

## НОВЫЕ И РЕДКИЕ ПАТОГЕНЫ: ИДЕНТИФИКАЦИЯ ШТАММА *PSEUDOXANTHOMONAS KAOSIUNGENSIS*

Белькова Н.Л.<sup>1</sup>,  
Немченко У.М.<sup>1</sup>,  
Сухорева М.В.<sup>2</sup>,  
Смурова Н.Е.<sup>1</sup>,  
Зугеева Р.Е.<sup>1</sup>,  
Клименко Е.С.<sup>1</sup>,  
Григорова Е.В.<sup>1</sup>,  
Ситникова К.О.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека» (664003, г. Иркутск, ул. Тимирязева, 16, Россия)

<sup>2</sup> ОГАУЗ «Городская Ивано-Матренинская детская клиническая больница» (664009, г. Иркутск, ул. Советская, 57, Россия)

Автор, ответственный за переписку:  
**Белькова Наталья Леонидовна**,  
e-mail: nlbelkova@gmail.com

### РЕЗЮМЕ

**Обоснование.** Представители рода *Pseudoxanthomonas*, ранее преимущественно выделяемые из разных загрязненных почв, в настоящее время описываются как новый оппортунистический патоген человека.

**Цель исследования.** Биологическая характеристика, филогенетический анализ и определение белкового спектра для идентификации штамма *P. kaohsiungensis*, потенциально нового и редкого патогена человека.

**Материалы и методы.** Объектом исследования стал штамм *P. kaohsiungensis* IMB-1, выделенный от ребенка, который проходил лечение в стационаре городского уровня. Выделение и культивирование штамма проводили на кровяном агаре. Изучали морфо-биохимические свойства. Для идентификации использовали рибосомную филогению; дополнительно получали белковые спектры с помощью MALDI-TOF масс-спектрометрии.

**Результаты.** Со среды обогащения из образца ликвора были изолированы мелкие серые колонии. Морфология клеток – грамтрицательные палочки, оксидазо- и каталазо-положительные. Идентификация с помощью тест-системы NEFERMtest 24 не дала однозначный результат. Культура была чувствительна при повышенном режиме дозирования к триметоприму-сульфаметоксазолу. Белковый спектр с низкой степенью оценки и сходимостью показал первичную идентификацию как *Stenotrophomonas maltophilia*. По результатам секвенирования по Сэнгеру была собрана последовательность гена 16S рРНК. Первичная идентификация по базе данных NCBI выявила максимальную гомологию с типовым штаммом *P. kaohsiungensis* J36, которая составила 99,8 %. Белковые спектры, полученные с помощью MALDI-TOF масс-спектрометрии, были обработаны с использованием специализированного программного обеспечения Microbe Analysis и сформирован референсный белковый профиль для идентификации штаммов вида *P. kaohsiungensis*.

**Заключение.** Трудности в бактериологической идентификации клинических значимых новых штаммов бактерий, отсутствие референсных белковых спектров в базах данных подтверждают золотой стандарт молекулярных методов секвенирования и рибосомной филогении для точной идентификации и характеристики патогена. Полученные результаты подчеркивают острую необходимость в усилении геномного мониторинга и обновлении баз данных для быстрой идентификации условных патогенов.

**Ключевые слова:** *Pseudoxanthomonas kaohsiungensis*, условно-патогенные микроорганизмы, устойчивость к антимикробным препаратам, рибосомная таксономия, MALDI-TOF масс-спектрометрия

Статья поступила: 10.02.2026  
Статья принята: 04.05.2026  
Статья опубликована: 22.05.2026

**Для цитирования:** Белькова Н.Л., Немченко У.М., Сухорева М.В., Смурова Н.Е., Зугеева Р.Е., Клименко Е.С., Григорова Е.В., Ситникова К.О. Новые и редкие патогены: идентификация штамма *Pseudoxanthomonas kaohsiungensis*. *Acta biomedica scientifica*. 2026; 11(2): 87-97. doi: 10.29413/ABS.2026-11.2.9

## NEW AND RARE PATHOGENS: IDENTIFICATION OF A PSEUDOXANTHOMONAS KAOHSIUNGENSIS

Belkova N.L.<sup>1</sup>,  
Nemchenko U.M.<sup>1</sup>,  
Sukhoreva M.V.<sup>2</sup>,  
Smurova N.E.<sup>1</sup>,  
Zugeeva R.E.<sup>1</sup>,  
Klimenko E.S.<sup>1</sup>,  
Grigorova E.V.<sup>1</sup>,  
Sitnikova K.O.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems (Timiryazev str., 16, Irkutsk 664003 Russian Federation)

<sup>2</sup> Ivano-Matreninskaya City Children's Clinical Hospital (Sovetskaya str., 57, Irkutsk 664009 Russian Federation)

Corresponding author:

**Natalia L. Belkova,**  
e-mail: nlbelkova@gmail.com

### RESUME

**Background.** Although previously isolated from contaminated soils, new opportunistic human pathogens belonging to the genus *Pseudoxanthomonas* have been described. Analysis of the biological properties of a *P. kaohsiungensis* strain isolated from the blood indicated that it is a potential human pathogen in immunocompromised patients and not merely a bacterium that produces biosurfactants in the environment.

**The aim.** To conduct biological characterization, phylogenetic analysis, and protein spectroscopy to identify the *P. kaohsiungensis* strain, a potential new and rare human pathogen.

**Materials and Methods.** The *P. kaohsiungensis* strain IMB-1 was isolated from a child undergoing treatment in a city hospital. The strain was isolated and cultured on blood agar. Morphological and biochemical properties were studied. Ribosomal phylogeny was used for identification; additionally, protein spectra were obtained using MALDI-TOF mass spectrometry.

**Results.** Small gray colonies were isolated from an enrichment medium from cerebrospinal fluid sample. The cell morphology was Gram-negative rods, oxidase- and catalase-positive. Identification using the NEFERMtest system was inconclusive. The strain was susceptible to increased doses of trimethoprim-sulfamethoxazole. Protein spectrum with a low score and convergence indicated a primary identification as *Stenotrophomonas maltophilia*. A 1470-bp 16S rRNA gene sequence was assembled using Sanger sequencing. Primary identification using the NCBI database revealed 99.8 % homology to the type strain of the species *P. kaohsiungensis*. Protein spectra obtained using MALDI-TOF mass spectrometry were processed, and a reference protein profile was generated for identifying *P. kaohsiungensis* strains.

**Conclusion.** Difficulties in bacteriological identification of clinically significant new bacterial strains and the lack of reference protein spectra in databases highlight the importance of genomic tools for accurate pathogen identification and characterization and confirm the gold standard of molecular sequencing and ribosomal phylogeny. The obtained results highlight the urgent need to strengthen genomic monitoring and update databases for the rapid identification of opportunistic pathogens.

**Keywords:** *Pseudoxanthomonas kaohsiungensis*, opportunistic microorganisms, antimicrobial resistance, ribosomal taxonomy, MALDI-TOF mass spectrometry

Received: 10.02.2026  
Accepted: 04.05.2026  
Published: 22.05.2026

**For citation:** Belkova N.L., Nemchenko U.M., Sukhoreva M.V., Smurova N.E., Zugeeva R.E., Klimenko E.S., Grigorova E.V., Sitnikova K.O. New and rare pathogens: identification of a *Pseudoxanthomonas kaohsiungensis*. *Acta biomedica scientifica*. 2026; 11(2): 87-97. doi: 10.29413/ABS.2026-11.2.9

## ОБОСНОВАНИЕ

Бактерии рода *Pseudoxanthomonas* впервые были выделены на предприятии по переработке отходов животного происхождения из экспериментальных биофильтров, используемых для очистки сточных газов. В 2000 году был описан новый род *Pseudoxanthomonas* с типовым штаммом *Pseudoxanthomonas broegbernensis* B1616/1<sup>T</sup>, который отличался от родов *Xanthomonas*, *Stenotrophomonas* и *Xylella* на основании различий профилей жирных кислот и рибосомной таксономии [1]. К бактериям рода *Pseudoxanthomonas* относятся медленно растущие аэробные, оксидазоположительные грамотрицательные палочки, образующие выпуклые колонии желтовато-бежевого цвета [1, 2]. Основным резервуаром местообитания этих бактерий являются почвы разного типа и с разной степенью антропогенного загрязнения, пресные, морские и минеральные воды, некоторые виды растений [3]. Особое внимание представляют собой случаи выделения отдельных представителей и описания нового вида из клинического материала [2, 4, 5]. Поэтому если ранее представители рода *Pseudoxanthomonas* воспринимались как микроорганизмы, связанные с антропогенным загрязнением почв, то в настоящее время их рассматривают как новых оппортунистических патогенов человека [5, 6].

Бактерии вида *P. kaohsiungensis* впервые были выделены в 2005 году около города Kaohsiung (Гаосюн), расположенного на юге Тайваня из почвы загрязненной нефтью [7]. Выделенный штамм J36 хорошо рос на сложных питательных средах, не образовывал спор и был подвижен за счет одного полярного жгутика. Благодаря продукции внеклеточных веществ обладал эмульгирующей активностью и был устойчив к амикацину, гентамицину, канамицину и стрептомицину [7]. В 2018 году этот же вид был выделен из крови работника нефтеперерабатывающего завода города Kaohsiung [4]. Пациент в течение трёх лет проходил заместительную почечную терапию из-за пузырно-мочеточникового рефлюкса и жаловался на боль в груди. Длительность симптомов указывала на хроническую инфекцию, вызванную возбудителем с низкой вирулентностью. При этом возбудителя не удалось выделить из перикардиальной жидкости, поскольку чашки Петри с агаром уничтожали после трех дней инкубации, а вид *P. kaohsiungensis* характеризуется как медленно растущий. Микроорганизм был выделен только из посевов крови и идентифицирован с помощью MALDI-TOF [4] и до настоящего времени является единственным документально описанным клиническим случаем. Полученные данные свидетельствуют о том, что *P. kaohsiungensis* является потенциальным патогеном человека у пациентов с ослабленным иммунитетом, а не только бактерией, продуцирующей биосурфактанты в окружающей среде [4].

Таким образом, недостаточная изученность и потенциальная трудность идентификации видов рода *Pseudoxanthomonas* может приводить к недооценке вклада нетипичных возбудителей в развитие

внутрибольничных инфекций, что диктует необходимость проведения регулярного микробиологического мониторинга для предотвращения развития инфекций при оказании медицинской помощи [8].

**Целью настоящего исследования** стали биологическая характеристика, филогенетический анализ и определение белкового спектра для идентификации штамма *Pseudoxanthomonas kaohsiungensis* – потенциального нового и редкого патогена человека.

## МЕТОДЫ

### Объект исследования

Объектом исследования стал штамм *P. kaohsiungensis* IMB-1, выделенный от ребенка, который проходил лечение в стационаре областного уровня (Городская Ивано-Матренинская детская клиническая больница). Информация о пациентах после получения бактериальных культур обезличивалась, т. к. основной целью исследования было изучение биологических свойств выделенных изолятов.

### Идентификация микроорганизмов

Для лабораторного подтверждения клинического и эпидемиологического диагноза согласно МУК 4.2.4067-24 проводился отбор спинномозговой жидкости (СМЖ, ликвор) [9], отобранная проба доставлена в бактериологическую лабораторию для микроскопического и бактериологического исследования. При проведении прямой световой микроскопии биоматериала в 10 полях зрения микроорганизмы не были обнаружены.

Для бактериологического анализа 0,5 мл ликвора засеивали в среду обогащения (сывороточный агар, СА, питательная среда, готовая к употреблению, производитель БиоВитрум, Россия) и доставляли в лабораторию. При посеве 3–4 капли СМЖ вносили непосредственно на питательные среды шоколадный агар (ША, питательная среда, готовая к использованию, производитель БиоВитрум, Россия) и кровяной агар (КА, питательная среда, готовая к использованию, производитель БиоВитрум™, Россия) в течение 1 ч после взятия образца. Посевы инкубировали при температуре 35–37°C в течение 24–48 часов в атмосфере, содержащей 5–10 % углекислого газа [9].

После контроля роста на плотных питательных средах проводили визуальную оценку выросших колоний. Готовили мазок по Граму, определяли оксидазную и каталазную активность, тест Хью-Лейфсона. Затем проводили дальнейшую идентификацию возбудителя и определение чувствительности к антимикробным препаратам (АМП).

Для проведения теста на каталазу использовали 3 % раствор перекиси водорода. С помощью инокуляционной петли отбирали колонии с поверхности питательной среды, помещали на предметное стекло, затем добавляли каплю раствора и смешивали с нанесенной на стекло культурой. Положительным результатом считали выделение пузырьков в капле.

В качестве положительного контроля использовался штамм *Staphylococcus aureus* ATCC 25923, в качестве отрицательного контроля – *Streptococcus pyogenes* ATCC 19615 (Государственный научный центр прикладной микробиологии и биотехнологии (ФБУН ГНЦ ПМБ) Государственная коллекция патогенных микроорганизмов и клеточных культур «ГКМП-Оболensk»).

Для проведения оксидазного теста использовали тест-полоски OXItest производства Erba Lachema (Чехия). Суточную культуру микроорганизма наносили деревянной зубочисткой на тест-полоску, учет результатов реакции проводили через 5–10 с после нанесения. Положительной реакцией считали окрашивание тест-полоски в синий или фиолетовый цвет за счет образования индофенола. При отрицательной реакции изменения цвета не происходило. В качестве контроля использовали *Pseudomonas aeruginosa* 27853 (положительный контроль) и *Escherichia coli* ATCC 25922 (отрицательный контроль) (Государственный научный центр прикладной микробиологии и биотехнологии (ФБУН ГНЦ ПМБ) Государственная коллекция патогенных микроорганизмов и клеточных культур «ГКМП-Оболensk»).

Тест Хью-Лейфсона (НИЦФ, Санкт-Петербург) предназначен для определения типа ферментации углевода (глюкозы и лактозы) грамотрицательными бактериями в аэробных и анаэробных условиях. Положительной реакцией считали разложение глюкозы и пожелтение среды. При ферментации кислота продуцируется в аэробных и анаэробных условиях (пожелтение всего столбика среды). При окислении кислота образуется только в открытой среде (пожелтение верхнего слоя среды), под слоем масла цвет среды не изменяется. Другие микроорганизмы не вызывают изменения среды под маслом и дают щелочную реакцию открытой среды.

Дальнейшую идентификацию культуры проводили с помощью тест-системы для идентификации неферментирующих грамотрицательных бактерий (НГОБ), NEFERMtest 24, производства Erba Lachema (Чехия).

Идентификацию масс-спектрометрическим методом MALDI-TOF проводили на приборе Smart MS 5020 (Zhuhai DL Biotech, Китай).

Определение чувствительности к АМП проводили согласно критериям EUCAST, v.15.0 [10]. Использовали диски с АМП производства HiMedia Laboratories Pvt. Ltd. (Индия) и Bio-Rad (Франция).

#### **Белковое профилирование с помощью MALDI-TOF масс-спектрометрии**

Для белкового профилирования культуру выращивали на кровяном агаре. Биомассу клеток анализируемого штамма из отдельной колонии суспендировали в 150 мкл деионизированной воды. К полученной суспензии добавляли 450 мкл 96 % этанола, центрифугировали на настольной центрифуге при 13 400 об/мин в течение 2 мин. Супернатант удаляли, к осадку добавляли 10 мкл 70 % муравьиной кислоты и перемешивали до его полного растворения. К полученному раствору добавляли равный объём ацетонитрила, аккуратно перемешивали и центрифугировали 2 мин

при 13 400 об/мин. Надосадочную жидкость переносили в новую пробирку и использовали для дальнейших исследований.

Для приготовления мишени для белкового профилирования использовали коммерческий набор «MALDI-TOF проба» (Литех, Россия). В лунку мишени наносили 1 мкл супернатанта, подсушивали на воздухе, затем наносили 1 мкл матрицы ( $\alpha$ -циано-4-гидроксикоричная кислота). Анализ проводили масс-спектрометрическим методом MALDI-TOF на приборе Smart MS 5020 (Zhuhai DL Biotech, Китай) в диапазоне масс 3 000–20 000 Да с первичной идентификацией согласно базе данных прибора (v. 20250409).

Полученные спектры подвергали обработке с использованием специализированного программного обеспечения Microbe Analysis v.1.1.1.1 для построения референсных профилей и последующей идентификации микроорганизмов.

#### **Молекулярно-генетический анализ**

Для выделения геномной ДНК культуру выращивали на кровяном агаре. С агаризованной среды снимали по штриху несколько колоний и использовали для выделения ДНК. Выделение ДНК чистой культуры исследуемого штамма проводили с помощью коммерческого набора реагентов «ДНК-сорб-В» (АмплиСенс®, Россия). Для этого бактериальные клетки суспендировали в 100 мкл стерильного физиологического раствора и обрабатывали лизирующим раствором при 65°C в течение 5 мин. ДНК осаждали на сорбенте, после чего трижды промывали от несвязанного материала. Очищенную ДНК элюировали в ТЕ-буфере.

Практически полноразмерную последовательность гена 16S рРНК получали путем проведения нескольких ПЦР с использованием консервативных бактериальных праймеров (табл. 1). Для получения перекрывающихся фрагментов использовали следующие пары праймеров: 27F–500R, 27F–1000R, 500F–1230R, 800F–1350R, 800F–1542R. Реакционную смесь для ПЦР готовили на основе коммерческого набора “Encyclo Polymerase” (Евроген, Россия), содержащего 50× смесь термостабильных ДНК-полимераз с «горячим стартом» и 10× Encyclo буфер. Дополнительно добавляли смесь дезоксинуклеозидтрифосфатов до конечной концентрации 0,2 мМ каждого, праймеры – до 1 пМ и матричную ДНК – до концентрации 0,5 нг/мкл. ПЦР проводили в амплификаторе «ДТпрайм» (ДНК-Технология, Россия) в следующем режиме: первый цикл 95°C, 5 мин; 25 циклов: 94°C, 30 с, 60°C, 30 с, 72°C, 30–60 с (в зависимости от длины амплифицируемого фрагмента); последний цикл 72°C, 5 мин.

ПЦР-продукты анализировали с помощью гель-электрофореза в 1 % агарозном геле, окрашенном бромистым этидием (10 мг/мл) для дальнейшей визуализации ДНК на трансиллюминаторе. Для определения размера ампликона использовали маркер молекулярного веса «GeneRuler 100 bp DNA Ladder» (Thermo Scientific, США), который имеет линейку фрагментов от 100 до 1500 п. н. с шагом 100 п. н. Вырезанные из агарозного геля ампликоны очищали методом вымораживания-оттаивания.

ТАБЛИЦА 1

СТРУКТУРЫ ПРАЙМЕРОВ, ИСПОЛЬЗОВАННЫХ В РАБОТЕ, И РАЗМЕР СООТВЕТСТВУЮЩИХ АМПЛИКОНОВ

TABLE 1

STRUCTURES OF PRIMERS USED IN THE WORK AND THE SIZE OF THE CORRESPONDING AMPLICONS

Название праймера	Нуклеотидная структура (5'–3')	Длина ПЦР-продукта, п. н.
27F*	AGAGTTTGATCATGGCTCAG	493
500R	TTACCGCGGCTGCTGGFACG	
27F	AGAGTTTGATCATGGCTCAG	993
1000R*	CCTGGTAAGTTCTTCGCGTTGC	
500F	GTGCCAGCAGCCGCGGTAA	749
1230R*	CATTGTAGCTCGTGTGTAGCCC	
800F	AGGATTAGATACCCTGGTAGTC	572
1350R*	CTTGTACACACCCGCCGTC	
800F	AGGATTAGATACCCTGGTAGTC	764
1542R*	AAGGAGGTGATCCAGCCS	

Примечание: \* – праймер, который использовали в сиквенсной реакции.

Сиквенсную реакцию каждого ампликона вели на одном из праймеров (табл. 1) с использованием набора реагентов «Brilliant Dye Cycle Sequencing Kit v. 3.1» (NimaGen, Нидерланды) в следующем режиме: первый цикл 96°C, 45 с; 25 циклов 96°C, 10 с; 50°C, 5 с; 60°C, 4 мин. Очистку продуктов сиквенсной реакции проводили методом переосаждения ДНК этанолом.

Секвенирование методом капиллярного электрофореза проводили на генетическом анализаторе «На-нофор-05» (Синтол, Россия).

#### Рибосомная таксономия

Коррекцию полученных последовательностей и сборку полного гена 16S рРНК проводили вручную в программе Bioedit v. 7.7 [11]. Видовую идентификацию исследуемого штамма проводили путем сравнительного анализа полученной последовательности гена 16S рРНК с последовательностями базы данных «16S ribosomal RNA sequences (Bacteria and Archaea)» NCBI (National Center for Biotechnology Information) с помощью инструмента BLASTn [12].

Для филогенетического анализа из базы данных LPSN (List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature) [13] были отобраны последовательности гена 16S рРНК типовых штаммов 27 видов рода *Pseudoxanthomonas* (табл. 2). Дополнительно из базы данных NCBI были выбраны последовательности гена 16S рРНК штаммов вида *P. kaohsiungensis*, длина которых больше 1400 п. н.

Множественное выравнивание последовательностей проводили в программе MEGA v.12 [14] с применением алгоритма ClustalW. Филогенетические деревья реконструировали в программе MEGA v.12 с применением метода ближайших соседей (англ., Neighbor-joining, NJ) [15]. Статистическую поддержку топологии деревьев оценивали методом бутстрэп с числом реплик – 1000. Для укоренения филогенетического дерева в качестве внешней группы использовали последовательность гена 16S рРНК *Bacillus subtilis* IAM 12118 (AB042061).

Исследование выполнено в рамках госзадания № 126020216227-3 (одобрено этическим комитетом ФГБНУ НЦ ПЗСРЧ протокол № 9 от 15.12.2025 г.) с использованием оборудования ЦКП «Центр разработки прогрессивных персонализированных технологий здоровья» и УНУ «Коллекция микробиоты человека Иркутской области» ФГБНУ НЦ ПЗСРЧ, г. Иркутск.

## РЕЗУЛЬТАТЫ

#### Культивирование штамма *P. kaohsiungensis* IMB-1

После непосредственного посева исследуемого образца ликвора на КА и ША роста через 24 часа не обнаружено. Посевы оставлены в термостате при 37°C в атмосфере, содержащей 5–10 % углекислого газа еще на 24 часа. Визуального роста также не обнаружено.

Образец ликвора был пересейан со среды обогащения после культивирования 24 часа при 37°C в атмосфере, содержащей 5–10 % углекислого газа на КА и ША. Еще через 24 часа на питательных средах обнаружены мелкие серые колонии. При дальнейших пересевах культура выростала в аэробных условиях через 48 часов, образуя колонии серо-белого цвета.

В мазке по Граму – грамотрицательные палочки. Тесты на оксидазную и каталазную активность – положительные. Тест Хью-Лейфсона на окисление/ферментацию: окисление глюкозы – отрицательный, окисление лактозы – положительный, ферментация – отрицательный.

Идентификация с помощью тест-системы NEFERMtest 24:

OXI (Оксидаза) – положительный; URE (Уреаза) – отрицательный; LAC (Лактоза) – отрицательный; GAL (Галактоза) – отрицательный; ARG (Аргинин) – отрицательный; MAN (Маннитол) – отрицательный; MLT (Мальтоза) – отрицательный; ORN (Орнитин) – отрицательный; TRE (Трегалоза) – отрицательный; CEL (Целлобиоза) – отрицательный; LYS (Лизин) – отрицательный;

XYL (Ксилоза) – положительный; SUC (Сахароза) – отрицательный; AAM (Ацетамид) – отрицательный; ARA (Арабиноза) – положительный; INO (Инозитол) – отрицательный; BGL (β-глюкозидаза) – положительный; AGA (α-галактозидаза) – положительный; GGT (γ-глутамилтрансфераза) – положительный; NAG (N-ацетил-β-D-глюкозаминидаза) – отрицательный; BGA (β-галактозидаза) – положительный; PHS (phosphatase production) – положительный; SCI (Цитрат Симмонса) – отрицательный; MAL (Малонат) – отрицательный; ESL (Эскулин) – положительный. Код профиля по Кодовой книге для HEФЕРМтест24 100022764, что соответствовало видам *Chryseobacterium indologenes*, *Sphingomonas paucimobilis* и *Vibrio hollisae*.

Выбор АМП для определения чувствительности был ограничен предполагаемым видом микроорганизма – *Stenotrophomonas maltophilia*, к которому согласно критериям EUCAST для ДДМ рекомендован

один антибиотик – триметоприм-сульфаметоксазол 1,25/23,75. Культура была чувствительна при увеличенной экспозиции к триметоприму-сульфаметоксазолу, зона задержки роста составила 26 мм.

Таким образом, рутинными методами провести корректную идентификацию с точным определением вида микроорганизма было невозможно.

Для дальнейшей идентификации использовали MALDI-TOF спектрометрию. Выделенный штамм культивировали в обычной атмосфере на КА в течение 48 часов, отбирали изолированные колонии серо-белого цвета.

**Идентификация штамма *P. kaohsiungensis* IMB-1 с помощью масс-спектрометрии**

MALDI-TOF масс-спектрометрия была использована для анализа белкового спектра штамма *P. kaohsiungensis* IMB-1 и его сравнения с актуальной базой данных прибора Smart MS 5020. Белковый спектр с низкой степенью

**ТАБЛИЦА 2**

**СПИСОК ВИДОВ РОДА *PSEUDOXANTHOMONAS*<sup>1</sup>, ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ДЛЯ РИБОСОМНОЙ ТАКСОНОМИИ**

**TABLE 2**

**LIST OF SPECIES OF THE GENUS *PSEUDOXANTHOMONAS* USED FOR RIBOSOME TAXONOMY**

Название	Номенклатурный статус
<i>Pseudoxanthomonas arseniciresistens</i> Mohapatra et al. 2020	Валидирован
" <i>Pseudoxanthomonas beigongshangi</i> " Sun et al. 2021	Не валидирован
<i>Pseudoxanthomonas broegbernensis</i> Finkmann et al. 2000	Валидирован
" <i>Pseudoxanthomonas byssovora</i> " Okeke and Lu 2011	Не валидирован
" <i>Pseudoxanthomonas composti</i> " Lin et al. 2019	Не валидирован
<i>Pseudoxanthomonas daejeonensis</i> Yang et al. 2005	Валидирован
<i>Pseudoxanthomonas dokdonensis</i> (Yoon et al. 2006) Lee et al. 2008	Валидирован
<i>Pseudoxanthomonas gei</i> Zhang et al. 2014	Валидирован
<i>Pseudoxanthomonas helianthi</i> Kittiwongwattana and Thawai 2016	Валидирован
" <i>Pseudoxanthomonas humi</i> " Akter et al. 2015	Не валидирован
" <i>Pseudoxanthomonas icgebensis</i> " Rani et al. 2010	Не валидирован
<i>Pseudoxanthomonas indica</i> Kumari et al. 2011	Валидирован
<i>Pseudoxanthomonas japonensis</i> Thierry et al. 2004	Валидирован
" <i>Pseudoxanthomonas jiangsuensis</i> " Wang et al. 2011	Не валидирован
<i>Pseudoxanthomonas kalamensis</i> Harada et al. 2006	Валидирован
<i>Pseudoxanthomonas kaohsiungensis</i> Chang et al. 2005	Валидирован
<i>Pseudoxanthomonas koreensis</i> Yang et al. 2005	Валидирован
<i>Pseudoxanthomonas mexicana</i> Thierry et al. 2004	Валидирован
<i>Pseudoxanthomonas putridarboris</i> Lee et al. 2017	Валидирован
<i>Pseudoxanthomonas sacheonensis</i> Lee et al. 2008	Валидирован
<i>Pseudoxanthomonas sangjuensis</i> Kim et al. 2015	Валидирован
<i>Pseudoxanthomonas spadix</i> Young et al. 2007	Валидирован
<i>Pseudoxanthomonas suwonensis</i> Weon et al. 2006	Валидирован
<i>Pseudoxanthomonas taiwanensis</i> Chen et al. 2002	Валидирован
<i>Pseudoxanthomonas winnipegensis</i> Bernard et al. 2020	Валидирован
<i>Pseudoxanthomonas wuyuanensis</i> Li et al. 2014	Валидирован
<i>Pseudoxanthomonas yeongjuensis</i> Yoo et al. 2007	Валидирован

1 в соответствии со списком LPSN, URL: <https://lpsn.dsmz.de/>

оценки от 1,41 до 1,49 и сходимостью от 49,76 до 52,59 % показал первичную идентификацию как *S. maltophilia* штаммы 300851, 105626 и 105622. Спектр отличался наличием дополнительных пиков разной интенсивности при разном соотношении масса/заряд ( $m/z$ ) для отдельных частиц (рис. 1).

Для построения референсного профиля полученных спектры подвергали обработке с использованием специализированного программного обеспечения Microbe Analysis и депонировали в базу данных прибора, чтобы использовать для последующей идентификации бактерий этого вида.

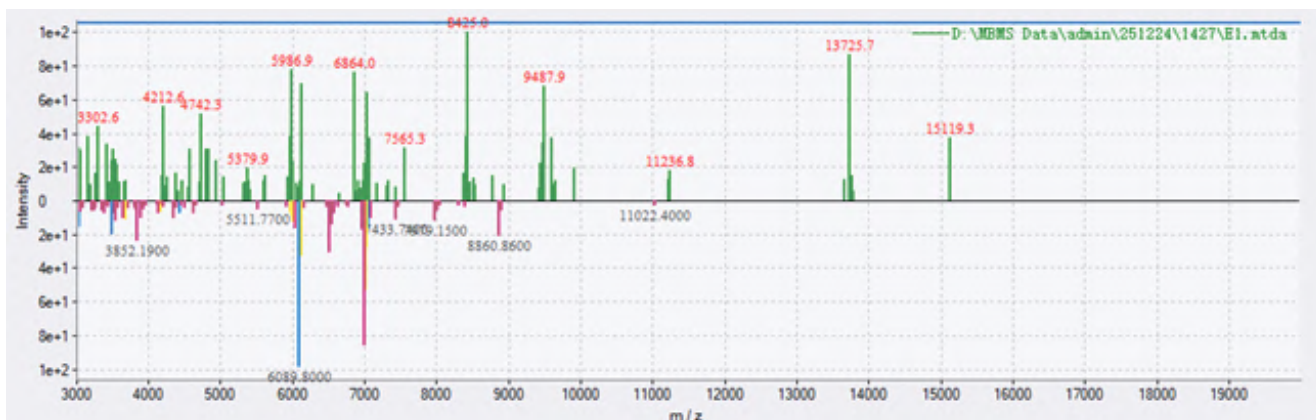
**Рибосомная таксономия штамма *P. kaohsiungensis* IMB-1**

По результатам секвенирования полученных ампликонов была собрана последовательность гена 16S рРНК длиной 1470 п. н. Первичная идентификация по базе данных NCBI выявила максимальную гомологию с типовым штаммом *P. kaohsiungensis* J36, которая составила 99,8 % (табл. 3). Длина общего фрагмента

составила 1422 п. н., в последовательности гена 16S рРНК *P. kaohsiungensis* IMB-1 определены три замены: А→С (102), Т→С (639), G→С (1289).

Для уточнения таксономического положения была проведена рибосомная филогения, в которой были использованы не только последовательности гена 16S рРНК типовых штаммов рода *Pseudoxanthomonas*, но и имеющиеся в базе данных последовательности штаммов вида *P. kaohsiungensis*, не смотря на их длину. На момент проведения рибосомной таксономии род *Pseudoxanthomonas* включал 21 валидно зарегистрированный вид и шесть охарактеризованных, но не валидированных видов (табл. 2). Дополнительно были включены четыре последовательности штаммов, идентифицированных как *P. kaohsiungensis*: *P. kaohsiungensis* M9 (PV154027), *P. kaohsiungensis* MMS17-SY254 (MG385712), *P. kaohsiungensis* MadaFrogSkinBac.DB-.2342 (MF526104) и *P. kaohsiungensis* DBTP12 (OL468272).

На филогенетическом дереве последовательность гена 16S рРНК штамма *P. kaohsiungensis* IMB-1 попала



**РИС. 1.** Белковый спектр штамма *Pseudoxanthomonas kaohsiungensis* IMB-1. В качестве референсного спектра приведен белковый спектр штамма *Stenotrophomonas maltophilia* 300851 из базы данных прибора Smart MS 5020

**FIG. 1.** Protein spectrum of *Pseudoxanthomonas kaohsiungensis* strain IMB-1. The protein spectrum of *Stenotrophomonas maltophilia* strain 300851 from the Smart MS 5020 database is used as a reference spectrum

**ТАБЛИЦА 3**  
**ИДЕНТИФИКАЦИЯ ШТАММА *P. KAOSIUNGENSIS* IMB-1 НА ОСНОВАНИИ СРАВНЕНИЯ С РЕФЕРЕНСНЫМИ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЯМИ ИЗ БАЗЫ ДАННЫХ NCBI**

**TABLE 3**  
**IDENTIFICATION OF *P. KAOSIUNGENSIS* STRAIN IMB-1 BASED ON COMPARISON WITH REFERENCE SEQUENCES FROM THE NCBI DATABASE**

Название гомолога	Номер в базах данных Genbank / EMBL	Процент гомологии
<i>Pseudoxanthomonas kaohsiungensis</i> J36	NR_043070 / AY650027	99,8
<i>Pseudoxanthomonas koreensis</i> T7-09	NR_042972 / AY550263	99,1
<i>Pseudoxanthomonas daejeonensis</i> NBRC 101159	NR_113984 / AB681401	98,8
<i>Pseudoxanthomonas suwonensis</i> 4M1	NR_043276 / AY927994	98,5
<i>Pseudoxanthomonas jiangsuensis</i> waxT	NR_132712 / FJ796079	98,0
<i>Pseudoxanthomonas broegbernensis</i> B1616/1	NR_025306 / AJ012231	97,4
<i>Pseudoxanthomonas icgebensis</i> ICGEB-L15	NR_116834 / FJ838784	97,4
<i>Pseudoxanthomonas sangjuensis</i> 5GH38-5	NR_137263 / KJ607172	97,3
<i>Pseudoxanthomonas japonensis</i> NBRC 101033	NR_113972 / AB681337	97,1
<i>Pseudoxanthomonas mexicana</i> AMX 26B	NR_025105 / AF273082	97,0

в кластер, сформированный типовым штаммом этого вида и последовательностями других штаммов этого же вида (рис. 2).

## ОБСУЖДЕНИЕ

В экспериментальном исследовании новый штамм, выделенный из образца ликвора ребенка, был идентифицирован как вид *Pseudoxanthomonas kaohsiungensis* на основе рибосомной таксономии. Следует отметить, что степень гомологии с типовым штаммом традиционно используется для оценки уровня таксономического сходства. Недавно были предложены обновленные пороговые значения для классификации прокариот и идентификации новых таксонов [16]. На массиве данных 19 556 типовых штаммов показано,

что последовательности гена 16S рРНК одного и того же вида имели как минимум 97,2–100 % идентичности, а 90,1–99,0% – для рода [16]. При этом отмечено, что границы пороговых значений перекрываются и должны интерпретироваться вместе с другими данными при описании вида [16]. Гомология гена 16S рРНК штамма IMB-1 с последовательностью типового штамма вида *P. kaohsiungensis* J36 составила 99,8%, что попадает в пороговые значения для классификации вида. Построение филогенетических взаимосвязей подтверждает эту идентификацию, на филогенетическом дереве последовательности гена 16S рРНК двух штаммов IMB-1 и типового J36 сформировали общий кластер.

Среди основных биологических свойств штамма IMB-1 следует отметить медленный рост на питательных средах, наличие таких ферментов как оксидаза, каталаза, β-глюкозидаза, α-галактозидаза,



**РИС. 2.** Рибосомная филогения бактерий рода *Pseudoxanthomonas*. Филогенетический анализ проведен с применением метода ближайших соседей, статистическую поддержку топологии деревьев оценивали методом бутстрэп с числом реплик – 1000. Масштаб обозначает 2 замены на каждые 100 п. н.

**FIG. 2.** Ribosomal phylogeny of bacteria in the genus *Pseudoxanthomonas*. Phylogenetic analysis was performed using the neighbor-joining method; statistical support for tree topology was estimated using the bootstrap method with a replicate count of 1000. The scale bar represents two substitutions per 100 bp.

γ-глутамилтрансфераза, N-ацетил-β-D-глюкозаминидаза и β-галактозидаза, способность метаболизировать арабинозу и эскулин, продуцировать фосфатазу. При определении чувствительности к АМП диско-диффузионным методом согласно критериям EUCAST штамм показал чувствительность при повышенном режиме дозирования к триметоприму-сульфаметоксазолу. Типовой штамм этого вида выделен из почвы, загрязненной отходами нефтеперерабатывающего предприятия возле города Kaohsiung. Штамм продуцировал внеклеточные биосурфактанты, обладал эмульгирующей активностью и был устойчив к аминогликозидам [7]. Описан единственный клинический случай, когда через 13 лет после описания типового штамма вида *P. kaohsiungensis*, потенциально патогенный штамм был выделен из крови работника этого же нефтеперерабатывающего завода, демонстрируя нетипичную картину хронической инфекции, вызванную возбудителем с низкой вирулентностью [4]. Тестирование изолята на чувствительность к антибиотикам согласно клиническим и лабораторным стандартам (Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI) для бактерий, не относящихся к семейству Enterobacteriaceae, включая *Pseudomonas* spp., позволило определить промежуточную чувствительность к амикацину, азтреонаму и гентамицину, при этом МИК для этих АМП были 32, 16 и 8 мг/л соответственно [4].

Особый интерес представляют случаи выделения и идентификации новых штаммов бактерий рода *Pseudoxanthomonas* из клинического материала, когда ранее охарактеризованный на основе биологических и молекулярных свойств валидированный природный штамм оказывается близким по своим свойствам к штаммам, выделенным внутри больничной среды [2, 4, 5]. Thierry S. et al. были охарактеризованы мезофильные бактерии, выделенные из анаэробного реактора, мочи человека и загрязненной почвы [2]. Два изолята AMX 26BT и UR374\_02 продемонстрировали 100 % сходство последовательности гена 16S рПНК, близкие хемотаксономические и биохимические свойства, на основании которых авторы описали новый вид *Pseudoxanthomonas mexicana*, включающий штаммы AMX 26BT (типовой штамм) и UR374\_02 [2]. Следует отметить, что штамм *P. mexicana* UR374\_02 был выделен из мочи 10-летнего мальчика с множественными катетеризациями и случайными инфекциями мочевыводящих путей в Германии [2]. В последующих исследованиях было показано, что *P. mexicana* может быть источником металло-β-лактамазы *bla*<sub>AIM-1</sub> редкого гена резистентности, который на сегодняшний день был обнаружен только у *Pseudomonas aeruginosa* [17]. Другим коллективом авторов были проанализированы 12 изолятов, полученные от десяти пациентов, которые были направлены в Национальную микробиологическую лабораторию Канады в течение 7 лет [5]. На основании данных полногеномного секвенирования, MALDI-TOF, анализа жирных кислот, авторы описали новый вид *Pseudoxanthomonas winnipegensis* sp. nov. Тестирование чувствительности к антимикробным препаратам показало,

что все штаммы были чувствительны к большинству антибиотиков, но для некоторых штаммов *P. winnipegensis* наблюдались промежуточные/резистентные значения для меропенема и имипенема. МИК варьировали для большинства изученных антимикробных препаратов, для которых отсутствовали пороговые значения. Все штаммы имели высокие значения МИК по отношению к нитрофурантоину, обычно используемому для лечения инфекций мочевыводящих путей.

У нового штамма, выделенного в нашем исследовании из образца ликвора ребенка, принадлежность к виду *P. kaohsiungensis* однозначно подтверждена на основании рибосомной таксономии. Однако, белковые спектры, полученные с помощью MALDI-TOF масс-спектрометрии, с низкой степенью оценки указывали на вид *S. maltophilia*, что потребовало, после подтверждения видовой принадлежности секвенированием, вручную сформировать референсный белковый профиль для идентификации штаммов вида *P. kaohsiungensis*.

Очевидно, что требуются дополнительные исследования для определения истинной клинической значимости штамма *P. kaohsiungensis* IMB-1, также как и его патогенетического потенциала. Использование полногеномного секвенирования позволит определить основные маркеры патогенности, вирулентности, резистентности к антимикробным препаратам и стрессовым факторам окружающей среды, а также спрогнозировать метаболический профиль [18-21].

Описание биологических свойств и потенциальных маркеров патогенности, вирулентности и устойчивости к антимикробным препаратам для новых штаммов, идентифицированных в известных таксонах микроорганизмов, представляет актуальную информацию для клинических лабораторий и способствует выбору клинически значимых тестов для определения чувствительности к антимикробным препаратам. Информировав практикующих врачей о появлении новых вирулентных видов с нетипичными фенотипическими профилями, научные исследования способствуют пониманию этиологии и эпидемиологии заболеваний и подтверждаются результатами исследований влияния близлежащего или отдаленного микробиома в неинфекционных системах [22].

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Инфекции, вызванные бактериями рода *Pseudoxanthomonas*, являются редкими, и как правило, связаны с серьезными заболеваниями у пациентов с компрометированной иммунной системой. Не смотря на то, что бактерии рода *Pseudoxanthomonas* – не широко известные патогены, исследования их биологических свойств необходимы для понимания патогенетического потенциала к приобретению множественной лекарственной устойчивости и вирулентности.

Таким образом, трудности в бактериологической идентификации клинически значимых новых видов

бактерий, отсутствие референсных белковых спектров в базах данных диктуют необходимость применения геномных инструментов для точной идентификации и характеристики патогена и подтверждают золотой стандарт молекулярных методов секвенирования и рибосомной таксономии. Полученные результаты подчеркивают острую необходимость в усилении геномного мониторинга и обновлении баз данных для быстрой идентификации условных патогенов. Эти усилия необходимы для смягчения растущей угрозы устойчивости к противомикробным препаратам и улучшения стратегий инфекционного контроля.

#### Финансирование

Исследование выполнено в рамках госзадания № 126020216227-3.

#### Конфликт интересов

Авторы данной статьи сообщают об отсутствии конфликта интересов.

#### ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

- Finkmann W, Altendorf K, Stackebrandt E, Lipski A. Characterization of N<sub>2</sub>O-producing *Xanthomonas*-like isolates from biofilters as *Stenotrophomonas nitritireducens* ssp. nov., *Luteimonas mephitis* gen. nov., sp. nov. and *Pseudoxanthomonas broegbernensis* gen. nov., sp. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2000; 50(1): 273–282. doi: 10.1099/00207713-50-1-273
- Thierry S, Macarie H, Iizuka T, Geißdörfer W, Assih EA, Spanevello M, et al. *Pseudoxanthomonas mexicana* sp. nov. and *Pseudoxanthomonas japonensis* sp. nov., isolated from diverse environments, and emended descriptions of the genus *Pseudoxanthomonas* Finkmann et al. 2000 and of its type species. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2004; 54(6): 2245–2255. doi: 10.1099/ijs.0.02810-0
- LPSN. URL <https://lpsn.dsmz.de/genus/pseudoxanthomonas> [date of access: January 28, 2026]
- Kuo SF, Lee CH. An oil refinery worker at Kaohsiung, with *Pseudoxanthomonas kaohsiungensis* bloodstream infection presenting as chronic pericarditis and masquerading as tuberculosis pericarditis. *J. Microbiol. Immunol. Infect.* 2018; 51(4): 575–577. doi: 10.1016/j.jmii.2017.12.003
- Bernard KA, Vachon A, Pacheco AL, Burdz T, Wiebe D, Beniac DR, et al. *Pseudoxanthomonas winnipegensis* sp. nov., derived from human clinical materials and recovered from cystic fibrosis and other patient types in Canada, and emendation of *Pseudoxanthomonas spadix* Young et al. 2007. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2020; 70(12): 6313–6322. doi: 10.1099/ijsem.0.004533
- Wen C, Ai C, Lu S, Yang Q, Liao H, Zhou S. Isolation and Characterization of the Lytic *Pseudoxanthomonas kaohsiungensis* Phage PW916. *Viruses.* 2022; 14(8): 1709. doi: 10.3390/v14081709
- Chang JS, Chou CL, Lin GH, Sheu SY, Chen WM. *Pseudoxanthomonas kaohsiungensis* sp. nov., a novel bacterium isolated from oil-polluted site produces extracellular surface activity. *Syst. Appl. Microbiol.* 2005; 28(2): 137–144. doi: 10.1016/j.syapm.2004.11.003
- Костина А.В., Сырочев А.А., Костылева М.Н., Строк А.Б., Мартыненко А.В. Вспышка инфекции, ассоциированной с *Ralstonia insidiosa*: описание серии случаев и эпидемиологического расследования в многопрофильном педиатрическом стационаре. *КМАХ.* 2025; 27(2): 249–257. [Kostina AV, Syrochev AA, Kostyleva MN, Strok AB, Martynenkova AV. An outbreak of *Ralstonia insidiosa* infection: a case series and an epidemiologic investigation in a pediatric hospital. *Clinical Microbiology and Antimicrobial Chemotherapy.* 2025; 27(2): 249–257. (In Russ.). doi: 10.36488/смаc.2025.2.249-257
- Методические указания МУК 4.2.4067-24 «Лабораторная диагностика менингококковой инфекции и гнойных бактериальных менингитов» (утв. Федеральной службой по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека 27 сентября 2024 г.). [Methodological guidelines МУК 4.2.4067-24 “Laboratory diagnostics of meningococcal infection and purulent bacterial meningitis” (approved by the Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing on September 27, 2024) (In Russ.).]
- Российские рекомендации. *Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам.* Версия 2025-01. Год утверждения (частота пересмотра): 2025 (пересмотр ежегодно). – МАКМАХ, СГМУ: Смоленск. 2025: 208 с. [Russian recommendations. Determination of the susceptibility of microorganisms to antimicrobial drugs. Version 2025-01. Year of approval (revision frequency): 2025 (revision annually). – МАКМАХ, ССМУ: Смоленск. 2025: 208 p. (In Russ.).]
- Bioedit v. 7.7. URL: <https://bioedit.software.informer.com> [date of access: January 23, 2026].
- Boratyn GM, Camacho C, Cooper PS, Coulouris G, Fong A, Ma N, et al. BLAST: a more efficient report with usability improvements. *Nucleic Acids Res.* 2013; 41 (Web Server issue): W29–33. doi: 10.1093/nar/gkt282
- Freese HM, Meier-Kolthoff JP, Sardà Carbasse J, Afolayan AO, Göker M. TYGS and LPSN in 2025: a Global Core Biodata Resource for genome-based classification and nomenclature of prokaryotes within DSMZ Digital Diversity. *Nucleic Acids Res.* 2026; 54(D1): D884–D891. doi: 10.1093/nar/gkaf1110
- Kumar S, Stecher G, Suleski M, Sanderford M, Sharma S, Tamura K. MEGA12: Molecular Evolutionary Genetic Analysis Version 12 for Adaptive and Green Computing. *Mol. Biol. Evol.* 2024; 41(12): msae263. doi: 10.1093/molbev/msae263
- Saitou N, Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* 1987; 4(4): 406–425. doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454
- Hackmann TJ. Setting new boundaries of 16S rRNA gene identity for prokaryotic taxonomy. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2025; 75(4): 006747. doi: 10.1099/ijsem.0.006747
- Kieffer N, Ebmeyer S, Larsson JDG. Evidence for *Pseudoxanthomonas mexicana* as the recent origin of the *bla*<sub>AIM-1</sub> carbapenemase gene. *Int. J. Antimicrob.*

Agents. 2022; 59(4): 106571. doi: 10.1016/j.ijantimicag.2022.106571

18. Belkova N, Nemchenko U, Klimenko E, Smurova N, Zugeeva R, Sukhoreva M, et al. Resistance of *Pseudomonas aeruginosa* to Antibiotics During Long-Term Persistence in Patients with Cystic Fibrosis. *Antibiotics*. 2025; 14: 302. doi: 10.3390/antibiotics14030302

19. Kondratov IG, Ogarkov OB, Sinkov VV, Suzdalnitsky AE, Koshcheyev ME, Orlova EA, et al. Prediction of metabolic profile and virulence factors of facultative-anaerobic bacteria from tuberculous necrosis foci based on whole-genome sequencing data. *Bulletin of Experimental Biology and Medicine*. 2025; 179(4): 446–449. doi: 10.1007/s10517-025-06508-6

20. Белькова Н.Л., Клименко Е.С., Немченко У.М., Григорова Е.В., Ситникова К.О., Зугеева Р.Е., и др. Биологические свойства и генетическая структура клинических изолятов комплекса видов *Klebsiella pneumoniae*. *Acta Biomedica Scientifica*. 2024; 9(1): 91–101. [Belkova NL,

Klimenko ES, Nemchenko UM, Grigорова EV, Sitnikova KO, Zugeeva RE, et al. Biological properties and genetic structure of clinic isolates of *Klebsiella pneumoniae* species. *Acta biomedica scientifica*. 2024; 3(1): 91–101. (In Russ.)). doi: 10.29413/ABS.2024-9.1.6

21. Сильнов В.В., Орлова Е.А., Огарков О.Б., Суздальницкий А.Е., Кондратов И.Г., Белькова Н.Л., и др. Геном *Staphylococcus epidermidis* из казеозного некроза туберкулемы. *Генетика*. 2024; 60(10): 129–134. [Sinkov VV, Orlova EA, Ogarkov OB, Suzdalnitsky AE, Kondratov IG, Belkova NL, et al. The Genome of *Staphylococcus epidermidis* Isolated from Caseous Tuberculoma. *Russian Journal of Genetics*. 2024; 60(10): 1451–1455. (In Russ.)). doi: 10.31857/S0016675824100139

22. Munson E, Carroll KC. Update on Accepted Novel Bacterial Isolates Derived from Human Clinical Specimens and Taxonomic Revisions Published in 2020 and 2021. *J. Clin. Microbiol.* 2023; 61(1): e0028222. doi: 10.1128/jcm.00282-22

#### Сведения об авторах

**Белькова Наталья Леонидовна** – кандидат биологических наук, доцент, ведущий научный сотрудник, заведующий лабораторией микробиома и микроэкологии Института микробиологии и эпидемиологии ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека»; e-mail: nlbelkova@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-9720-068X>

**Немченко Ульяна Михайловна** – кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории микробиома и микроэкологии Института микробиологии и эпидемиологии ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека»; e-mail: umnemch@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-7656-342X>

**Сухорева Марина Васильевна** – заведующая бактериологической лабораторией ОГАУЗ Городская Ивано-Матренинская детская клиническая больница; e-mail: imdkb@imdkb.ru

**Смурова Надежда Евгеньевна** – лаборант-исследователь лаборатории микробиома и микроэкологии Института микробиологии и эпидемиологии ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека»; e-mail: nadinasmurova@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0004-3614-6631>

**Зугеева Раиса Евгеньевна** – младший научный сотрудник лаборатории микробиома и микроэкологии Института микробиологии и эпидемиологии ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека»; e-mail: raya.zugeeva@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0000-8522-7359>

**Клименко Елизавета Станиславовна** – младший научный сотрудник функциональной группы геномных исследований и биоинформационного анализа Института микробиологии и эпидемиологии ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека»; e-mail: klimenko.elizabet@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-0979-8816>

**Григорова Екатерина Владимировна** – кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории микробиома и микроэкологии Института микробиологии и эпидемиологии ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека»; e-mail: buxarowa.ekaterina@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6588-2591>

**Ситникова Ксения Олеговна** – лаборант-исследователь лаборатории микробиома и микроэкологии Института микробиологии и эпидемиологии ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека»; e-mail: butakovaksenia505@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-7717-906X>

#### Information about the authors

**Natalia L. Belkova** – Cand. Sc. (Biol.), Associated Professor, Leading Researcher at the Laboratory for Microbiome and Microecology, Institute of Epidemiology and Microbiology, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems; e-mail: nlbelkova@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0001-9720-068X>

**Uliana M. Nemchenko** – Cand. Sc. (Biol.), Senior Researcher at the Laboratory for Microbiome and Microecology, Institute of Epidemiology and Microbiology, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems; e-mail: umnemch@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-7656-342X>

**Marina V. Sukhoreva** – Chief of bacteriological laboratory, Ivano-Matreninskaya City Children's Clinical Hospital; e-mail: imdkb@imdkb.ru

**Nadezhda E. Smurova** – Laboratory Assistant-Researcher at the Laboratory for Microbiome and Microecology, Institute of Epidemiology and Microbiology, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems; e-mail: nadinasmurova@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0004-3614-6631>

**Raisa E. Zugeeva** – Junior Researcher at the Laboratory for Microbiome and Microecology, Institute of Epidemiology and Microbiology, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems; e-mail: raya.zugeeva@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0000-8522-7359>

**Elizaveta S. Klimenko** – Junior Researcher at the Functional Group of Genomic Research and Bioinformatics Analysis, Institute of Epidemiology and Microbiology, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems; e-mail: klimenko.elizabet@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-0979-8816>

**Ekaterina V. Grigорова** – Cand. Sc. (Biol.), researcher at the Laboratory for Microbiome and Microecology, Institute of Epidemiology and Microbiology, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems; e-mail: buxarowa.ekaterina@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6588-2591>

**Kseniya O. Sitnikova** – laboratory assistant-researcher at the Laboratory for Microbiome and Microecology, Institute of Epidemiology and Microbiology, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems; e-mail: butakovaksenia505@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-7717-906X>