

Генотипирование штаммов возбудителя псевдотуберкулеза, выделенных на территории Российской Федерации, с помощью SNP-маркеров

М.Г.Мелоян¹, А.С.Водопьянов¹, Е.А.Воскресенская², А.Л.Трухачёв¹

¹ФКУЗ «Ростовский-на-Дону противочумный институт» Роспотребнадзора, Ростов-на-Дону, Российская Федерация;

²ФБУН «Санкт-Петербургский институт эпидемиологии и микробиологии им. Пастера», Санкт-Петербург, Российская Федерация

В работе использованы данные о 146 штаммах *Yersinia pseudotuberculosis*, среди которых секвенированные нами, а также нуклеотидные последовательности возбудителей псевдотуберкулеза из NCBI. Было разработано программное обеспечение, выявляющее SNP в геномах штаммов *Y. pseudotuberculosis*. Филогенетический анализ 146 штаммов с известным местом выделения и серотипом проводили с помощью алгоритма MST. При использовании авторского программного обеспечения в геномах было выявлено 26 009 SNP, разделяющих 146 штаммов на 14 SNP-кластеров. Анализ кластеров показал, что их можно обозначить как «российские», «азиатские», «европейские» и «межконтинентальные». «Азиатские» и «европейские» кластеры содержат штаммы, выделенные на территории стран Азии и Европы. В «межконтинентальные» кластеры включают штаммы, выделенные на различных континентах. Кластеры с большинством российских штаммов можно отнести к «азиатским». Ряд штаммов из России обнаружены в «европейских» и «межконтинентальных» кластерах.

Ключевые слова: возбудитель псевдотуберкулеза, *Yersinia pseudotuberculosis*, SNP, генотипирование

Для цитирования: Мелоян М.Г., Водопьянов А.С., Воскресенская Е.А., Трухачёв А.Л. Генотипирование штаммов возбудителя псевдотуберкулеза, выделенных на территории Российской Федерации, с помощью SNP-маркеров. Бактериология. 2026; 11(1): 85–91. DOI: 10.20953/2500-1027-2026-1-85-91

Genotyping of pseudotuberculosis strains isolated in the Russian Federation using SNP markers

M.G.Meloyan¹, A.S.Vodopyanov¹, E.A.Voskresenskaya², A.L.Trukhachev¹

¹Rostov-on-Don Anti-Plague Institute of Rosпотребнадзор, Rostov-on-Don, Russian Federation;

²Pasteur St. Petersburg Scientific Research Institute of Epidemiology and Microbiology, St. Petersburg, Russian Federation

The work used data from 146 strains of *Yersinia pseudotuberculosis*, including those that we have sequenced, as well as nucleotide sequences of pseudotuberculosis pathogens from NCBI. We developed software that identifies SNPs in the genomes of *Y. pseudotuberculosis* strains. Phylogenetic analysis of 146 strains with a known isolation site and serotype was performed using the MST algorithm. When using the author's software, 26009 SNPs were identified in the genomes, dividing 146 strains into 14 SNP clusters. The analysis of the clusters showed that they can be designated as "Russian", "Asian", "European" and "intercontinental". The "Asian" and "European" clusters contain strains isolated from the territories of Asia and Europe. The "intercontinental" clusters include strains isolated on different continents. Clusters with the majority of Russian strains can be classified as "Asian". A number of strains from Russia have been found in "European" and "intercontinental" clusters.

Key words: pathogen of pseudotuberculosis, *Yersinia pseudotuberculosis*, SNP, genotyping

For citation: Meloyan M.G., Vodopyanov A.S., Voskresenskaya E.A., Trukhachev A.L. Genotyping of pseudotuberculosis strains isolated in the Russian Federation using SNP markers. Bacteriology. 2026; 11(1): 85–91. (In Russian). DOI: 10.20953/2500-1027-2026-1-85-91

Для корреспонденции:

Мелоян Мисак Геворгович, научный сотрудник лаборатории природно-очаговых и зоонозных инфекций ФКУЗ «Ростовский-на-Дону противочумной институт» Роспотребнадзора

Адрес: 344002, Ростов-на-Дону, ул. М.Горького, 117/40
E-mail: meloyan_mg@antiplague.ru
ORCID: 0000-0001-7268-9298

Статья поступила 20.08.2025, принята к печати 30.03.2026

For correspondence:

Misak G. Meloyan, Researcher at the Laboratory of Natural Focal and Zoonotic Infections of the Rostov-on-Don Anti-Plague Institute of Rosпотребнадзор

Address: 117/40 M.Gorky str., Rostov-on-Don, 344002, Russian Federation
E-mail: meloyan_mg@antiplague.ru
ORCID: 0000-0001-7268-9298

The article was received 20.08.2025, accepted for publication 30.03.2026

Псевдотуберкулез является природно-очаговым инфекционным заболеванием, которое регистрируется в различных климатических зонах мира. В настоящее время псевдотуберкулез в России составляет 1,77% от общего числа природно-очаговых инфекций. В 2024 г. показатель заболеваемости псевдотуберкулезом в среднем по стране был 0,26 на 100 тыс. населения. Вместе с тем на территории России в течение многих лет сохраняется выраженная вариабельность интенсивности эпидемического процесса этого заболевания. Псевдотуберкулезом в 2024 г. переболело 375 человек (в 2023 г. – 318 человек) в 35 субъектах Российской Федерации [1]. Эти данные говорят о том, что для лабораторной службы задача систематического мониторинга псевдотуберкулеза остается актуальной. Одним из этапов изучения выделенных штаммов возбудителя псевдотуберкулеза (*Yersinia pseudotuberculosis*) является их генотипирование и определение генетического разнообразия штаммов, выделенных на той или иной территории. Одним из возможных методов генотипирования, редко используемым в настоящее время, является SNP-анализ (single nucleotide polymorphism – полиморфизм единичного нуклеотида). В работе Zhgenti et al. проведен анализ 12 штаммов возбудителя псевдотуберкулеза, выделенных в Грузии, с помощью 10 340 SNP [2]. Анализ SNP позволил авторам разделить штаммы на 3 кластера с незначительной корреляцией по географическим регионам. Внутри группы штаммы отличались друг от друга максимум на один SNP. Еще одна работа по SNP-типированию была проведена с целью выявления генетических связей клинических и природных штаммов *Y. pseudotuberculosis*, выделенных во Франции [3]. В анализе использовали штаммы, выделенные из различных мест в различное время, в т.ч. и штаммы первой эпидемической вспышки во Франции 2020 г. Авторы проводили сравнение данных, полученных при анализе геномов методами cgMLST и cgSNP, и установили, что оба метода имеют высокий дискриминационный потенциал и могут использоваться для оценки генетического разнообразия исследуемых штаммов возбудителя псевдотуберкулеза. Причем анализ результатов двух методов показал, что они по-разному дифференцируют штаммы из одной вспышки, что, по нашему мнению, свидетельствует о необходимости использования различных методов одновременно. Нами ранее проводилась внутривидовая генетическая дифференциация российских штаммов возбудителя псевдотуберкулеза, выделенных из клинического материала и из внешней среды с помощью методов INDEL-типирования [4] и MLST [5]. Всего было проанализировано >300 штаммов *Y. pseudotuberculosis*, выделенных в различных странах, и показано, что все исследованные штаммы с помощью INDEL-типирования разделяются на 30 генетических групп. Среди российских обнаружены 1, 2, 3, 4, 5, 9-й INDEL-типы штаммов *Y. pseudotuberculosis*. Анализ генотипов, полученных при MLST, показал, что в России циркулируют штаммы 2, 9, 19, 26, 32, 42, 43-го ST-типов, из них штаммы ST-типов 26 и 32 встречаются только на территории России. Несмотря на редкое использование SNP в качестве маркеров генотипирования, высокую дискриминационную способность такого подхода и возможность его применения в исследованиях отрицать невозможно. Целью настоящей работы стало генотипирование штам-

мов *Y. pseudotuberculosis*, выделенных в России и за рубежом, с помощью SNP-анализа.

Материалы и методы

В работе использованы данные полногеномного секвенирования 62 штаммов *Y. pseudotuberculosis*, полученные на платформе MiSeq Illumina во ФКУЗ «Ростовский-на-Дону противочумный институт» Роспотребнадзора, а также в Санкт-Петербургском институте эпидемиологии и микробиологии им. Пастера и ФКУЗ «Иркутский научно-исследовательский противочумный институт» Роспотребнадзора. Кроме того, в анализ включены последовательности возбудителя псевдотуберкулеза, доступные в базе данных NCBI. Для исследования были отобраны геномы возбудителя псевдотуберкулеза, данные о которых содержали информацию о месте выделения. Нуклеотидные последовательности штаммов, выделенных из внешней среды, от животных и из клинического материала из различных регионов нашей страны, были получены после полногеномного секвенирования. Таким образом, в исследование вошли последовательности 146 штаммов *Y. pseudotuberculosis*.

Для поиска SNP на языках программирования Java и Microsoft Visual Basic for Application было разработано авторское программное обеспечение. Филогенетический анализ проводили с помощью алгоритма по построению минимального остовного дерева (Minimum Spanning Tree/MST) с использованием модуля `minimum_spanning_tree` из пакета `scipy` [6]. Разбиение на кластеры проводили с помощью модуля `connected_components` из пакета `scipy` [6]. С целью визуализации дендрограммы использовали пакет `Graphviz` [7]. Для визуальной обводки кластеров использовали модуль `ConvexHull` из пакета `scipy` [6]. В целях визуализации распределения штаммов по геногруппам в зависимости от места выделения по кластерам использовали диаграмму Санкея.

Результаты исследования

С целью проведения анализа нами было разработано программное обеспечение, выявляющее SNP в полногеномных последовательностях штаммов *Y. pseudotuberculosis*. В ходе исследования было выявлено 26 009 SNP. Последовательности с минимальными отличиями объединялись в один кластер. По итогам генотипирования 146 последовательностей были разделены на 14 SNP-кластеров. Также были штаммы, которые не образовали отдельных кластеров. Однако чаще всего такие единичные штаммы располагались в области тех кластеров, с которыми были выделены в одной географической зоне (рис. 1).

Часть российских изолятов попала в кластеры, где преимущественно представлены штаммы из европейских стран. Кластеры №№ 3, 5 и 7 имели в своем составе по одному российскому штамму (рис. 2). Штамм 715 из кластера №7 был выделен в Великом Новгороде и находился в одном кластере с изолятами из Германии, Франции и Финляндии. Штаммы данного кластера имели одинаковый серотип O:1a, но были выделены в различных географических зонах. Возможно, произошел занос возбудителя псевдотуберкулеза из европейских стран. Изолят 360, выделенный в Санкт-

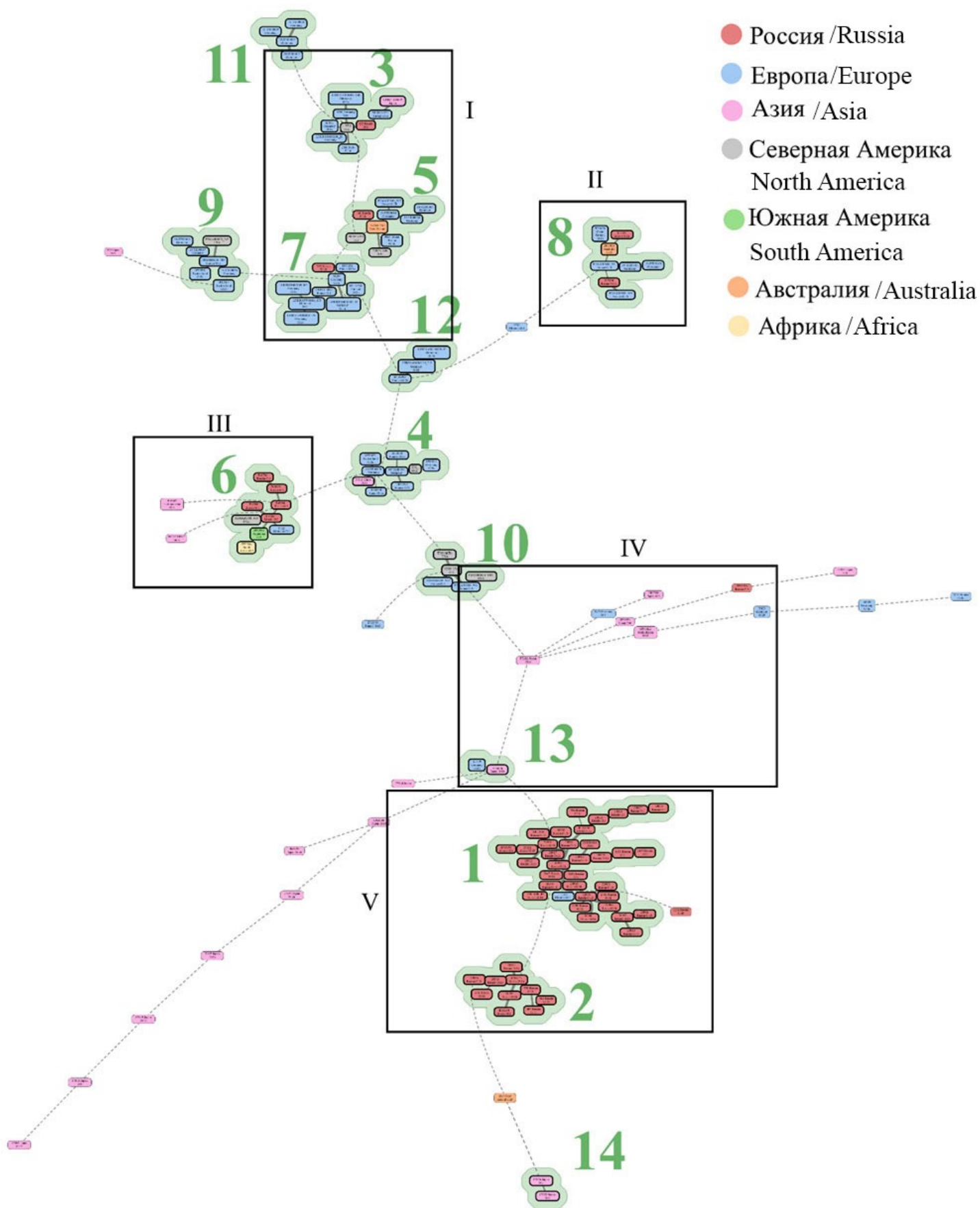


Рис. 1. Минимальное остовное дерево, построенное на основе wgSNP. Арабскими цифрами обозначены номера кластеров, римскими – области дерева, содержащие российские изоляты.
Fig. 1. Minimum spanning tree constructed using wgSNP. Arabic numerals indicate cluster numbers. Roman numerals indicate tree regions containing Russian isolates.

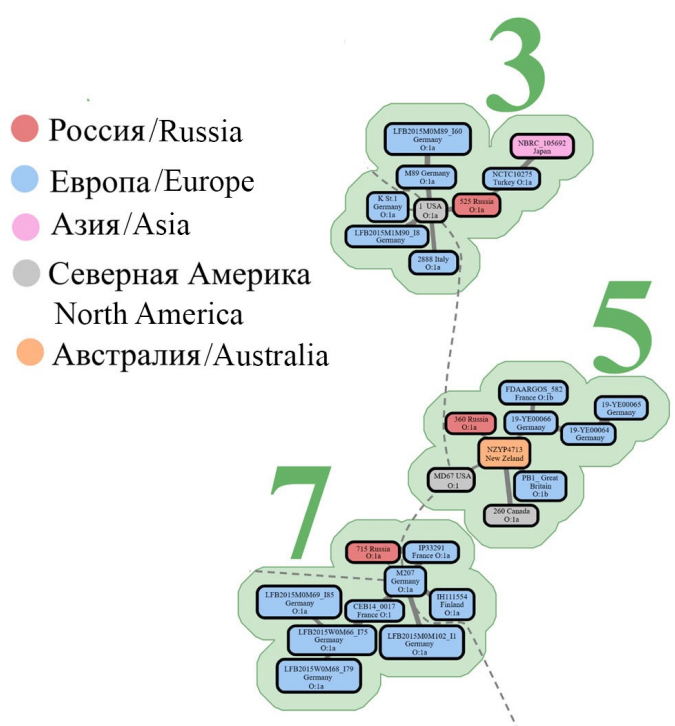


Рис. 2. Состав штаммов в кластерах №№ 3, 5, 7.
 Fig. 2. Strains in clusters No 3, 5, 7.

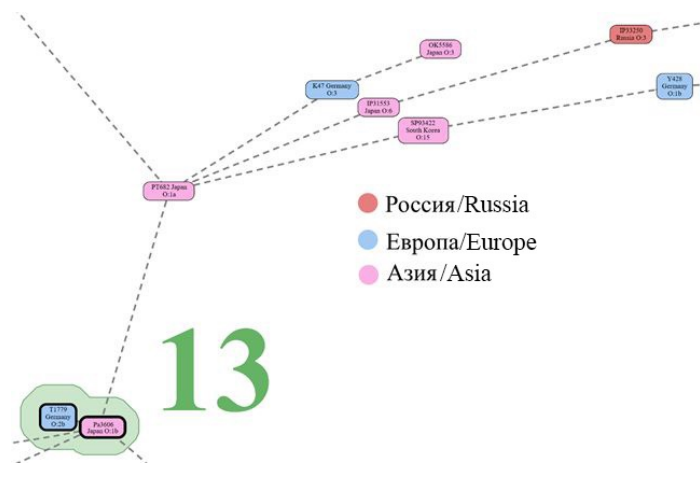


Рис. 5. Штаммы кластера №13 и ряд единичных штаммов.
 Fig. 5. Strains of cluster No 13 and a number of individual strains.



Рис. 3. Штаммы в кластере №8.
 Fig. 3. Strains in cluster No 8.

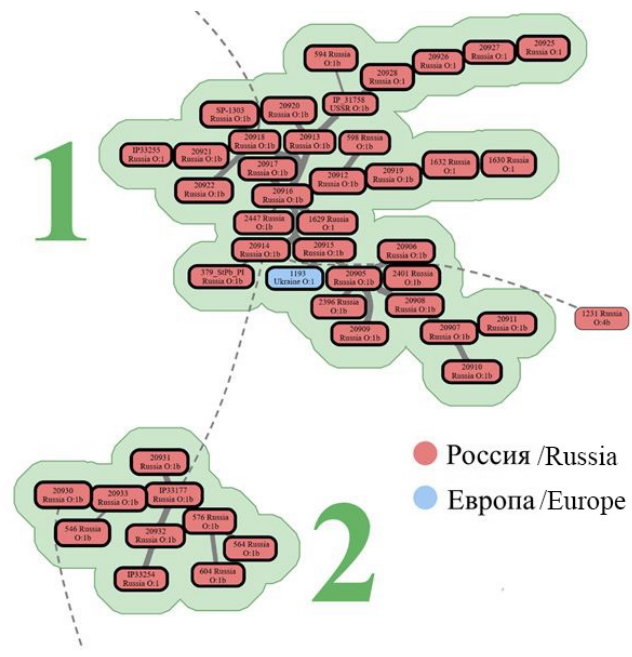


Рис. 6. Состав штаммов в кластерах №1 и №2.
 Fig. 6. Strains in clusters No 1 and 2.



Рис. 4. Штаммы кластера №6.
 Fig. 4. Strains of cluster No 6.

Петербурге, находился в кластере №5, в который входили штаммы из Германии, а также по одному штамму из Франции, Великобритании, Новой Зеландии и Канады. Штаммы из Франции и Великобритании, RB1_+ 1 и

FDAARGOS_582, относились к серотипу O:1b, тогда как российский и канадский штаммы – к O:1a. В кластере №3 помимо российского штамма 525 присутствовали изоляты из Германии, Италии, Турции и Японии. Как в случае с кластером №7 в №3, практически все штаммы имели один серотип – O:1a.

Как уже отмечалось, в кластерах №№ 3, 5 и 7 возбудитель псевдотуберкулеза выделен в географических зонах различных континентов. Мы предполагаем, что такое распределение можно объяснить заносом возбудителя. Так, например, в кластере №3 можно предположить занос возбудителя псевдотуберкулеза из США в европейские страны, станцию Зима в России и Японию. Говоря о кластере №5, нельзя не обратить внимания на присутствие штаммов из Новой Зеландии и Канады. Мы предполагаем, что в Канаду, Новую Зеландию и Россию были занесены клоны возбудителя псевдотуберкулеза, поскольку все-таки большинство изолятов этого кластера были обнаружены в европейских странах. Штаммы кластера №7 имели один серотип, что позво-

ляет предполагать занос возбудителя псевдотуберкулеза в Россию из европейских стран. Кластеры №3, 5 и 7 были обозначены нами как «европейские», по причине нахождения в них штаммов, выделенных преимущественно в европейских странах.

Кластер №8 помимо штаммов из Европы и Австралии содержит 2 штамма из России (В-7194 и В-7195) (рис. 3). Все штаммы кластера №8 относились к серотипу O:1b. На минимальном остоном дереве между кластерами №8 и №12 расположен единичный штамм 1212, который был выделен на территории Хмельницкой области, Украина. Это позволяет нам предполагать, что данный штамм филогенетически ближе к европейским.

Кластер №6 включал штаммы, выделенные в США, Южной Африке, Германии и Аргентине, а также 5 штаммов из России (рис. 4). Российские штаммы В-6796, В-6863, В-6864, В-6865, В-6866 были выделены на территориях Ставропольского края и Ленинградской области. Эти штаммы относились к серотипу O:3, как и остальные штаммы данного кластера. Кластер №6 был обозначен нами «межконтинентальным», так как штаммы входящие в него были изолированы на различных континентах.

В кластер №13 вошли всего два штамма (рис. 5). Штамм IP33250 из России не вошел в кластер. Однако стоит отметить, что он относился к серогруппе O:3, как и штаммы OK5586, 17850, которые были изолированы в Японии и Германии соответственно. Что касается российского штамма, который не вошел в кластер №13, то нет точных данных, в какой части России он был изолирован. Также можно отметить, что большинство единичных штаммов в области вокруг кластера №13 выделены в азиатских странах. Исходя из этого, он был обозначен нами как «азиатский».

Также были сформированы кластеры, содержащие преимущественно российские штаммы, поэтому кластеры №1 и №2 были обозначены нами как «российские» (рис. 6). Российские штаммы, составляющие данные кластеры, были выделены во время вспышек в различных городах России: Владивосток, Зима, Томск, Красноярск, Санкт-Петербург, Новый Уренгой. Также в кластере №1 присутствует штамм 1193 из Украины, выделенный в Хмельницкой области. Примечательно, что штаммы, выделенные на Украине, при использовании INDEL-типирования и MLST разделялись по такому же принципу [4, 5]. Штамм 1193 группировался вместе с российскими штаммами, а штамм 1212 – с европейскими. Вероятно, изолят 1212 был занесен на Украину из европейских стран, тогда как изолят 1193 является штаммом «азиатского» типа и попал в Хмельницкую область из России. Также обращает на себя внимание то, что изолят 1231 не вошел в кластер, однако тоже выделен в России. Возможно, это связано с тем, что все штаммы кластера №1 относятся к серотипу O:1b, тогда как штамм 1231 – к O:4b.

Близкие по генотипу российские штаммы также были объединены в кластер №2. В него вошли штаммы, выделенные преимущественно на станции Зима, и имели серотип O:1b (рис. 6).

Таким образом, можно говорить об определенной тенденции по объединению штаммов в один кластер в зависимости от географии их выделения. Выявлено, что кластеры №1 и №2 содержат только штаммы из России, поэтому были обо-

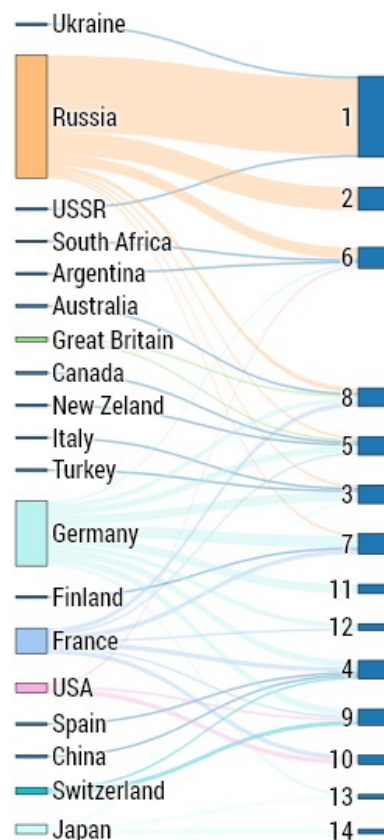


Рис. 7. Схема распределения, выделенных штаммов *Y. pseudotuberculosis* в различных странах по кластерам, построенная с помощью диаграммы Санкея.

Fig. 7. Distribution diagram of isolated Y. pseudotuberculosis strains in different countries by clusters, constructed using the Sankey diagram.

значены нами как «российские». Ближе всего к «российским» кластерам расположен «азиатский» кластер №13. Следует отметить, что изоляты в составе кластеров №1 и №2 были выделены в Сибири и на Дальнем Востоке. Также стоит обратить внимание на кластер №14, который представлен двумя штаммами, выделенными в Японии. Расположение «российских» кластеров относительно №13 и №14 говорит о том, что они имеют тесную связь с «азиатскими». Таким образом, можно сказать, что «российские» кластеры являются частью «азиатских». «Европейские» кластеры – №№ 3, 5, 7, 8, 9, 11, 12. В них, помимо европейских и российских штаммов, присутствуют изоляты, выделенные на других континентах. Следует отметить, что российские штаммы, входящие в «европейские» кластеры, преимущественно были изолированы в европейской части России. Также стоит выделить «межконтинентальные» кластеры №№ 4, 6 и 10. На минимальном остоном дереве они занимают промежуточное положение. Примечательно, что разделение штаммов псевдотуберкулеза примерно по такому же принципу было получено в работах по генотипированию с применением маркеров в CRISPR-CAS-системах [8, 9].

При анализе всех SNP в последовательностях можно проследить, что российские штаммы попадают в основном в кластеры №№ 1, 2, 6, причем преимущественно они принадлежат к серотипу O:1b (рис. 7).

Кроме того, можно проследить корреляцию между генотипами и серотипами штаммов. В кластерах №1 и №2 все штаммы принадлежат к серотипу O:1b, в кластерах №5 и №6 – к серотипу O:1a, а в кластере №4 – к серотипу O:3. В ряде «европейских» и «российских» кластеров штаммы часто группировались по принципу принадлежности к одному серотипу, хотя и встречались кластеры, где штаммы принадлежат к разным серотипам, как, например, №7 и №9.

Можно констатировать, что в природных очагах псевдотуберкулеза на территории России выделяются штаммы трех типов: «азиатские», «европейские» и «межконтинентальные», имеющие в большинстве случаев характерные для них серотипы. Вместе с тем ряд штаммов из России были обнаружены в «европейских» и «межконтинентальных» кластерах, что может говорить о заносе штаммов из Европы на территорию России. Штаммы из России в кластере №4, могут считаться штаммами «межконтинентальными». Российские изоляты, которые были распределены при генотипировании с помощью wgSNP в кластеры №№ 3, 5–8, принадлежат к штаммам «европейского» типа и имеют большее генетическое разнообразие, судя по широкому представительству в различных кластерах, хотя в количественном отношении их выделяется значительно меньше на территории России.

Заключение

Таким образом, SNP-анализ данных полногеномного секвенирования штаммов *Y. pseudotuberculosis*, выделенных в России и за рубежом, показал возможность с его помощью подробно изучать генетическое разнообразие популяций, связанных с географическим расположением очагов инфекции. Филогенетическое исследование с помощью wgSNP-маркеров позволяет эффективно, с большим дискриминирующим потенциалом, выявлять родственные генетические связи штаммов, выделенных на различных территориях.

Информация о финансировании

Полногеномное секвенирование проведено в рамках федеральной программы «Санитарный щит страны – безопасность для здоровья (предупреждение, выявление, реагирование)».

Financial support

Whole-genome sequencing was carried out within the framework of the federal program “Sanitary shield – health safety (prevention, detection, response)”.

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interests

The authors declare that there is no conflict of interest.

Информация о финансировании

Финансирование данной работы не проводилось.

Financial support

No financial support has been provided for this work.

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. Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения Российской Федерации в 2024 году» [Электронный ресурс]. Режим доступа: https://rospotrebnadzor.ru/documents/details.php?ELEMENT_ID=30171 (дата обращения: 15.08.2025).
2. Zhgenti E, Hu P, Chanturia G, Tsereteli D, Kekelidze M, Chubinidze S, et al. Investigation of *Yersinia pestis* and *Yersinia pseudotuberculosis* strains from Georgia and neighboring countries in the Caucasus by high-density SNP microarray. Arch Microbiol. 2018 Nov;200(9):1345-1355. DOI: 10.1007/s00203-018-1545-8
3. Savin C, Le Guern AS, Chereau F, Guglielmini J, Heuzé G, Demeure C, et al. First Description of a *Yersinia pseudotuberculosis* Clonal Outbreak in France, Confirmed Using a New Core Genome Multilocus Sequence Typing Method. Microbiol Spectr. 2022 Aug 31;10(4):e0114522. DOI: 10.1128/spectrum.01145-22
4. Трухачев АЛ, Мелоян МГ, Воскресенская ЕА, Водопьянов АС, Водопьянов СО, Подладчиков ОН, и др. INDEL-типирование штаммов *Yersinia pseudotuberculosis*. Проблемы особо опасных инфекций. 2022;4:102-109. DOI: 10.21055/0370-1069-2022-4-102-109
5. Мелоян МГ, Водопьянов АС, Воскресенская ЕА, Писанов РВ, Чеснокова МВ, Климов ВТ, и др. Генотипирование штаммов *Yersinia pseudotuberculosis*, выделенных на территории России, с помощью MLST. Проблемы особо опасных инфекций. 2024;4:107-114. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-4-107-114
6. Virtanen P, Gommers R, Oliphant TE, Haberland M, Reddy T, Cournapeau D, et al. SciPy 1.0: fundamental algorithms for scientific computing in Python. Nat Methods. 2020 Mar;17(3):261-272. DOI: 10.1038/s41592-019-0686-2
7. Ellson J, Gansner E, Koutsofios L, North SC, Woodhull G. Graphviz – Open Source Graph Drawing Tools. In: Mutzel P, Jünger M, Leipert S (eds). Graph Drawing. GD 2001. Lecture Notes in Computer Science. 2002;2265. Springer, Berlin, Heidelberg. DOI: 10.1007/3-540-45848-4_57
8. Seecharran T, Kalin-Manttari L, Koskela K, Nikkari S, Dickins B, Corander J, et al. Phylogeographic separation and formation of sexually discrete lineages in a global population of *Yersinia pseudotuberculosis*. Microb Genom. 2017 Sep 18;3(10):e000133. DOI: 10.1099/mgen.0.000133
9. Chen G, Lyu Y, Wang D, Zhu L, Cao S, Pan C, et al. Obtaining Specific Sequence Tags for *Yersinia pestis* and Visually Detecting Them Using the CRISPR-Cas12a System. Pathogens. 2021 May 6;10(5):562. DOI: 10.3390/pathogens10050562

References

1. State report "On the state of sanitary and epidemiological well-being of the population of the Russian Federation in 2024" [Electronic resource]. Available at: https://rospotrebnadzor.ru/documents/details.php?ELEMENT_ID=30171 (accessed 15.08.2025). (In Russian).
2. Zhgenti E, Hu P, Chanturia G, Tsereteli D, Kekelidze M, Chubinidze S, et al. Investigation of *Yersinia pestis* and *Yersinia pseudotuberculosis* strains from

- Georgia and neighboring countries in the Caucasus by high-density SNP microarray. *Arch Microbiol.* 2018 Nov;200(9):1345-1355. DOI: 10.1007/s00203-018-1545-8
3. Savin C, Le Guern AS, Chereau F, Guglielmini J, Heuzé G, Demeure C, et al. First Description of a *Yersinia pseudotuberculosis* Clonal Outbreak in France, Confirmed Using a New Core Genome Multilocus Sequence Typing Method. *Microbiol Spectr.* 2022 Aug 31;10(4):e0114522. DOI: 10.1128/spectrum.01145-22
4. Trukhachev AL, Meloyan MG, Voskresenskaya EA, Vodop'yanov AS, Vodop'yanov SO, Podladchikova ON, et al. INDEL-Typing of *Yersinia pseudotuberculosis* Strains. *Problems of Particularly Dangerous Infections.* 2022;4:102-109. DOI: 10.21055/0370-1069-2022-4-102-109 (In Russian).
5. Meloyan MG, Vodop'yanov AS, Voskresenskaya EA, Pisanov RV, Chesnokova MV, Klimov VT, et al. Genotyping of *Yersinia pseudotuberculosis* Strains Isolated in Russia Using MLST. *Problems of Particularly Dangerous Infections.* 2024;4:107-114. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-4-107-114 (In Russian).
6. Virtanen P, Gommers R, Oliphant TE, Haberland M, Reddy T, Cournapeau D, et al. SciPy 1.0: fundamental algorithms for scientific computing in Python. *Nat Methods.* 2020 Mar;17(3):261-272. DOI: 10.1038/s41592-019-0686-2
7. Ellson J, Gansner E, Koutsofios L, North SC, Woodhull G. Graphviz – Open Source Graph Drawing Tools. In: Mutzel P, Jünger M, Leipert S (eds). *Graph Drawing.* GD 2001. *Lecture Notes in Computer Science.* 2002;2265. Springer, Berlin, Heidelberg. DOI: 10.1007/3-540-45848-4_57
8. Secharran T, Kalin-Manttari L, Koskela K, Nikkari S, Dickins B, Corander J, et al. Phylogeographic separation and formation of sexually discrete lineages in a global population of *Yersinia pseudotuberculosis*. *Microb Genom.* 2017 Sep 18;3(10):e000133. DOI: 10.1099/mgen.0.000133
9. Chen G, Lyu Y, Wang D, Zhu L, Cao S, Pan C, et al. Obtaining Specific Sequence Tags for *Yersinia pestis* and Visually Detecting Them Using the CRISPR-Cas12a System. *Pathogens.* 2021 May 6;10(5):562. DOI: 10.3390/pathogens10050562

Информация о соавторах:

Водопьянов Алексей Сергеевич, кандидат медицинских наук, ведущий научный сотрудник ФКУЗ «Ростовский-на-Дону противочумной институт» Роспотребнадзора
ORCID: 0000-0002-9056-3231

Воскресенская Екатерина Александровна, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник ФБУН «Санкт-Петербургский институт эпидемиологии и микробиологии им. Пастера»
ORCID: 0000-0001-6380-1153

Трухачёв Алексей Леонидович, кандидат медицинских наук, ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярной биологии природно-очаговых и зоонозных инфекций ФКУЗ «Ростовский-на-Дону противочумной институт» Роспотребнадзора
ORCID: 0000-0002-3531-1146

Information about co-authors:

Alexey S. Vodopyanov, PhD, MD, Leading researcher at the Rostov-on-Don Anti-Plague Institute of Rospotrebnadzor
ORCID: 0000-0002-9056-3231

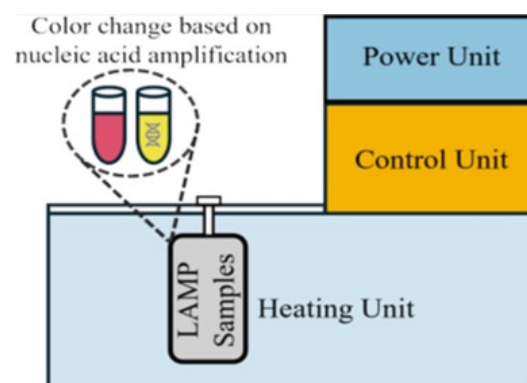
Ekatserina A. Voskresenskaya, PhD in Biological Sciences, Leading Researcher at the Pasteur St. Petersburg Scientific Research Institute of Epidemiology and Microbiology
ORCID: 0000-0001-6380-1153

Alexey L. Trukhachev, PhD, MD, Leading Researcher at the Laboratory of Molecular Biology of Natural Focal and Zoonotic Infections of the Rostov-on-Don Anti-Plague Institute of Rospotrebnadzor
ORCID: 0000-0002-3531-1146

НОВОСТИ НАУКИ

Переносной прибор обеспечивает быстрое обнаружение патогенов в полевых условиях

Тестирование на основе нуклеиновых кислот стало ведущим методом быстрого обнаружения микробов. В отличие от полимеразной цепной реакции (ПЦР), циклическое усиление нуклеиновой кислоты при изотермических условиях (LAMP) – это простой метод усиления нуклеиновой кислоты, где реакцию можно проводить при постоянной температуре, а результаты получать в колориметрическом формате. Прозрачная водяная баня является желательным инструментом для проведения нагревания и наблюдения визуальных результатов. Однако существующие методы нагрева воды неудобны для загрузки и выгрузки образцов для тестирования. В этой работе мы разработали переносную водяную баню – изотермический нагреватель, сокращенно IsoHeat, предназначенный для выполнения реакций LAMP. Используя технологии 3D-печати и лазерной резки, мы изготовили различные детали и механически собрали устройство. Пользователи могут начать нагрев, нажав кнопку «Старт» на экране после ввода целевой температуры. Затем устройство нагревает воду и поддерживает целевую температуру с помощью системы управления на основе алгоритма PID. Мы демонстрируем, что IsoHeat может работать при температурах окружающей среды от 5 до 33°C, и он может проводить реакции LAMP как в жидкой форме, так и в устройствах на бумажной основе. IsoHeat более эффективен и удобен в использовании, чем коммерчески доступное погружное нагревательное устройство, которое часто используется для проведения реакций LAMP. Этот вновь разработанный прибор будет полезен для удобного обнаружения патогенов на месте (например, в точке оказания медицинской помощи для человека, на фермах для применения к растениям и животным, и на производственных предприятиях для обеспечения безопасности пищевых продуктов).



Rafiq N, Verma MS.

Design and Development of a Field-Deployable Water Bath for Loop-Mediated Isothermal Amplification Assay. In IEEE Sensors Journal. 2025;25(17):32051-32060. DOI: 10.1109/JSEN.2025.3588790