

<https://doi.org/10.31631/2073-3046-2025-24-6-11-18>

Серотиповой состав, клональность и распространенность генов вирулентности у изолятов *Streptococcus agalactiae*, выделенных в РФ в 2021–2024 гг.

Е. А. Егорова^{*1}, Ю. Н. Урбан¹, А. Л. Байракова¹, О. Г. Гречишникова¹,
В. А. Кузменюк¹, Е. А. Воропаева¹, Е. В. Румянцева², П. В. Митьковец²

¹ФБУН «Московский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. Г. Н. Габричевского Роспотребнадзора, Москва

²Медицинский Центр Лабстори, Санкт-Петербург

Резюме

Актуальность. *Streptococcus agalactiae* (стрептококк группы В (СГВ)) является одним из ведущих возбудителей тяжелых перинатальных инфекций. В настоящее время основные характеристики популяции штаммов *Streptococcus agalactiae* в РФ остаются недостаточно изученными, что указывает на необходимость молекулярно-генетического мониторинга ее состава.

Цель. Провести комплексное исследование распространенности генетических детерминант вирулентности, а также серотипового и клонального составов изолятов *S. agalactiae*, выделенных в Российской Федерации в 2021–2024 гг. **Материалы и методы.** Исследовано 72 неинвазивных изолята *S. agalactiae*, выделенных у 30 мужчин и 42 женщин в возрасте от 18 до 55 лет в Северо-Западном федеральном округе. Изолятами были выделены из различных видов биологического материала: вагинальных мазков, мазков из цервикального канала, уретры, секрета предстательной железы, мочи, спермы. Идентификация изолятов проводилась бактериологическими методами, а также с использованием латексагглютинации и ПЦР. Для определения серотипов, сиквенс-типов (ST), клональных комплексов (CC) и генов вирулентности применялось полногеномное секвенирование (WGS) с последующим биоинформационным анализом. **Результаты и обсуждение.** Установлено, что преобладающими серотипами являются V (34,7 %), Ia (22,2%) и III (22,2 %), что в совокупности составляет 79,1 % изолятов. Выявлено 22 сиквенс-типа (ST), объединенных в 7 клональных комплексов (CC). Доминирующими являются CC1 (29,2 %), CC23 (23,6 %), CC19 (19,4 %) и CC17 (12,5 %). Наиболее распространенным генотипом пилей был PI-1+PI-2A1 (36%). Гены поверхностного белка *srr1* и альфа-подобных белков (*Alph*) выявлялись у 80,6% и 58% изолятов соответственно. Высоко-вирулентный комплекс CC17 характеризовался наличием генов *hvgA*, *srr2* и *rib*. **Заключение.** Популяция *S. agalactiae* в РФ характеризуется значительным генетическим разнообразием при доминировании серотипов V, Ia, III и клональных комплексов CC1, CC23, CC19 и CC17. Выявление гипервирулентного клона CC17 (12,5 % изолятов) указывает на циркуляцию штаммов высокого риска, ассоциированных с неонатальными инвазивными инфекциями. Полученные результаты указывают на то, что шестивалентная коньюгированная вакцина потенциально может охватывать большую часть циркулирующих штаммов. Установленные профили генов вирулентности (пили, поверхностные белки) и их ассоциация с определенными клональными комплексами подтверждают их перспективность в качестве мишеней для разработки серотипнезависимых вакцин.

Ключевые слова: *Streptococcus agalactiae*, полногеномное секвенирование (WGS), серотипы, клональные комплексы, поверхностные белки, вакцины

Конфликт интересов не заявлен.

Для цитирования: Егорова Е. А., Урбан Ю. Н., Байракова А. Л. и др. Серотиповой состав, клональность и распространенность генов вирулентности у изолятов *Streptococcus agalactiae*, выделенных в РФ в 2021–2024 гг. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2025;24(6):11-18. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2025-24-6-11-18>

Serotypes, Clonality, and Virulence Gene Distribution in *Streptococcus agalactiae* Isolates recovered in Russian Federation in 2021–2024

EA Egorova^{*1}, YN Urban¹, AL Bayrakova¹, OG Grechishnikova¹, VA Kuzmenok¹, EA Voropaeva¹, EV Rumiantseva², PV Mitkovets²

¹G. N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology, Moscow, Russia

²Labstory Medical Center, Saint Petersburg, Russia

* Для переписки: Егорова Екатерина Александровна, к. б. н., ведущий научный сотрудник, Исследовательский центр по изучению бактериальных инфекций, ФБУН МНИИЭМ им. Г.Н. Габричевского Роспотребнадзора, Россия, 125212, Москва, ул. Адмирала Макарова, 10. +7 (495) 459-12-88, +7 (916) 594-69-31, yegorovaea@gmail.com, egorova@gabrich.ru. ©Егорова Е. А. и др.

** For correspondence: Egorova Ekaterina A., Cand. Sci. (Biol.), Leading researcher, Center for research in bacterial infections, G. N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology, 10, Admiral Makarov Street, Moscow, 125212, Russia. +7 (495) 459-12-88, +7 (916) 594-69-31, yegorovaea@gmail.com, egorova@gabrich.ru. ©Egorova EA, et al.

Abstract

Background. *Streptococcus agalactiae* (Group B Streptococcus, GBS) remains a leading cause of severe perinatal infections. The key features of *S. agalactiae* population in Russia remain underexplored, necessitating comprehensive molecular surveillance.

Aim. This study aimed to perform a comprehensive analysis of the serotype distribution, clonality, and prevalence of genetic virulence determinants in *S. agalactiae* isolates recovered in Russia in 2021–2024. **Materials and Methods.** We analysed 72 non-invasive *S. agalactiae* isolates. The isolates were collected in Northwestern Federal District between 2021 and 2024 from patients (30 males and 42 females, aged 18–55 years). We recovered the isolates from vaginal, cervical, and urethral swabs, urine, prostate secretion, and semen. We performed initial species identification by standard bacteriological methods, latex agglutination and PCR. The isolates were whole-genome sequenced. We used bioinformatic analysis to derive serotypes, multi-locus sequence types (ST), clonal complexes (CC) and virulence genes from genome data. **Results and Discussion.** Our data revealed that serotypes V (34.7 %), Ia (22.2 %), and III (22.2 %) were predominant, collectively accounting for 79.1 % of the isolates. The isolates exhibited high genetic diversity, comprising 22 sequence types (STs) grouped into 7 clonal complexes (CCs). The dominant CCs were CC1 (29.2 %), CC23 (23.6 %), CC19 (19.4 %), and CC17 (12.5 %). The most prevalent pilus genotype was PI-1+PI-2a1 (36%). The genes encoding surface protein Srr1 and Alp-like proteins were detected in 80.6% and 58% of isolates, respectively. The isolated of hypervirulent CC17 complex carried hvgA, srr2, and rib genes. **Conclusion.** We found that the *S. agalactiae* isolates exhibited high genetic diversity, with predominant serotypes V, Ia, and III and clonal complexes CC1, CC23, CC19, and CC17. Our analysis revealed a prevalence (12.5%) of the hypervirulent CC17 clone, confirming the circulation of high-risk strains associated with neonatal invasive disease. Our results indicate that a hexavalent conjugate vaccine would likely cover a majority of the circulating strains. We identified specific virulence gene profiles and their association with certain clonal complexes. Our results suggest that the revealed virulence factors are promising targets for serotype-independent vaccine development.

Keywords: *Streptococcus agalactiae*, whole-genome sequencing (WGS), serotypes, clonal complexes virulence genes, vaccines
No conflict of interest to declare.

For citation: Egorova EA, Urban YN, Bayrakova AL, et al. Serotypes, Clonality, and Virulence Gene Distribution in *Streptococcus agalactiae* Isolates recovered in Russian Federation in 2021–2024. Epidemiology and Vaccinal Prevention. 2025;24(6):11-18 (In Russ.). <https://doi:10.31631/2073-3046-2025-24-6-11-18>

Введение

Стрептококк группы В (СГВ, *Streptococcus agalactiae*) является одним из основных этиологических агентов тяжелых перинатальных инфекций родильниц и новорожденных [1,2]. В акушерской практике с СГВ связывают такие патологии, как бактериемия, инфекции мочевых путей, хориоамнионит и др. СГВ также вызывает ранние неонатальные инфекции: сепсис, менингит, пневмонию, артрит, остеомиелит, пиелонефрит [2–4].

Согласно имеющимся данным, распространенность СГВ-носительства среди беременных женщин в мире составляет как минимум 18 % [5]. Согласно данным литературы, частота распространения носительства *S. agalactiae* у беременных и небеременных женщин в РФ составляет 4,6–20 % [6–9].

В настоящее время выделяют 10 основных серотипов стрептококков группы В: Ia, Ib и II–IX [10]. Их классификация основана на составе капсульного полисахарида, который является основным фактором вирулентности СГВ, а также наиболее перспективным кандидатом для создания вакцины [10,11]. Чаще всего неонатальные инвазивные инфекции вызывают 6 серотипов: Ia, Ib, II, III, IV и V [11].

В настоящее время характеристики популяции штаммов *Streptococcus agalactiae* в РФ остаются недостаточно изученными, однако в ряде работ приводятся данные о серотиповом и клonalном составе, а также представленности генетических

детерминант вирулентности (поверхностных белков).

Исследование, проведенное в Санкт-Петербурге, показало, что среди штаммов СГВ ($n = 269$), выделенных у беременных женщин и новорожденных в 2010–2011 гг. и 2017–2018 гг., преобладающими серотипами являлись серотипы Ia, III, V. В течение указанных периодов существенно снизилась встречаемость серотипа III, а доля серотипа V возросла [12].

В работе Колоусовой К. А. и соавт. (2021) были исследованы клинические изоляты *S. agalactiae* ($n = 60$), выделенные у беременных и новорожденных в Санкт-Петербурге в 2018–2020 гг. Преvalирующими серотипами были Ia, Ib, II, III, IV и V (95,1 % всех штаммов) [13].

В исследование Шалепо К. С. и соавт. (2024) были включены клинические изоляты СГВ ($n = 420$), выделенные у беременных и новорожденных в 2010–2023 гг. В течение 13 лет наблюдения отмечено доминирование Ia, III и V генотипов капсульных полисахаридов СГВ как у беременных, так и у новорожденных [14].

В настоящее время клинические испытания проходит шестивалентная (серотипы Ia, Ib, II, III, IV и V) коньюгированная вакцина на основе капсульных полисахаридов [4,10].

Принимая во внимание высокую пластичность генома СГВ и способность к переключению капсулы, представляется актуальной разработка серотипнезависимых вакцин на основе консервативных

поверхностных белков и пилей [7,15,16]. На стадии клинических испытаний находится серотипнезависимая вакцина на основе N-концевых доменов иммуногенных поверхностных белков семейства Alp-подобных белков (*AlphaC* и адгезина *Rib*) [4,10]. На стадии доклинических испытаний находится вакцина на основе белков пилей [10].

Согласно данным литературы, наиболее распространенным генотипом пилей у *S. agalactiae* в РФ являются PI-1 + PI-2A, PI-2A и PI-1 + PI-2B [13,14,17].

Также перспективными кандидатами для разработки серотипнезависимых вакцинных препаратов являются другие поверхностные белки клеточной адгезии, такие как C5a пептидаза (*ScpB*), фибриногенсвязывающие белки (*Fbs*), гипервирулентный адгезин (*HvgA*), серинбогатые повторяющиеся гликопротеины *Srr1* и *Srr2* [10,18,19].

Цель – провести комплексное исследование распространенности генетических детерминант вирулентности, а также серотивого и клonalного состава изолятов *S. agalactiae*, выделенных в РФ в 2021–2024 гг.

Материалы и методы

Исследовано 72 неинвазивных изолята *S. agalactiae*, находящихся в рабочей коллекции ФБУН МНИИЭМ им. Г. Н. Габричевского Роспотребнадзора. Изоляты были выделены в Северо-Западном федеральном округе (Санкт-Петербург, Ленинградская область, Петрозаводск, Карелия, Смоленск, Смоленская область, Орел) в 2021–2024 гг. у пациентов (30 мужчин и 42 женщины в возрасте от 18 до 55 лет), обратившихся в Медицинский центр Лабстори (Санкт-Петербург). Изоляты были выделены из различных видов биологического материала: вагинальные мазки, мазки из цервикального канала, мазки из уретры, моча, секрет предстательной железы, сперма. Для выделения *S. agalactiae* посевы на колумбийском агаре с добавлением 5 % крови барана и на хромогенной среде для селективного выделения СГВ инкубировали в термостате при 37 °C в течение 24–48 часов в атмосфере, содержащей 5 % CO₂. Выделенные на питательных средах культуры *S. agalactiae* идентифицировали с использованием стандартных бактериологических методов, латекс-агглютинации (PathoDxtra Strep Grouping Kit, Oxoid, Великобритания) и ПЦР [20]. Для выделения ДНК использовали готовый набор реактивов QIAamp DNA mini kit (Qiagen, Inc., Valencia, США). Библиотеки ДНК готовили с использованием набора ShotGun «SG GM» (Raissol, Россия), очистка библиотеки проводилась с применением MagPure A4 XP (Magen, КНР). Секвенирование проходило на платформе GenoLab M (GeneMind Biosciences Co., Ltd, КНР) с помощью набора Genolab M V1.0 FCM 300 (GeneMind Biosciences Co., Ltd, КНР). Длина парно-концевых прочтений составляла 150 пн.

Сборку геномов проводили с помощью «SPAdes v.3.13.0» [21]. Для оценки качества сборки использовали QUAST 5.2.0 [22]. Серотипы, сиквенсты (ST), клональные комплексы (CC) и гены вирулентности у *Streptococcus agalactiae* определялись с помощью возможностей платформы PubMLST.org и пайплайна GBS-Typer-sanger-n [23,24]. Для оценки ассоциаций между клональными комплексами (CC) и капсульными серотипами, типами пилей и других поверхностных белков был использован точный тест Фишера в таблицах 2×2 (каждый CC против остальных). Все р-значения были скорректированы с использованием метода Бенджами-ни-Хохберга, результаты считались статистически значимыми при значении $p < 0.05$. Для анализа данных использовалась версия R 4.5.1 (2025-06-13) и среда разработки RStudio 2025.9.1.401.

Результаты

Нами установлено, что превалирующими капсульными серотипами являлись V, Ia и III, их экспрессировали 79,1 % штаммов (57/72) (табл. 1). Исследованные нами изоляты ($n = 72$) относились к 22 сиквенс-типам (ST), объединенным в 7 клональных комплексов (CC). Преобладающими являлись следующие клональные комплексы: CC1 ($n = 21$; серотипы V, Ib и VIII), CC23 ($n = 17$; серотипы Ia и III), CC19 ($n = 14$; серотипы III, V, II) и CC17 ($n = 9$; серотип III). К ним было отнесено 84,7 % (61/72) изолятов (табл. 1).

У всех исследованных изолятов были обнаружены или иные гены системы пилей (рис. 1).

Наиболее распространенным генотипом пилей был PI-1+ PI-2A1, выявленный у 36 % штаммов (26/72). При этом тип PI-1 + PI-2A2 определялся у 19 % изолятов (14/72), в то время как PI-1+ PI-2B встречался у 11 % изолятов (8/72). Кроме того, отдельно генотипы PI-2A2 и PI-2B были обнаружены у 3 штаммов (4 %) каждый, PI-2A1 у 17 штаммов (24 %). Также PI-1 был отдельно выявлен у одного штамма.

В геномах изолятов были широко представлены гены прочих поверхностных белков. Гены серинбогатых повторяющиеся гликопротеинов *Srr1* и *Srr2* выявлялись у 80,6 % (58/72) и 14 % (10/72) изолятов соответственно. Гены альфа-подобных поверхностных белков (*Alp*) присутствовали у 42 изолятов (58 %). При этом гены *alp1* и *alp2/3* определялись у 21 % изолятов (15/72) каждый, а *alpha* – у 17 % (12/72). Кроме того, ген поверхностного белка *rib* определялся у 30,5 % (22/72) штаммов, в то время как ген гипервирулентного адгезина (*HvgA*) выявлялся у 14 % изолятов (10/72).

Представленные в коллекции генетические линии характеризовались различными профилями детерминант вирулентности (поверхностных белков) и капсульных серотипов (см. рис.1).

Так, у CC1 значительно чаще, чем у других комплексов, выявлялись капсулный серотип V [(19/21), $P < 0,0001$] и ген *alp2/3* [(10/21), $p = 0,007$]. Также

Таблица 1. Серотипы, ассоциированные с ними сиквенстыпы (ST) и клональные комплексы (CC) исследованных изолятов *Streptococcus agalactiae* ($n = 72$), выделенных в РФ в 2021–2024 гг.

Table 1. Serotypes, associated sequence types (ST), and clonal complexes (CC) of the *Streptococcus agalactiae* isolates ($n = 72$) recovered in Russia in 2021–2024

Клональные комплексы (CC) Clonal Complexes (CC)	Сиквенс-типы (ST) Sequence Types (ST)	Капсулевые серотипы (n) Capsular Serotypes (n)	Капсулный серотип: номера изолятов Capsular Serotype: Isolate identifiers
CC1	ST1	V (11), Ib (1), VIII (1)	V: 72_SBG, Sg38, Sg42, Sg55, 02_SBG, 12_SBG, 4_SBG, 59_SBG, 67_SBG, 8_SBG, 92_SBG Ib: Sg25 VIII: 30_SBG
	ST24	V (1)	57_SBG
	ST110	V (1)	66_SBG
	ST498	V (2)	11_SBG, 64_SBG
	ST890	V (3)	29_SBG, 50_SBG, 62_SBG
	ST2221	V (1)	36_SBG
CC12	ST8	Ib (4)	Sg43, Sg44, 21_SBG, 46_SBG
	ST10	Ib (1)	40_SBG
	ST12	Ib (1)	68_SBG
CC17	ST17	III (8)	Sg46, Sg49, 06_SBG, 28_SBG, 35_SBG, 42_SBG, 47_SBG, 56_SBG
	ST109	III (1)	Sg50
CC19	ST19	III (1), V (6)	III: Sg40 V: 18_SBG, 32_SBG, 45_SBG, 52_SBG, 73_SBG, 75_SBG
	ST28	II (3)	23_SBG, 34_SBG, 38_SBG
	ST335	III (1)	61_SBG
	ST861	III (2)	Sg47, 14_SBG
CC23	ST1167	III (1)	33_SBG
	ST23	Ia (9)	Ia: Sg29, Sg32, Sg51, Sg53, 15_SBG, 24_SBG, 41_SBG, 70_SBG, 71_SBG
	ST23-SLV	III (1)	III: Sg52
	ST88	Ia (3)	94_SGB, 05_SBG, 49_SBG
	ST144	Ia (4)	79_SGB, Sg24, Sg41, 44_SBG
CC327	ST529	III (1)	65_SBG
CC452	ST196	IV (3)	Sg20, Sg22, 37_SBG
	ST1010	IV (1)	Sg48

CC1 ассоциирован с типом пилей PI-1+PI-2A1 [(14/21), $p = 0,043$] и геном srr1[(21/21), $p = 0,046$].

Клональный комплекс CC19, представленный 14 изолятами, был ассоциирован с серотипом II [(3/14), $p < 0,033$]. Сочетание генов пилей PI-1+PI-2A2 и ген srr1 было выявлено у большинства изолятов комплекса: (12/14) и (11/14) соответственно. При этом гены alp1 и rib идентифицированы у 6 штаммов каждый.

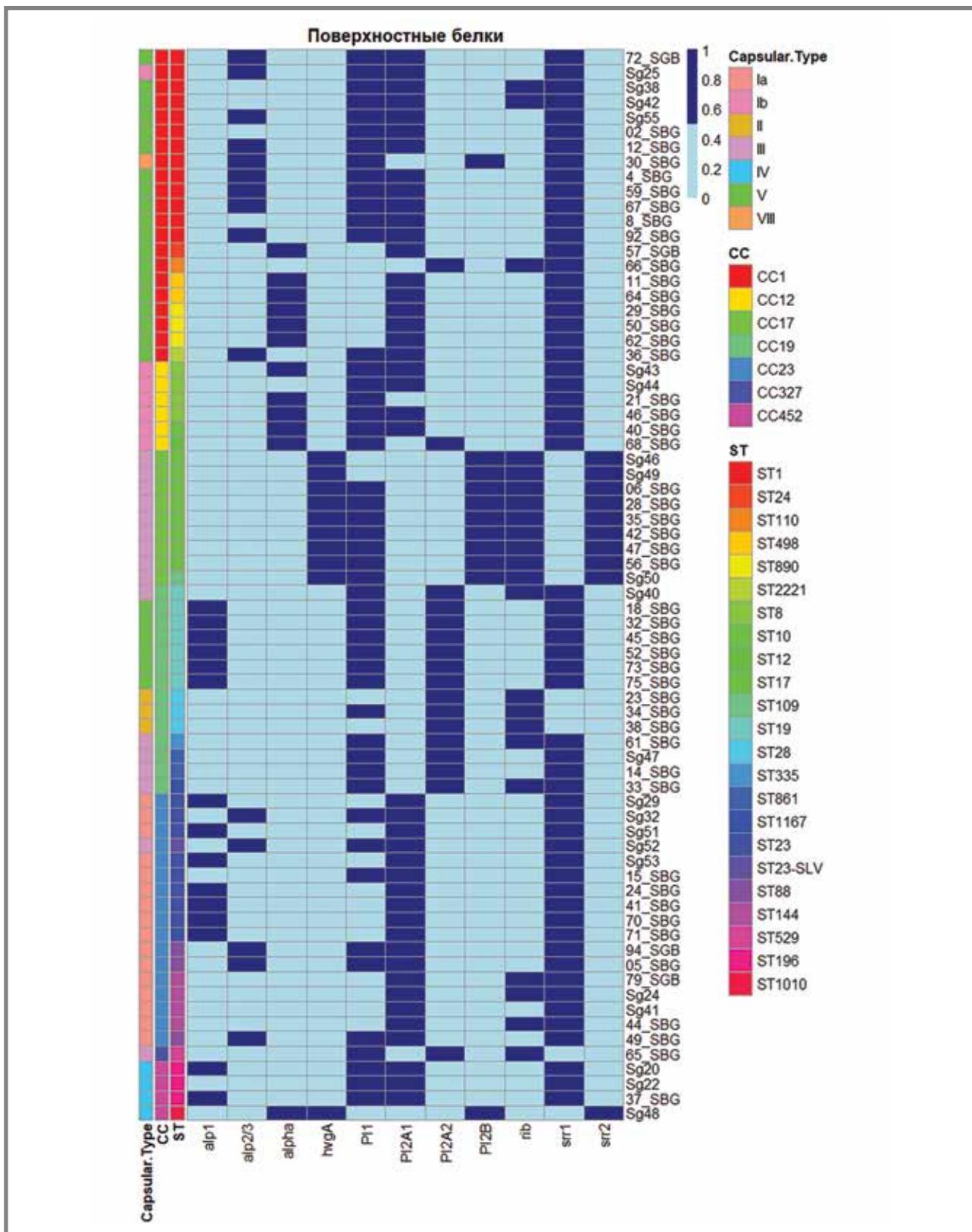
Для изолятов комплекса CC23 ($n = 17$) характерно разнообразное сочетание генов факторов вирулентности. Данный комплекс ассоциирован

с серотипом Ia [(16/17), $p < 0,001$] и типом пилей PI-2A1 [(11/17), $p < 0,001$]. Ген alp1 детектирован у 6 изолятов, alp2/3 – у 5. Ген srr1 присутствовал у всех штаммов CC23, тогда как rib определялся только у 3 изолятов.

Гипервирулентный клон высокого риска CC17 был представлен 9 изолятами и обладал характерным профилем генов вирулентности [15]. Этот комплекс ассоциирован ($p < 0,001$) с серотипом III, гипервирулентным адгезином HvgA, srr2, rib и типом пилей PL1+PL2B. Все изоляты CC17 несли указанные гены.

Рисунок 1. Генетические детерминанты поверхностных белков, выявленные у изолятов *Streptococcus agalactiae* ($n = 72$), выделенных в РФ в 2021–2024 гг.

Figure 1. Genetic determinants of surface proteins identified in *Streptococcus agalactiae* isolates ($n = 72$), recovered in Russia in 2021–2024



Примечание: Синим цветом обозначено присутствие соответствующего гена в геноме. Голубой цвет обозначает отсутствие гена. ST – сиквенстип; CC – клonalный комплекс, Capsular type – капсулный тип (серотип). Гены пилей *S. agalactiae*: *P11*; *P12A1*; *P12A2*; *P12B*. Ген гипервирулентного адгезина – *hvgA*. Гены альфа-подобных поверхностных белков: *alpha*; *rib*, *alp2/3*, *alp1*. Гены серинбогатых повторяющихся гликопротеинов: *srf1*; *srf2*. Тепловая карта сгенерирована с использованием пакета R tidyHeatmap [25].

Note: Blue color indicates presence of the corresponding gene in the genome. Light blue color denotes gene absence. ST – sequence type; CC – clonal complex. Genetic targets shown: *S. agalactiae* pilus genes: *P11*; *P12A1*; *P12A2*; *P12B*. Hypervirulent adhesin gene: *hvgA*. Alpha-like surface protein genes: *alpha*, *rib*, *alp2/3*, *alp1*. Heatmap was generated using the R tidyHeatmap package [25].

У других клonalных комплексов были выявлены следующие статистически значимые ассоциации: CC12 с серотипом Ib ($p < 0,001$) и геном alpha ($p = 0,003$), а CC452 с серотипом IV ($p < 0,001$).

Обсуждение

На основе данных, полученных методом полногеномного секвенирования (WGS), был проведен анализ молекулярно-генетических характеристик клинических изолятов *Streptococcus agalactiae*, выделенных в РФ в 2021–2024 гг.

В результате исследования выявлено значительное генетическое разнообразие среди штаммов *S. agalactiae*. В изученной выборке были выявлены распространенные в различных регионах мира клonalные комплексы: CC1, CC23, CC19 и CC17, CC452 [15,26,27].

Особого внимания заслуживает наличие в выборке гипервирулентного CC17, к которому было отнесено 12,5 % изолятов. Этагенетическая линия ассоциирована с неонатальными менингитом и сепсисом и экспрессирует серотип III [15,28,29]. Ее присутствие в структуре популяции *Streptococcus agalactiae* в РФ также подтверждается данными российских исследователей. В работе Шалепо К. С. и соавт. (2024), описаны изоляты ST-17 (CC17), выделенные у беременных и новорожденных [14]. Комплекс CC1, экспрессирующий серотипы V, Ib и III и ассоциированный с инвазивными инфекциями у взрослых, являлся доминирующим в исследованной нами коллекции, к нему было отнесено 29,2 % изолятов [7,15].

Анализ капсулных серотипов выявил преобладание серотипов V, Ia и III. Совокупно эти три серотипа составляют 79,1 % от всей исследованной коллекции. Полученные данные соответствуют результатам ранее проведенных в РФ исследований, подтверждая стабильность серотипового пейзажа. Работа, выполненная в Санкт-Петербурге (Elena Shipitsyna и соавт., 2020), выявила доминирование серотипов Ia, Ib, II, III и V среди перинатальных штаммов [12]. Исследование Шалепо К. С. и соавт. (2024), охватившее 13-летний период (2010–2023 гг.), подтвердило доминирование серотипов Ia, III и V и рост частоты встречаемости серотипов Ib и V на фоне снижения распространенности серотипа III [14].

Определенный в нашем исследовании серотиповый состав *Streptococcus agalactiae* указывает на перспективность применения в РФ шестивалентной конъюгированной вакцины (серотипы Ia, Ib, II, III, IV и V) против СГВ. Важно отметить, что данная вакцина находится в фазе II клинических

испытаний и показала благоприятный профиль безопасности и иммуногенности [11,30,31].

В настоящем исследовании также был проведен анализ генов вирулентности, кодирующих пили и поверхностные белки – перспективные мишени для серотипнезависимых вакцин нового поколения. Анализ генов пилей установил доминирование трех основных комбинаций: PI-1+ PI-2A1, PI-1+ PI-2A2 и PI-1+ PI-2B. Эти данные соответствуют данным, полученным ранее отечественными исследователями, которые также отметили стабильность профилей пилей у изолятов СГВ, выделенных в РФ, что говорит об их перспективности как вакциновых кандидатов [14].

Анализ генов поверхностных белков и пилей выявил ассоциацию определенных генетических детерминант с некоторыми генетическими линиями, что подтверждает результаты других исследований, а также их роль как маркеров вирулентности и мишней для конструирования вакцин [15,32,33]. Для клonalного комплекса CC1 был характерен тип пилей PI-1+ PI-2A1, и присутствие alp2/3. Гены гипервирулентного адгезина hvgA, гены пилей типа PI-2B и серинбогатого гликопroteина srr2 встречались почти исключительно у клonalного комплекса CC17, в то время как для CC19 и CC23 характеризовались типами пилей PI-1+ PI-2A2 и PI-2A1 соответственно. Ген rib выявлялся в основном у CC17 и CC19.

Заключение

Таким образом, полученные данные о распространенности генов поверхностных белков и пилей подтверждают перспективность разработки серотипнезависимых вакцин на их основе. В отличие от полисахаридных вакцин, такие препараты могли бы обеспечить защиту независимо от капсулного типа и потенциально преодолеть ограничения, связанные с возможным серотиповым замещением.

Результаты настоящего исследования подчеркивают важность молекулярно-генетического мониторинга изменений популяции *S. agalactiae* в РФ. Такой мониторинг должен проводиться на основе данных полногеномного секвенирования (WGS), что позволит наблюдать за микроэволюцией возбудителя, динамикой клonalного состава и распространением генов вирулентности и антибиотикорезистентности. Полученные данные могут способствовать принятию решений в области вакцинопрофилактики – как в отношении своевременного внедрения существующих полисахаридных вакцин, так и для планирования разработки отечественных вакциновых препаратов.

Литература

- Coggins SA, Puopolo KM. Neonatal Group B Streptococcus Disease Pediatrics in Review. 2024. Vol. 45, N2. P. 63–73.
- Gonçalves BP, Procter SR, Paul P, et al. Group B streptococcus infection during pregnancy and infancy: estimates of regional and global burden The Lancet Global Health. 2022. Vol. 10, №6. P. e807–e819.
- Stephens K, Charnock-Jones DS, Smith GCS. Group B Streptococcus and the risk of perinatal morbidity and mortality following term labor American Journal of Obstetrics and Gynecology. 2023. Vol. 228, N5. P. S1305–S1312.

4. Paul P, Gonçalves BP, Le Doare K, Lawn JE. 20 million pregnant women with group B streptococcus carriage: consequences, challenges, and opportunities for prevention. *Current Opinion in Pediatrics*. 2023; Vol. 35, N2. P. 223–230.
5. Russell NJ, Seale AC, O'Driscoll M, et al. Maternal Colonization With Group B Streptococcus and Serotype Distribution Worldwide: Systematic Review and Meta-analyses. *Clinical Infectious Diseases*. 2017; Vol. 65, Suppl. 2. P. S100–S111.
6. Садова Н. В., Заплатников А. Л., Шипулина О. Ю. и др. Частота носительства *Streptococcus agalactiae* среди женщин детородного возраста и его роль в развитии врожденных инфекций: предварительные результаты пилотного исследования Медицинский совет. 2016. №16. С. 164–166.
7. Васильева В. А., Шипицына Е. В., Шалепо К. В. и др. Молекулярная эпидемиология инфекций, вызываемых стрептококками группы В у беременных и новорожденных, и разработка профилактических вакцин. *Журнал акушерства и женских болезней*. 2018. Т. 67, №5. С. 62–73.
8. Чучукина О. А., Славнов Н. Н., Шураева С. А., Бочков И. А. Распространение стрептококков серогруппы В среди амбулаторных пациентов в Москве. Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. 2016. №4. С. 23–26.
9. Замарина Т. В., Алексеева В. В., Меркулова С. В. и др. Оценка спектра чувствительности к антибактериальным препаратам изолятов *Streptococcus agalactiae*, выделенных у женщин репродуктивного возраста на территории Волгоградской области. Клиническая микробиология и антимикробная химиотерапия. 2024. Т. 26, №1. С. 28–29. EDN XXNKCT.
10. Pena JMS, Lannes-Costa PS, Nagao PE. Vaccines for *Streptococcus agalactiae*: current status and future perspectives. *Frontiers in Immunology*. 2024. Vol. 15. P. 1430901.
11. Absalon J, Segall N, Block SL, et al. Safety and immunogenicity of a novel hexavalent group B streptococcus conjugate vaccine in healthy, non-pregnant adults: a phase 1/2, randomised, placebo-controlled, observer-blinded, dose-escalation trial. *The Lancet Infectious Diseases*. 2021. Vol. 21, N2. P. 263–274.
12. Shipitsyna E, Shalepo K, Zatsiorskaya S, et al. Significant shifts in the distribution of vaccine capsular polysaccharide types and rates of antimicrobial resistance of perinatal group B streptococci within the last decade in St. Petersburg, Russia. *European Journal of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*. 2020. Vol. 39, №8. P. 1487–1493.
13. Копусова К. А., Шипицына Е. В., Шалепо К. В., Савичева А. М. Virulence and pathogenicity factors of *S. agalactiae* strains isolated from pregnant women and newborns. *Журнал акушерства и женских болезней*. 2021. Т. 70, №5. С. 15–22.
14. Шалепо К. С., Хуснудинова Т. А., Будиловская О. В. и др. Молекулярно-генетические детерминанты вирулентности *Streptococcus agalactiae*, выделенных у беременных и новорожденных Санкт-Петербурга и Ленинградской области в 2010–2023 годах. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2024. Т. 101, №2. С. 217–226.
15. McGee L, Chochua S, Li Z, et al. Multistate, population-based distributions of candidate vaccine targets, clonal complexes, and resistance features of invasive Group B Streptococci within the US: 2015–2017. *Clinical Infectious Diseases*. 2021. Vol. 72, N6. P. 1004–1013.
16. Khan UB, Jaunekaitė E, Andrews R, Chalker VJ, Spiller OB. Identifying large-scale recombination and capsular switching events in *Streptococcus agalactiae* strains causing disease in adults in the UK between 2014 and 2015. *Microb Genom*. 2022. Vol. 8, N3. P. 000783.
17. Купешевич Е. В., Ильясов Ю. Я., Линник Д. С. и др. Распространенность островов патогенности PAI-А и PAI-А1 среди российских штаммов стрептококков группы В. *Журнал акушерства и женских болезней*. 2021. Т. 70, №4. С. 65–72.
18. Lin SM, Jang AY, Zhi Y, et al. Vaccination With a Latch Peptide Provides Serotype-Independent Protection Against Group B *Streptococcus* Infection in Mice. *The Journal of Infectious Diseases*. 2018. Vol. 217, N1. P. 93–102.
19. Santillan DA, Rai KK, Santillan MK, Krishnamachari Y, Salem AK, Hunter SK. Efficacy of polymeric encapsulated C5a peptidase-based group B *streptococcus* vaccines in a murine model. *American Journal of Obstetrics and Gynecology*. 2011. Vol. 205, N3. P. 249.e1–249.e8.
20. De Zoysa A, Edwards K, Gharbia S, Underwood A, Charlett A, Efstratiou A. Non-culture detection of *Streptococcus agalactiae* (Lancefield group B *Streptococcus*) in clinical samples by real-time PCR. *Journal of Medical Microbiology*. 2012. Vol. 61, Pt 8. P. 1086–1090.
21. Prijibelski A, Antipov D, Meleshko D, Lapidus A, Korobeynikov A. Using SPAdes De Novo Assembler Current Protocols in Bioinformatics. 2020. Vol. 70, N1. P. e102.
22. Gurevich A, Saveliev V, Vyahhi N, Tesler G. QUAST: quality assessment tool for genome assemblies. *Bioinformatics*. 2013. Vol. 29, N8. P. 1072–1075.
23. Dyster V, Hung H. GBS-Typer-sanger-nf [Internet]. Доступно по: <https://github.com/sanger-bentley-group/GBS-Typer-sanger-nf>. Ссылка активна на 8 сентября 2025.
24. Jolley KA, Bray JE, Maiden MCJ. Open-access bacterial population genomics: BIGSdb software, the PubMLST.org website and their applications. *Wellcome Open Research*. 2018. Vol. 3. P. 124.
25. Mangiola S, Papenfuss A. tidyHeatmap: an R package for modular heatmap production based on tidy principles. *Journal of Open Source Software*. 2020. Vol. 5, N52. P. 2472.
26. Shabayek S, Vogel V, Jamrozy D, Bentley SD, Spellerberg B. Molecular Epidemiology of Group B *Streptococcus* Colonization in Egyptian Women. *Microorganisms*. 2022. Vol. 11, N1. P. 38.
27. Campisi E, Rinaudo CD, Donati C, et al. Serotype IV *Streptococcus agalactiae* ST-452 has arisen from large genomic recombination events between CC23 and the hypervirulent CC17 lineages. *Scientific Reports*. 2016. Vol. 6. P. 29799.
28. Tavares T, Pinho L, Bonifácio Andrade E. Group B Streptococcal Neonatal Meningitis. *Clin Microbiol Rev*. 2022. Vol. 35, N2. P. e0007921.
29. Choi JH, Kim TH, Kim ET, Kim YR, Lee H. Molecular epidemiology and virulence factors of group B *Streptococcus* in South Korea according to the invasiveness. *BMC Infectious Diseases*. 2024. Vol. 24, N1. P. 740.
30. Pinto TCA, Oliveira LMA, da Costa NS, et al. Group B *Streptococcus* awareness month: vaccine and challenges underway. *International Journal of Infectious Diseases*. 2021. Vol. 110. P. 279–280.
31. Inventprise Inc. Phase I/II Study to Assess the GBS-06 Vaccine Manufactured by Inventprise, Inc., in Healthy, Non-Pregnant, Adult Women of Childbearing Age. [Internet]. National Library of Medicine; 2025. Доступно по: <https://clinicaltrials.gov/study/NCT06611371>. Ссылка активна на 8 сентября 2025.
32. Gori A, Harrison OB, Mlia E, et al. Pan-GWAS of *Streptococcus agalactiae* Highlights Lineage-Specific Genes Associated with Virulence and Niche Adaptation. *mBio*. 2020. Vol. 11, N3. P. e00728–20.
33. Maeda T, Takayama Y, Fujita T, et al. Comparison between Invasive and Non-Invasive *Streptococcus agalactiae* Isolates from Human Adults, Based on Virulence Gene Profiles, Capsular Serotypes, Sequence Types, and Antimicrobial Resistance Patterns. *Japanese Journal of Infectious Diseases*. 2021. Vol. 74, N4. P. 316–324.

References

1. Coggins SA, Puopolo KM. Neonatal Group B *Streptococcus* Disease. *Pediatr Rev*. 2024;45(2):63–73. doi:10.1542/pir.2023-006154
2. Gonçalves BP, Procter SR, Paul P, et al. Group B streptococcus infection during pregnancy and infancy: estimates of regional and global burden. *Lancet Glob Health*. 2022;10(6):e807–e819. doi:10.1016/S2214-109X(22)00093-6
3. Stephens K, Charnock-Jones DS, Smith GCS. Group B *Streptococcus* and the risk of perinatal morbidity and mortality following term labor. *Am J Obstet Gynecol*. 2023;228(5S):S1305–S1312. doi:10.1016/j.ajog.2022.07.051
4. Paul P, Gonçalves BP, Le Doare K, Lawn JE. 20 million pregnant women with group B streptococcus carriage: consequences, challenges, and opportunities for prevention. *Curr Opin Pediatr*. 2023;35(2):223–230. doi:10.1097/MOP.00000000000001223
5. Russell NJ, Seale AC, O'Driscoll M, et al. Maternal Colonization With Group B *Streptococcus* and Serotype Distribution Worldwide: Systematic Review and Meta-analyses. *Clin Infect Dis*. 2017;65(suppl_2):S100–S111. doi:10.1093/cid/cix658
6. Sadova NV, Zaplatnikov AI, Shchipulina OY, Shargorodskaya AV, Podkopaev VN, Skachkova TS, Smirnova VS. *Streptococcus agalactiae* carriage rate among women of childbearing age and its role in the development of congenital infections: preliminary results of a pilot study. *Meditinskiy sovet = Medical Council*. 2016;(16):164–166. (In Russ.) <https://doi.org/10.21518/2079-701X-2016-16-164-166>
7. Vasilyeva VA, Shipitsyna EV, Shalepo KV, Savicheva AM. Molecular epidemiology of infections caused by group B *Streptococcus* in pregnant women and newborns, and development of preventive vaccines. *Journal of Obstetrics and Women's Diseases*. 2018;67(5):62–73. (In Russ.) doi: 10.17816/JOWD67562-73
8. Chuchukina OA, Slavnov NN, Shuraeva SA, Bochkov IA. Rasprostranenie streptokokkov serogruppy V sredi ambulaturnykh patsientov v Moskve. Epidemiologiya i infektionnye bolezni. aktual'nye voprosy. 2016;(4):23–26. (In Russ.)
9. Zamarina TV, Alekseeva VV, Merkulova SV, et al. Otsenka spektra chuvstvitel'nosti k antibakterial'nym preparatam izolyatov *Streptococcus agalactiae*, vydelennykh u zhenshchin reproduktivnogo vozrasta na territorii Volgogradskoi oblasti. *Klinicheskaya Mikrobiologiya i Antimikrobnaya Khimioterapiya*. 2024;26(Suppl 1):28–29. (In Russ.) EDN: XXNKCT.
10. Pena JMS, Lannes-Costa PS, Nagao PE. Vaccines for *Streptococcus agalactiae*: current status and future perspectives. *Front Immunol*. 2024;15:1430. doi:10.3389/fimm.2024.1430901
11. Absalon J, Segall N, Block SL, et al. Safety and immunogenicity of a novel hexavalent group B streptococcus conjugate vaccine in healthy, non-pregnant adults: a phase 1/2, randomised, placebo-controlled, observer-blinded, dose-escalation trial. *Lancet Infect Dis*. 2021;21(2):263–274. doi:10.1016/S1473-3099(20)30478-3
12. Shipitsyna E, Shalepo K, Zatsiorskaya S, et al. Significant shifts in the distribution of vaccine capsular polysaccharide types and rates of antimicrobial resistance of perinatal group B streptococci within the last decade in St. Petersburg, Russia. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*. 2020;39(8):1487–1493. doi:10.1007/s10096-020-03864-1
13. Ksenia A. Kolousova, Elena V. Shipitsyna, Kira V. Shalepo, Alevtina M. Savicheva. Virulence and pathogenicity factors of *S. agalactiae* strains isolated from pregnant women and newborns. *Journal of obstetrics and women's diseases*, 2021, 70(5): 15–22 DOI:10.17816/JOWD75671
14. Shalepo KS, Khusnudinova TA, Budilovskaya OV, Krysanova AA, Sapozhnikov KV, Savicheva AM, Kogan IY. Molecular genetic determinants of virulence of *Streptococcus agalactiae* isolated from pregnant women and newborns in St. Petersburg and the Leningrad region in 2010–2023. *Journal of microbiology, epidemiology and immunobiology*. 2024;101(2):217–226. doi: 10.36233/0372-9311-501



15. McGee L, Chochua S, Li Z, et al. Multistate, Population-Based Distributions of Candidate Vaccine Targets, Clonal Complexes, and Resistance Features of Invasive Group B Streptococci Within the United States, 2015–2017. *Clin Infect Dis.* 2021;72(6):1004–1013. doi:10.1093/cid/ciaa151
16. Khan UB, Jauneikaite E, Andrews R, Chalker VJ, Spiller OB. Identifying large-scale recombination and capsular switching events in *Streptococcus agalactiae* strains causing disease in adults in the UK between 2014 and 2015. *Microb Genom.* 2022;8(3):000783. doi:10.1099/mgen.0.000783
17. Kuleshevich EV, Ilyasov YY, Linnik DS, Malchenkova AA, Arzhanova ON, Briko NI, Glushkova EV, Priputnevich TV, Suvorov AN. Russian strains of group B streptococci are different in the content and organization of the PAI-A and PAI-A1 pathogenicity islands. *Journal of obstetrics and women's diseases.* 2021;70(4):65–72. doi: 10.17816/JOWD61875
18. Lin SM, Jang AY, Zhi Y, et al. Vaccination With a Latch Peptide Provides Serotype-Independent Protection Against Group B *Streptococcus* Infection in Mice. *J Infect Dis.* 2017;217(1):93–102. doi:10.1093/infdis/jix565
19. Santillan DA, Rai KK, Santillan MK, Krishnamachari Y, Salem AK, Hunter SK. Efficacy of polymeric encapsulated C5a peptidase-based group B streptococcus vaccines in a murine model. *Am J Obstet Gynecol.* 2011;205(3):249.e1–249.e2498. doi:10.1016/j.ajog.2011.06.024
20. de Zoysa A, Edwards K, Gharbia S, Underwood A, Charlett A, Efstratiou A. Non-culture detection of *Streptococcus agalactiae* (Lancefield group B Streptococcus) in clinical samples by real-time PCR. *J Med Microbiol.* 2012;61(Pt 8):1086–1090. doi:10.1099/jmm.0.042879-0
21. Pribelski A, Antipov D, Meleshko D, Lapidus A, Korobeynikov A. Using SPAdes De Novo Assembler. *Curr Protoc Bioinformatics.* 2020;70(1):e102. doi:10.1002/cobi.102
22. Gurevich A, Saveliev V, Vyahhi N, Tesler G. QUAST: quality assessment tool for genome assemblies. *Bioinformatics.* 2013;29(8):1072–1075. doi:10.1093/bioinformatics/btt086
23. Dyster V, Hung H. GBS-Typer-sanger-nf [Internet]. Available at: <https://github.com/sanger-bentley-group/GBS-Typer-sanger-nf>. Accessed: 8 September 2025.
24. Jolley KA, Bray JE, Maiden MCJ. Open-access bacterial population genomics: BIGSdb software, the PubMLST.org website and their applications. *Wellcome Open Res.* 2018;3:124. doi:10.12688/wellcomeopenres.14826.1
25. Mangiola S, Papenfuss A. tidyHeatmap: an R package for modular heatmap production based on tidy principles. *J Open Source Softw.* 2020;5(52):2472. <https://doi.org/10.21105/joss.02472>
26. Shabayek S, Vogel V, Jamrozy D, Bentley SD, Spellerberg B. Molecular Epidemiology of Group B *Streptococcus* Colonization in Egyptian Women. *Microorganisms.* 2022;11(1):38. doi:10.3390/microorganisms11010038
27. Campisi E, Rinaudo CD, Donati C, et al. Serotype IV *Streptococcus agalactiae* ST-452 has arisen from large genomic recombination events between CC23 and the hypervirulent CC17 lineages. *Sci Rep.* 2016;6:29799. doi:10.1038/srep29799
28. Tavares T, Pinho L, Bonifacio Andrade E. Group B Streptococcal Neonatal Meningitis. *Clin Microbiol Rev.* 2022;35(2):e0007921. doi:10.1128/cmr.00079-21
29. Choi JH, Kim TH, Kim ET, Kim YR, Lee H. Molecular epidemiology and virulence factors of group B *Streptococcus* in South Korea according to the invasiveness. *BMC Infect Dis.* 2024;24(1):740. doi:10.1186/s12879-024-09625-1
30. Pinto TCA, Oliveira LMA, da Costa NS, et al. Group B *Streptococcus* awareness month: vaccine and challenges underway. *Int J Infect Dis.* 2021;110:279–280. doi:10.1016/j.ijid.2021.07.056
31. Inventprise Inc. Phase I/II Study to Assess the GBS-06 Vaccine Manufactured by Inventprise, Inc., in Healthy, Non-Pregnant, Adult Women of Childbearing Age. [Internet]. National Library of Medicine; 2025. Available at: <https://clinicaltrials.gov/study/NCT06611371>. Accessed: 8 September 2025.
32. Gori A, Harrison OB, Mlia E, et al. Pan-GWAS of *Streptococcus agalactiae* Highlights Lineage-Specific Genes Associated with Virulence and Niche Adaptation. *mBio.* 2020;11(3):e00728-20. doi:10.1128/mBio.00728-20
33. Maeda T, Takayama Y, Fujita T, et al. Comparison between Invasive and Non-Invasive *Streptococcus agalactiae* Isolates from Human Adults, Based on Virulence Gene Profiles, Capsular Genotypes, Sequence Types, and Antimicrobial Resistance Patterns. *Jpn J Infect Dis.* 2021;74(4):316–324. doi:10.7883/yoken.JJID.2020.761

Об авторах

- **Екатерина Александровна Егорова** – к. б. н., ведущий научный сотрудник, Исследовательский центр по изучению бактериальных инфекций, ФБУН МНИИЭМ им. Г.Н. Габричевского Роспотребнадзора, 125212, Москва, ул. Адмирала Макарова, 10, +7 (495) 459-12-88, +7 (916) 594-69-3, yegorovaea@gmail.com, egorova@gabrich.ru. <https://orcid.org/0000-0003-1096-4324>.
- **Юлия Николаевна Урбан** – к. б. н., руководитель Геномного центра, ФБУН МНИИЭМ им. Г. Н. Габричевского Роспотребнадзора, 125212, Москва, ул. Адмирала Макарова, 10, +7 (495) 459-12-88, +7 (926) 181-05-60, urban@gabrich.ru. <https://orcid.org/0000-0003-0189-3608>.
- **Александра Львовна Байракова** – к. б. н., ведущий научный сотрудник, Исследовательский центр по изучению бактериальных инфекций, ФБУН МНИИЭМ им. Г. Н. Габричевского Роспотребнадзора, 125212, Москва, ул. Адмирала Макарова, 10, +7 (495) 459-12-88, +7 (926) 207-24-15, bairakova@gabrich.ru. <https://orcid.org/0000-0001-9289-0765>.
- **Ольга Геннадьевна Гречишникова** – к. б. н., руководитель исследовательского центра по изучению бактериальных инфекций, ФБУН МНИИЭМ им. Г. Н. Габричевского Роспотребнадзора, 125212, Москва, ул. Адмирала Макарова, 10, +7 (495) 459-12-88, +7 (965) 440-45-05, grechishnikova@gabrich.ru, grecha77@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0999-836X>.
- **Вячеслав Алексеевич Кузменок** – младший научный сотрудник, Центр мультиomicных исследований микробиома человека, ФБУН МНИИЭМ им. Г. Н. Габричевского Роспотребнадзора, 125212, Москва, ул. Адмирала Макарова, 10, +7 (999) 527-44-26, kuzmenok.vyacheslav@yandex.ru. <https://orcid.org/0009-0002-7301-238X>.
- **Елена Александровна Воропаева** – д. б. н., заместитель директора по медицинской биотехнологии, ФБУН МНИИЭМ им. Г.Н. Габричевского Роспотребнадзора, 125212, Москва, ул. Адмирала Макарова, 10, +7 (495) 452-18-16, +7 (916) 532-03-22, voropaeva@gabrich.ru. <https://orcid.org/0000-0002-0463-0136>.
- **Елена Владимировна Румянцева** – руководитель лаборатории микробиологии, Медицинский центр Лабстори, 191119, Санкт-Петербург, ул. Достоевского, д. 40-44, литр. А, часть пом. 9Н (пом. 17). +7 (911) 907-21-62, erumyantseva@labstori.ru.
- **Полина Владимировна Митьковец** – врач-бактериолог, Медицинский центр Лабстори, 191119, Санкт-Петербург, ул. Достоевского, д. 40-44, литр. А, часть пом. 9Н (пом. 17). +7 (911) 763-03-77, vaeltajapolina@yandex.ru.

Поступила: 09.10.2025. Принята к печати: 06.11.2025.

Контент доступен под лицензией CC BY 4.0.

About the Authors

- **Ekaterina A. Egorova** – Cand. Sci. (Biol.), Leading researcher, Center for research in bacterial infections, G. N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology, 10, Admiral Makarov Street, Moscow, 125212, Russia. +7 (495) 459-12-88, +7 (916) 594-69-3, yegorovaea@gmail.com, egorova@gabrich.ru. <https://orcid.org/0000-0003-1096-4324>.
- **Julia N. Urban** – Cand. Sci. (Biol.), Head of the Genomic center, G. N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology, 10, Admiral Makarov Street, Moscow, 125212, Russia. +7 (495) 459-12-88, +7 (926) 181-05-60, urban@gabrich.ru. <https://orcid.org/0000-0003-0189-3608>.
- **Alexandra L. Bairakova** – Cand. Sci. (Biol.), Leading researcher, Center for research in bacterial infections, G. N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology, 10, Admiral Makarov Street, Moscow, 125212, Russia. +7 (495) 459-12-88, +7 (926) 207-24-15, bairakova@gabrich.ru. <https://orcid.org/0000-0001-9289-0765>.
- **Olga G. Grechishnikova** – Cand. Sci. (Biol.), Head of the Center for research in bacterial infections, G. N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology, 10, Admiral Makarov Street, Moscow, 125212, Russia. +7 (495) 459-12-88, +7 (965) 440-45-05, grechishnikova@gabrich.ru, grecha77@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0999-836X>.
- **Vyacheslav A. Kuzmenok** – junior research assistant, Center for multiomics research in human microbiome, G. N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology, 10, Admiral Makarov Street, Moscow, 125212, Russia. +7 (999) 527-44-26, kuzmenok.vyacheslav@yandex.ru. <https://orcid.org/0009-0002-7301-238X>.
- **Elena A. Voropaeva** – Dr. Sci. (Biol.), Vice Director for medical biotechnology, G. N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology, 10, Admiral Makarov Street, Moscow, 125212, Russia. +7 (495) 452-18-16, +7 (916) 532-03-22, voropaeva@gabrich.ru. <https://orcid.org/0000-0002-0463-0136>.
- **Elena V. Rumiantseva** – Head of microbiology laboratory, Labstory Medical Center, 40-44, litr. A, chast pom. 9N (pom. 17), Dostoyevskogo str., Saint Petersburg, 191119, Russia. +7 (911) 907-21-62, erumyantseva@labstori.ru.
- **Polina V. Mitkovets** – bacteriologist, Labstory Medical Center, 40-44, litr. A, chast pom. 9N (pom. 17), Dostoyevskogo str., Saint Petersburg, 191119, Russia. +7 (911) 763-03-77, vaeltajapolina@yandex.ru.

Received: 09.10.2025. Accepted: 06.11.2025.

Creative Commons Attribution CC BY 4.0.