhamborova MKh, et al. The first findings of monophasic *Salmonella* Typhimurium in St. Petersburg. Problems in Medical Mycology. 2023;25(3):3-9. DOI: 10.24412/1999-6780-2023-3-3-9 (In Russian).
- Egorova SA, Kuleshov KV, Kafyeva LA. Modern *Salmonella* subtyping methods in outbreak investigations. Immunopathology, allergology, infectology. 2019;3:36-42. DOI: 10/14427/jipai.2019.3.33 (In Russian).
- Zhang S, den Bakker HC, Li S, Chen J, Dinsmore BA, Lane C, et al. SeqSero2: Rapid and Improved *Salmonella* Serotype Determination Using Whole-Genome Sequencing Data. Appl Environ Microbiol. 2019 Nov 14;85(23):e01746-19. DOI: 10.1128/AEM.01746-19
- Yoshida CE, Kruczkiewicz P, Laing CR, Lingohr EJ, Gannon VPJ, Nash JHE, et al. The *Salmonella In Silico* Typing Resource (SISTR): An Open Web-Accessible Tool for Rapidly Typing and Subtyping Draft *Salmonella* Genome Assemblies. PLoS ONE. 2016;11(1):e0147101. DOI: 10.1371/journal.pone.0147101
- apiweb™ [Electronic resource]. Available at: <https://apiweb.biomerieux.com/login> (accessed 01.07.2025 г.).
- Methodological guidelines MU 4.2.2723-10 “Laboratory diagnostics of salmonellosis, detection of salmonella in food products and environmental objects” (approved by the Chief State Sanitary Doctor of the Russian Federation on August 13, 2010). Documents of the PRIME feed: GARANT.RU [Electronic resource]. Available at: <https://www.garant.ru/products/ipo/prime/doc/4091056/?ysclid=mmnd6jcdp2646835412> (accessed 01.07.2025 г.). (In Russian).
- MALDI Biotyper 3.0 User Manual. Revision 1, January 2011. Bruker Daltonics GmbH.
- Methodological guidelines MU 1.3.2569-09 “Organization of work of laboratories using methods of nucleic acid amplification when working with material containing microorganisms of pathogenicity groups I–IV” (approved by the Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, Chief State Sanitary Doctor of the Russian Federation on December 22, 2009). GARANTEE [Electronic resource]. Available at: <https://base.garant.ru/70180116/> (accessed 01.07.2025). (In Russian).
- Chen S, Zhou Y, Chen Y, Gu J. fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor. Bioinformatics. 2018 Sep 1;34(17):i884-i890. DOI: 10.1093/bioinformatics/bty560
- Wick RR, Judd LM, Gorrie CL, Holt KE. Unicycler: Resolving bacterial genome assemblies from short and long sequencing reads. PLoS Comput Biol. 2017 Jun 8;13(6):e1005595. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1005595
- “Salmonella Analyzer” is a program for analyzing whole-genome sequencing data of *Salmonella* spp. [Electronic resource]. Available at: <https://antiplague.ru/scientific-activity/publication/salmonella-analyzer-programma-dlya-analiza-dannykh-polnogenomnogo-sekvenirovaniya-salmonella-spp/> (accessed 14.11.2024).
- BLAST: Basic Local Alignment Search Tool [Electronic resource]. Available at: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> (accessed 20.11.2024).

18. GitHub – phac-nml/sistr_cmd: SISTR (*Salmonella In Silico* Typing Resource) command-line tool [Electronic resource]. Available at: https://github.com/phac-nml/sistr_cmd?tab=readme-ov-file#web-application (accessed 28.05.2024 г.).
19. SeqSero2-*Salmonella* Serotyping by Whole Genome Sequencing [Electronic resource]. Available at: <http://www.denglab.info/SeqSero2> (accessed 17.11.2024 г.).
20. Krone L, Mahankali S, Geiger T. Cytolysin A is an intracellularly induced and secreted cytotoxin of typhoidal *Salmonella*. *Nat Commun.* 2024;15(1):8414. DOI: 10.1038/s41467-024-52745-0
21. Oscarsson J, Westermarck M, Löfdahl S, Olsen B, Palmgren H, Mizunoe Y, et al. Characterization of a pore-forming cytotoxin expressed by *Salmonella enterica* serovars Typhi and Paratyphi A. *Infect Immun.* 2002;70(10):5759-69. DOI: 10.1128/IAI.70.10.5759-5769.2002

Информация о соавторах:

Касьян Ирина Александровна, старший научный сотрудник отдела Государственная коллекция патогенных бактерий ФКУН «Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора
ORCID: 0000-0002-4998-7673

Нарышкина Екатерина Александровна, научный сотрудник лаборатории геномного и протеомного анализа ФКУН «Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора
ORCID: 0000-0002-9190-099X

Шарапова Наталья Анатольевна, кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории геномного и протеомного анализа ФКУН «Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора
ORCID: 0000-0002-5289-7783

Фёдоров Андрей Витальевич, младший научный сотрудник лаборатории геномного и протеомного анализа ФКУН «Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора
ORCID: 0000-0001-7190-4427

Щербаква Наталья Евгеньевна, научный сотрудник отдела диагностики инфекционных болезней ФКУН «Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора
ORCID: 0000-0001-5308-0022

Осин Александр Владимирович, ведущий научный сотрудник, и.о. заведующего отделом Государственная коллекция патогенных бактерий ФКУН «Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора
ORCID: 0000-0001-5308-0022

Information about co-authors:

Irina A. Kasyan, Senior Researcher, Department of «State Collection of Pathogenic Bacteria», Russian Anti-Plague Institute «Microbe» of Rospotrebnadzor
ORCID: 0000-0002-4998-7673

Ekaterina A. Naryshkina, Researcher, Laboratory of genomic and proteomic analysis, Russian Anti-Plague Institute «Microbe» of Rospotrebnadzor
ORCID: 0000-0002-9190-099X

Natalia A. Sharapova, PhD in Biological Sciences, Researcher, Laboratory of genomic and proteomic analysis, Russian Anti-Plague Institute «Microbe» of Rospotrebnadzor
ORCID: 0000-0002-5289-7783

Andrey V. Fedorov, Junior Researcher, Laboratory of genomic and proteomic analysis, Russian Anti-Plague Institute «Microbe» of Rospotrebnadzor
ORCID: 0000-0001-7190-4427

Natalia E. Shcherbakova, Researcher, Department of Diagnostics and Infectious Diseases, Russian Anti-Plague Institute «Microbe» of Rospotrebnadzor
ORCID: 0000-0003-3261-6128

Alexandr V. Osin, PhD in Biological Sciences, Leading Researcher, Head, Department of «State Collection of Pathogenic Bacteria», Russian Anti-Plague Institute «Microbe» of Rospotrebnadzor
ORCID: 0000-0001-5308-0022

НОВОСТИ НАУКИ

Новый инструмент искусственного интеллекта может значительно ускорить открытие спасительных лекарств

Ученые в Китае представили новую систему искусственного интеллекта (ИИ), которая может ускорить открытие новых лекарств. DrugCLIP может проанализировать миллионы потенциальных соединений лекарств по отношению к тысячам белковых мишеней всего за несколько часов – в десять миллионов раз быстрее, чем существующие методы виртуального скрининга.

Несмотря на прогресс в области открытия лекарств, примерно 90% мишеней заболеваний, доступных для воздействия препаратами, по-прежнему не имеют терапии на основе малых молекул. Хотя виртуальный скрининг может ускорить идентификацию потенциальных соединений, традиционные методы, такие как молекулярная стыковка, остаются слишком медленными для приложений в масштабе всего генома. Авторы представляют DrugCLIP – структуру обучения с контрастированием, которая помещает карманы белков и малые молекулы в единое латентное пространство, что позволяет проводить виртуальный скрининг до 10 миллионов раз быстрее, чем при стыковке. Экспериментальная проверка подтвердила эффективность DrugCLIP, выявив сильные агонисты или ингибиторы для целевых белков, в некоторых случаях используя только структуры, предсказанные AlphaFold2. Открытая база данных скрининга около 10 000 человеческих белков против 500 миллионов молекул демонстрирует трансформационный потенциал таких подходов для открытия лекарств в масштабе всего генома в эпоху после AlphaFold.

DrugCLIP – это ультрабыстрый метод виртуального скрининга, который был тщательно проверен с помощью компьютерной оценки и лабораторных экспериментов. Его скорость позволяет проводить скрининг в масштабе триллионов соединений, охватывая весь человеческий протеом, доступный для фармакологического воздействия. Это открытый ресурс, который служит основой для открытия лекарств нового поколения, особенно для малоизученных мишеней.

Jia Y, Gao B, Tan J, Zheng J, Hong X, Zhu W, et al.

Deep contrastive learning enables genome-wide virtual screening. Science. 2026 Jan 8;391(6781):eads9530. DOI: 10.1126/science.ads9530

