

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-2-95-101

УДК 579.841.11(571.54/.55)

И.Б. Захарова, П.Р. Чирсков, Н.Н. Тетерятникова, А.В. Топорков

**Филогенетические связи штамма *B. mallei*,
вызвавшего в 2023 г. вспышку сапа лошадей в Забайкальском крае**

ФКУЗ «Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт», Волгоград, Российская Федерация

Цель – определение филогеографических и фенотипических характеристик штамма *Burkholderia mallei*, вызвавшего в 2023 г. вспышку сапа лошадей на территории Забайкальского края. **Материалы и методы.** Культуру *B. mallei* из секционного материала выделяли согласно МУ 4.2.3744-22. Фенотипические характеристики исследовали бактериологически и с использованием системы VITEK®2 GN. Молекулярно-генетический анализ генома *B. mallei* 16050 в сравнении с 103 геномами из публичных баз данных проводили с использованием ресурсов PubMLST, NGphylogeny и iTOL v6. **Результаты и обсуждение.** Выделенные от сапной лошади из Читы штаммы *B. mallei* 16050 и 15747, идентифицированные методом ПЦР, отличались по морфологическим характеристикам, но имели идентичные атипичные биохимические профили, определившие их ошибочную идентификацию системой Vitek 2 (GN) как *Sphingomonas paucimobillis*. Анализ шотган полногеномных последовательностей подтвердил идентичность этих штаммов, последующее исследование проводили с использованием сиквенса штамма *B. mallei* 16050, имеющего более высокое качество сборки. Филогенетический анализ на основании результатов cgMLST методом максимального правдоподобия показал вхождение штамма *B. mallei* 16050 в отдельный кластер (бутстреп 91 %). В ближайший кластер (бутстреп 100 %) вошли пять штаммов, три из которых (B-120, Ц-5 и Ц-4) имеют достоверно монгольское происхождение, для еще двух (Z-12 и 10230) высокое сходство с монгольскими штаммами показано в настоящей работе. Выявлено, что 87 локусов штамма 16050 имели новые аллели, что может послужить в качестве маркера при проведении геномного надзора и расследования заносных случаев сапа. Полученные данные позволяют с высокой долей вероятности предположить, что штамм *B. mallei*, вызвавший в 2023 г. вспышку сапа лошадей в г. Чите, имеет монгольское происхождение.

Ключевые слова: *B. mallei*, сап, cgMLST, геномный надзор.

Корреспондирующий автор: Захарова Ирина Борисовна, e-mail: zib279@gmail.com.

Для цитирования: Захарова И.Б., Чирсков П.Р., Тетерятникова Н.Н., Топорков А.В. Филогенетические связи штамма *B. mallei*, вызвавшего в 2023 г. вспышку сапа лошадей в Забайкальском крае. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 2:95–101. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-2-95-101

Поступила 06.08.2024. Отправлена на доработку 09.12.2024. Принята к публикации 18.03.2025.

I.B. Zakharova, P.R. Chirskov, N.N. Teteryatnikova, A.V. Toporkov

Phylogenetic Relationships of the *B. mallei* Strain that Caused the 2023 Equine Glanders Outbreak in the Trans-Baikal Territory

Volgograd Plague Control Research Institute, Volgograd, Russian Federation

Abstract. The aim of the study was to determine the phylogeographic and phenotypic characteristics of the *Burkholderia mallei* that caused an outbreak of equine glanders in the Trans-Baikal Territory in 2023. **Materials and methods.** The *B. mallei* culture was isolated from section material according to Methodological Regulations 4.2.3744-22. Phenotypic characteristics were investigated bacteriologically and using the VITEK®2 GN. Analysis of the *B. mallei* genomes from public databases was performed using the PubMLST, NGphylogeny, and iTOL v6 resources. **Results and discussion.** Strains of *B. mallei* 16050 and 15747, isolated from the horse affected by glanders, identified using PCR, differed in morphological features, but had identical atypical biochemical profiles which lead to misidentification by VITEK®2 GN system as *Sphingomonas paucimobillis*. Shotgun analysis of the whole genome sequences confirmed the identity of those strains; a subsequent study was performed using a higher quality sequence of *B. mallei* strain 16050. Phylogenetic analysis based on the results of cgMLST showed the inclusion of the strain *B. mallei* 16050 in a separate cluster, grouped near the cluster of 5 strains, three of which (B-120, Ц-5, Ц-4) are reliably of Mongolian origin, the other two strains (Z-12 and 10230) have high similarity to Mongolian strains which is demonstrated in the current work. It has been revealed that 87 loci of the strain 16050 have new alleles, which can serve as a marker in genomic surveillance and investigation of imported cases of glanders. The data obtained allow us to assume with a high degree of probability that the outbreak of equine glanders in Chita in 2023 was caused by a strain of Mongolian origin.

Key words: *B. mallei*, glanders, cgMLST, genomic surveillance.

Conflict of interest: The authors declare no conflict of interest.

Funding: The authors declare no additional financial support for this study.

Acknowledgements: The authors express their sincere gratitude to Mikhail Vladimirovich Khramov, Deputy Director for Quality and Development of the Federal Budgetary Scientific Institution State Scientific Center of Applied Microbiology and Biotechnology of the Rospotrebnadzor, for his assistance in comparing the numbers of the State collection of pathogenic microorganisms and cell cultures-Obolensk and passport data of the glanders pathogen strains deposited in public databases.

Corresponding author: Irina B. Zakharova, e-mail: zib279@gmail.com.

Citation: Zakharova I.B., Chirskov P.R., Teteryatnikova N.N., Toporkov A.V. Phylogenetic Relationships of the *B. mallei* Strain that Caused the 2023 Equine Glanders Outbreak in the Trans-Baikal Territory. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 2:95–101. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-2-95-101

Received 06.08.2024. Revised 09.12.2024. Accepted 18.03.2025.

Zakharova I.B., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7808-7658>
Chirskov P.R., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2847-5177>

Teteryatnikova N.N., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8928-2152>
Toporkov A.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3449-4657>

Сап – одно из старейших известных заболеваний, описанное еще Гиппократом примерно в 425 г. до н. э. Это зооантропонозная инфекция, вызываемая *Burkholderia mallei*, поражает непарнокопытных, а также ряд других семейств млекопитающих, в том числе людей. Летальность при сапе достигает 50 % при адекватном лечении и превышает 95 % при его отсутствии. Лицензированных вакцин против сапа нет. Возбудитель сапа является факультативным внутриклеточным патогеном и обладает естественной резистентностью к большинству антибиотиков. В связи с этим возбудитель сапа отнесен ко второй группе патогенных биологических агентов (ПБА) и входит в список потенциальных средств биотерроризма. Сап включен в перечень инфекционных болезней, требующих проведения мероприятий по санитарной охране территории Российской Федерации, и обязателен к уведомлению Всемирной организации по охране здоровья животных (ВОАН, ВОЗЖ).

Основным резервуаром и источником инфекции для животных, как правило, являются непарнокопытные с субклинической формой инфекции; для человека – больные животные с острыми формами болезни. Заражение человека чаще происходит контактно, реже алиментарным путем или аэрогенно. Не исключена передача инфекции от человека к человеку [1].

Люди к сапу восприимчивы, но считаются случайными хозяевами. Локальная инфекция без правильного лечения приводит к септицемии и колонизации внутренних органов, таких как селезенка, печень и легкие, с развитием абсцессов, септического шока и смерти. Анализ литературных данных за период значительного распространения сапа в Европе (1831–1923 гг.) показал, что медики того времени считали, что факт контакта пациента с больными лошадьми в случае наличия воспалительного поражения слизистой оболочки полости рта или носа, абсцессов в подкожных или мышечных тканях дает основание для подозрения на сап. В настоящее время считается, что зоонозная передача *B. mallei* человеку происходит редко, даже в случаях частых и тесных контактов с инфицированными животными. Однако тщательного изучения этого вопроса не проводилось в связи с редкостью этой инфекции среди людей. За последние 20 лет описано 4 случая сапа у людей: один произошел вследствие внутрилабораторного заражения в США, остальные – после контакта с больными лошадьми в Иране, Бразилии и Китае [2–5].

Сап был ликвидирован в СССР, Северной Америке, Австралии и Европе к середине прошлого века. В настоящее время болезнь встречается в

ряде стран Ближнего и Среднего Востока, Азии, Центральной и Южной Америки [6, 7], среди которых имеются сопредельные с Россией: Монголия, Турция и Китай. Важным фактором риска распространения сапа в свободные от этой инфекции регионы является импорт животных из эндемичных по сапу регионов, а также международные перемещения скаковых лошадей [8]. Наблюдается тенденция к расширению территорий эндемичности сапа, что представляет значительный риск для здоровья населения и существенную угрозу для популяций лошадей.

Целью работы являлось определение филогеографических и фенотипических характеристик штамма *Burkholderia mallei*, вызвавшего в 2023 г. вспышку сапа лошадей на территории Забайкальского края.

Материалы и методы

Поиск случаев и анализ глобальной ситуации по сапу проводили с использованием данных ВОЗЖ (<https://wahis.woah.org/#/dashboards/country-or-disease-dash-board>) и публикаций в рецензируемых научных журналах. Исследован секционный материал от четырех лошадей с подозрением на сап, направленный из ФКУЗ «Читинская противочумная станция» Роспотребнадзора в Референс-центр по мониторингу за возбудителями мелиоидоза и сапа (ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора), исследование проводили в соответствии с МУ 4.2.3744-22. Выделенные штаммы идентифицировали методом ПЦР, описанным ранее [9]; ДНК выделяли с использованием набора для выделения геномной ДНК из клеток, тканей и крови (Biolabmix, Россия); биохимическое профилирование проводили на анализаторе VITEK® 2 с картами для идентификации клинически значимых грамотрицательных палочек GN (bioMerieux, Франция). Расширенный молекулярно-генетический анализ шотган полногеномной последовательности (WGS) вновь выделенного штамма *B. mallei* 16050 (VGARus id: Vnip002404) проводили в сравнении со всеми геномами *B. mallei*, представленными на момент исследования в базе данных PubMLST (n=101, id: 1–101), и двумя из базы данных GenBank NCBI (GCF_028621665.1 и GCF_028621495.1). Внутривидовое типирование по схеме *B. mallei* cgMLST [10] проводили с использованием инструментария базы данных PubMLST (https://pubmlst.org/bigddb?db=pubmlst_bmallei_isolates). Выравнивание конкатенированных последовательностей и анализ полученных данных осуществляли при помощи геномного компаратора [11]. Филогенетический анализ проводили по алгорит-

му PhyML методом максимального правдоподобия (параметры по умолчанию, количество бутстреп-реплик – 100) на основании 3328 кодирующих последовательностей, входящих в состав основного генома, с использованием веб-сервиса <https://ngphylogeny.fr/>. Филогенетическое дерево визуализировали с использованием онлайн-инструментария Интерактивное древо жизни (iTOL v6) (<https://itol.embl.de/tree/>).

Результаты и обсуждение

Глобальная ситуация по сапу лошадей. Во многих странах за последнее столетие сепс был искоренен благодаря развитию средств диагностики и, в немалой степени, потере ведущей роли лошадей и других непарнокопытных в хозяйственной деятельности. Анализ данных, доступных на сайте ВОЗЖ, показал, что за последние 20 лет наблюдается увеличение частоты вспышек, затронувших несколько тысяч домашних и диких животных не менее чем

в 20 странах, прежде всего в Индии, Бразилии и Иране, и наблюдается тенденция к расширению территорий эндемичности сапа, имеют место случаи заноса инфекции, в том числе и на территорию России (Забайкальский край, 1985, 2007, 2013 и 2023 гг.), что позволяет отнести сепс к возвращающимся инфекциям. Динамика вспышек носит волнообразный характер с периодом в 4 года (рис. 1).

Наблюдаемое с 2022 г. снижение количества вспышек, скорее всего, не отражает реальное состояние, поскольку ряд эндемичных по сапу стран не предоставили в ВОЗЖ данные за 2022–2023 гг. и первую половину 2024 г. По-видимому, также имеют место факты неинформирования – по официальной информации ВОЗЖ, Монголия с 2012 г. не сообщала о случаях сапа. В то же время анализ литературных данных показал, что в районе Улан-Батора и граничащей с Забайкальским краем провинции Хэнтий в 2019 и 2022 гг. были вспышки сапа, подтвержденные выделением культур сапного микроба [12].

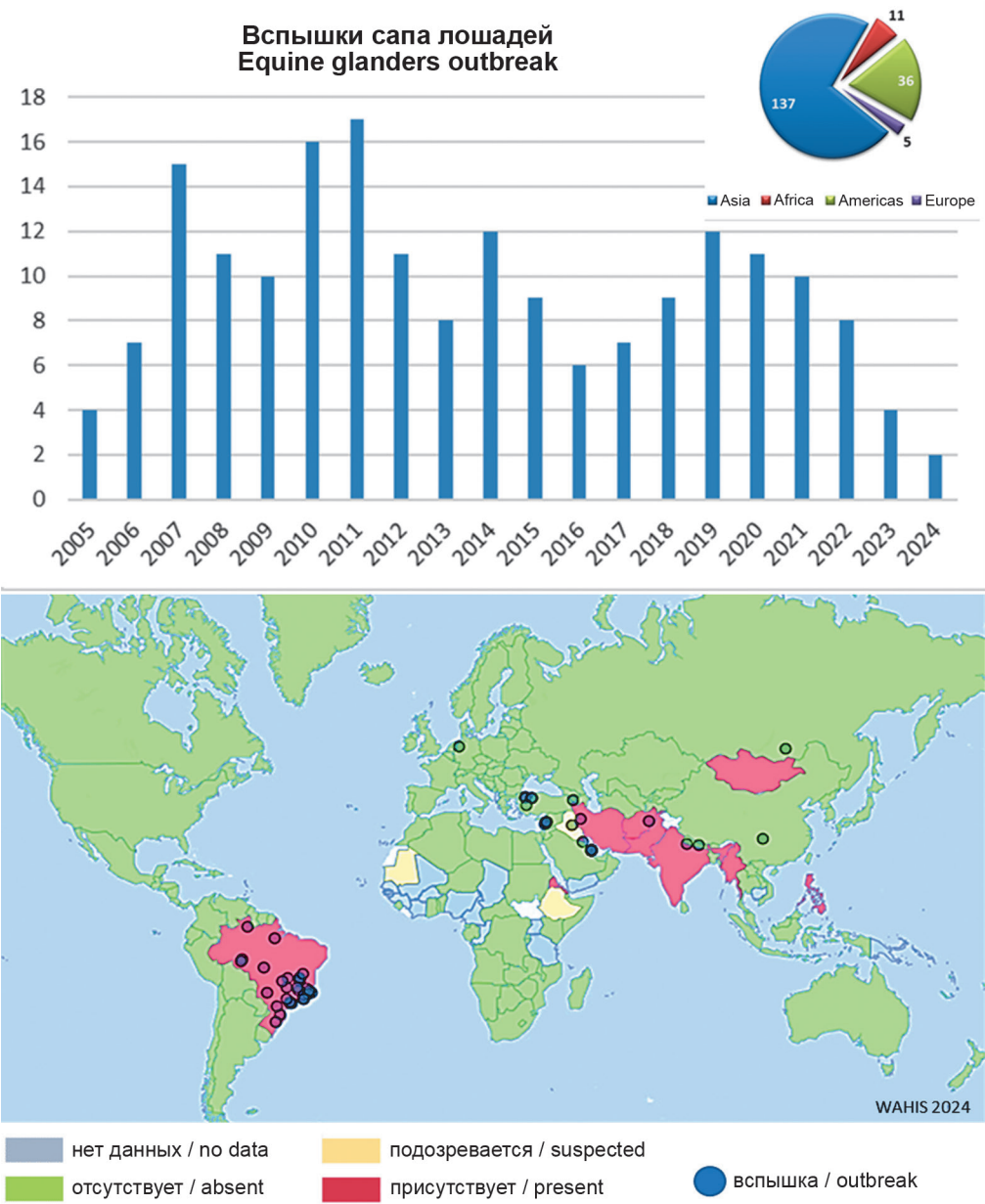


Рис. 1. Глобальная ситуация по сапу лошадей

Fig. 1. Global situation on equine glanders

Фенотипическая характеристика штаммов *B. mallei*, выделенных при вспышке сапа лошадей в Забайкальском крае в 2023 г. В феврале 2023 г. в Референс-центр по мониторингу за возбудителями мелиоидоза и сапа (ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора) поступил секционный материал от четырех лошадей с подозрением на сап, направленный из ФКУЗ «Читинская противочумная станция» Роспотребнадзора (идентификатор вспышки в базе WAHIS WOAH – IN_159397, report id FUR_163071, <https://wahis.woah.org/#/in-review/4915?reportId=163071&fromPage=event-dashboard-url>).

Из секционного материала от павшей лошади № 643110000010443 выделены две бактериальные культуры, идентифицированные методом ПЦР как *B. mallei*. Оба штамма резистентны к полимиксину, слабоположительны в тесте на оксидазу и представлены двумя морфологическими вариантами: колонии в S-форме диаметром 1,5–3 мм и микроколонии диаметром менее 0,5 мм. Поскольку для возбудителя сапа морфологическая диссоциация возможна, но не характерна, каждому из вариантов присвоен собственный номер – *B. mallei* 15747 и 15747мк, *B. mallei* 16050 и 16050мк. Анализ изолированных колоний каждого из вариантов бактериологическим методом показал стабильную морфологическую диссоциацию штаммов серии 15747, то есть получено подтверждение, что штамм 15747 выделен в виде чистой культуры, тогда как у штаммов серии 16050 выраженной диссоциации не наблюдали и варианты росли в виде исходных колоний. В связи с этим далее анализировали штаммы *B. mallei* 15747, 16050 и 16050мк. Анализ спектра биохимической активности выделенных штаммов с использованием автоматического анализатора Vitek 2 (GN) показал идентичность их биохимических профилей с нетипичными для *B. mallei* результатами отдельных тестов (способность к утилизации сахарозы, отсутствие L-пролинариламидазы и тирозинариламидазы), вследствие чего все три штамма идентифицированы ошибочно как *Sphingomonas paucimobilis*. Необходимо отметить, что ошибочная идентификация возбудителя сапа с использованием автоматических биохимических анализаторов – нередкое явление. Так, штаммы Ц-5 (Монголия), Z-12 и Zagreb (Югославия) идентифицированы системой Vitek 2 (GN) с низкой дискриминацией между видами *S. paucimobilis* и *B. mallei*, а штамм В-120, выделенный в г. Улан-Удэ от импортированных из Монголии лошадей, – как *S. paucimobilis* [13]. Учитывая общий источник выделения и идентичность биохимических профилей штаммов *B. mallei* 15747, 16050 и 16050мк, был сделан вывод, что перечисленные изоляты являются изогенными (по сути, одним и тем же штаммом), а различия в морфологии, по-видимому, обусловлены разным количеством пассажей исходного материала через биопробы (15747 выделен после второго пассажа, 16050 – после третьего).

***B. mallei* cgMLST.** Сравнительный анализ WGS *B. mallei* 16050, 16050мк и 15747 подтвердил идентичность этих штаммов, и, поскольку качество сборки нуклеотидной последовательности штамма 16050 оказалось выше, для внутривидового типирования использовали WGS *B. mallei* 16050 (VGARus id: Vnir002404).

Возбудитель сапа является монофилетическим видом и классическое мультилокусное сиквенс-типирование (MLST) по схеме D. Godoy et al. [14] не обеспечивает внутривидовую дифференциацию, поскольку все штаммы относятся к ST 40, за исключением NCTC 10260 и NCTC 10247 (выделены в Турции в 1949 и 1960 гг.), которые относятся к ST 100 (однолокусный вариант ST 40).

Для выяснения филогенетических связей выделенного штамма в контексте глобальной популяции возбудителя сапа проведено типирование с высокой степенью разрешения, основанное на анализе 3328 кодирующих последовательностей, входящих в состав основного генома – *B. mallei* cgMLST. Поскольку в алгоритме анализа предусмотрено исключение паралогичных локусов, всего проанализировано 3311 локусов, из которых у штамма *B. mallei* 16050 неполных было два, отсутствующих – три. Необходимо отметить, что у вновь выделенного штамма 87 локусов имели новые, ранее не обнаруженные аллели, что может послужить в качестве маркера при проведении геномного надзора и расследовании заносных случаев сапа на территории Российской Федерации.

Филогенетический анализ на основании результатов cgMLST методом максимального правдоподобия показал вхождение штамма *B. mallei* 16050 в индивидуальный кластер, сформированный с высоким уровнем бутстреп-поддержки (91 %). В ближайший кластер с уровнем бутстреп-поддержки 100 % вошли пять штаммов из государственной коллекции патогенных микроорганизмов и клеточных культур (ГКПМ-Оболensk), номера SCPM-O-B-4682, SCPM-O-B-4683, SCPM-O-B-4684, SCPM-O-B-4686, SCPM-O-B-7146 присвоены штаммам возбудителя сапа Ц-4 и Ц-5 (Монголия), 10230 (нет данных), Z-12 (Югославия) и В-120 (выделен в г. Улан-Удэ от лошадей, импортированных из Монголии). Штаммы SCPM-O-B-7146 (В-120) и SCPM-O-B-4682 (Ц-4) расположены на отдельных ветвях (бутстреп-поддержка – 71 и 99 % соответственно). Штамм SCPM-O-B-4683 (Ц-5) также имеет отдельную ветвь, а югославский штамм SCPM-O-B-4686 (Z-12) разделяет общую ветвь со штаммом неизвестного происхождения SCPM-O-B-4684 (10230), однако узлы ветвей этих штаммов не имеют значимой бутстреп-поддержки (25 %) (рис. 2).

Расположение штамма SCPM-O-B-4686 (Z-12) в одном кластере вместе с монгольскими вызвало сомнения в достоверности его паспортных данных. Необходимо отметить, что «пересортица» данных о происхождении штаммов для возбудителя сапа ха-

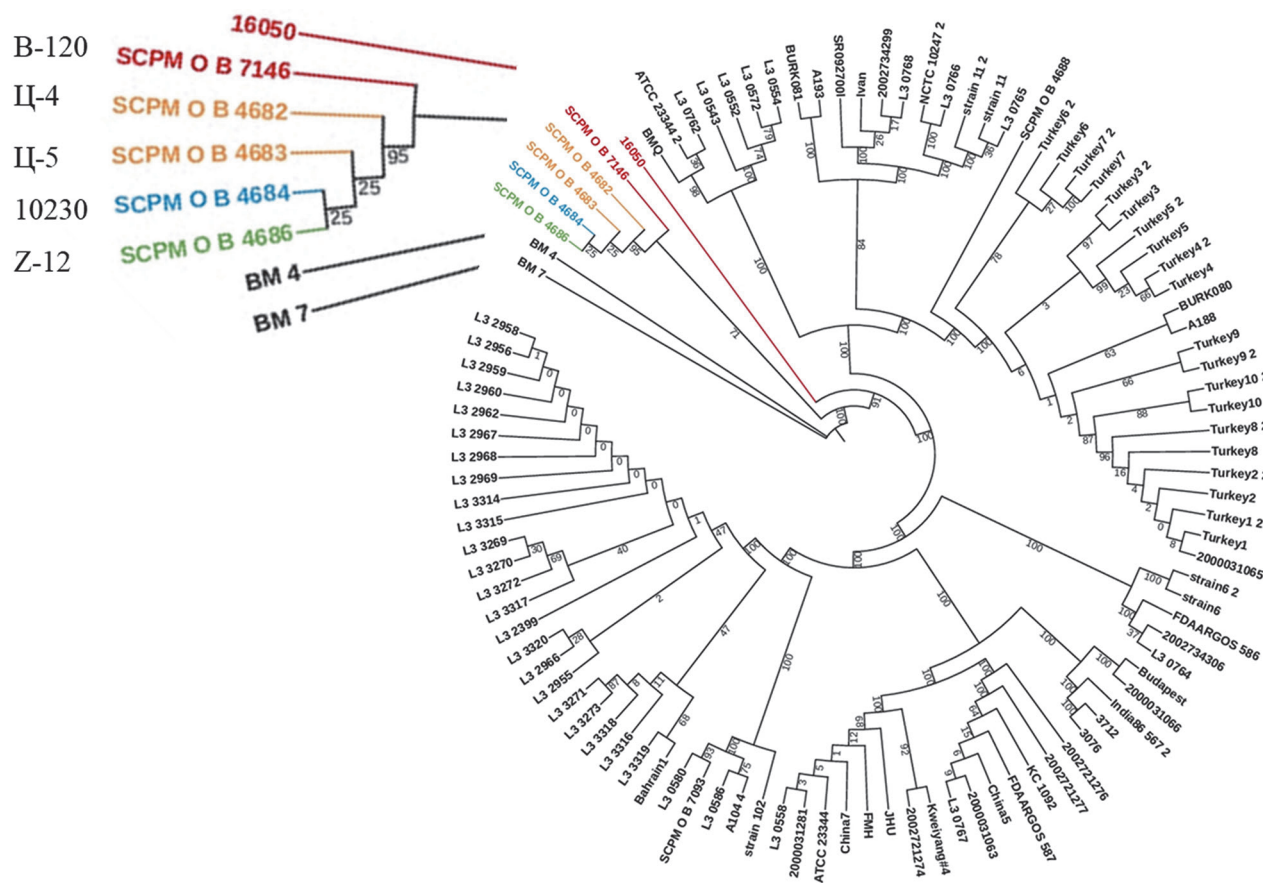


Рис. 2. Кластеризация штаммов *B. mallei* на основании сравнительного анализа конкатенированных локусов основного генома методом максимального правдоподобия (бутстреп 100). Штаммы, выделенные в России, обозначены красным, Монголии – желтым, Югославии – зеленым, нет данных – синим (по паспортным данным)

Fig. 2. Clustering of *B. mallei* strains based on comparative analysis of concatenated loci of the main genome using the maximum likelihood method (bootstrap 100). Strains isolated in Russia are indicated in red, Mongolia – in yellow, Yugoslavia – in green, no data – in blue (according to passport data)

актерна для подавляющего большинства коллекций и баз данных. Достаточно часто при заполнении раздела «Метаданные» не делается различий между местом выделения и местом хранения штаммов. Эта проблема обозначена публично. Так, в исследовании S. Appelt et al. показано, что депонированные в базы данных штаммы под одним и тем же собственным названием не являются одним и тем же штаммом, например, Budapest SAMN04260157 имеет индийское происхождение и не группируется с Budapest NCTC_10229 и другими венгерскими штаммами; все штаммы возбудителя сапа с указанием США в качестве их географического происхождения имеют китайское происхождение, за исключением одного турецкого [10].

Анализ показал, что разница по количеству отличающихся аллелей между SCPM-O-B-4686 (Z-12) и монгольскими штаммами SCPM-O-B-4682 (Ц-4) и SCPM-O-B-4683 (Ц-5), составившая 227 и 184 аллеля, меньше, чем количество аллелей, дифференцирующих Ц-4 и Ц-5 (n=280), при этом с югославским штаммом SCPM-O-B-4688 (P-1) разница составляет 495 аллелей. У штамма 10230 также прослеживается связь с монгольскими штаммами (таблица). Исходя из полученных данных, наиболее вероятным гео-

графическим происхождением штаммов SCPM-O-B-4686 (Z-12) и SCPM-O-B-4684 (10230) является Монголия.

Подобные же результаты сравнительного анализа матриц расстояний штамма B-120 и монгольских штаммов (таблица) на геномном уровне подтверждают факт заноса сапа в г. Улан-Удэ в 1985 г. из Монголии.

Таким образом, показаны тесные филогенетические связи штамма *B. mallei* 16050 с кластером штаммов монгольского происхождения, а также сходство биохимических особенностей штаммов *B. mallei* 16050, Ц-5, Z-12 и B-120, определяющих автоматизированную идентификацию штаммов *B. mallei* как *S. paucimobilis*. Полученные данные позволяют с высокой долей вероятности предположить, что штамм *B. mallei* 16050, вызвавший в 2023 г. вспышку сапа лошадей в г. Чите, имеет монгольское происхождение. Определить непосредственный источник инфекции не представлялось возможным в силу отсутствия в Референс-центре данных эпизоотологического анамнеза инфицированных лошадей.

Конфликт интересов. Авторы подтверждают отсутствие конфликта финансовых/нефинансовых интересов, связанных с написанием статьи.

Матрица расстояний между *B. mallei* 16050 и штаммами ближайшего кластера

Distance matrix between *B. mallei* 16050 and strains of the nearest cluster

Номер штамма Strain number	Паспортные данные Passport details	16050	SCPM-O-B-4682	SCPM-O-B-4683	SCPM-O-B-4684	SCPM-O-B-4686	SCPM-O-B-4688	SCPM-O-B-7093	SCPM-O-B-7146
16050	16050, Чита / Chita, 2023	0							
SCPM-O-B-4682	Ц-4, Монголия / Mongolia, 1967	298	0						
SCPM-O-B-4683	Ц-5, Монголия / Mongolia, 1967	255	280	0					
SCPM-O-B-4684	10230, н/д (n/d)	283	296	260	0				
SCPM-O-B-4686	Z-12, Югославия / Yugoslavia, 1959	197	227	184	208	0			
SCPM-O-B-4688	P-1, Югославия / Yugoslavia, н/д (n/d)	478	574	537	551	495	0		
SCPM-O-B-7093	Muksuwar-11, Индия / India, 1979	494	591	559	569	513	543	0	
SCPM-O-B-7146	B-120, Улан-Удэ / Ulan Ude, 1985	215	292	259	279	208	512	530	0

Примечание: н/д – нет данных; серым цветом выделены наименьшие показатели матрицы расстояний между штаммами.

Note: n/d – no data; the lowest values of the distance matrix between strains are highlighted in gray.

Финансирование. Авторы заявляют об отсутствии дополнительного финансирования при проведении данного исследования.

Благодарность. Авторы выражают искреннюю признательность заместителю директора по качеству и развитию ФБУН ГНЦ ПМБ Роспотребнадзора М.В. Храмову за помощь в сопоставлении номеров ГКПМ Оболенск и паспортных данных штаммов возбудителя сапа, депонированных в публичные базы данных.

Список литературы

1. Dvorak G.D., Spickler A.R. Glanders. *J. Am. Vet. Med. Assoc.* 2008; 233(4):570–7. DOI: 10.2460/javma.233.4.570.

2. Georgiades C., Fishman E.K. Clinical image. Glanders disease of the liver and spleen: CT evaluation. *J. Comput. Assist. Tomogr.* 2001; 25(1):91–3. DOI: 10.1097/00004728-200101000-00016.

3. Santos Júnior E.L.D., Moura J.C.R., Protásio B.K.P.F., Parente V.A.S., Veiga M.H.N.D. Clinical repercussions of Glanders (*Burkholderia mallei* infection) in a Brazilian child: a case report. *Rev. Soc. Bras. Med. Trop.* 2020; 53:e20200054. DOI: 10.1590/0037-8682-0054-2020.

4. Nasiri M., Zarrin A., RoshankarRudsari S., Khodadadi J. Glanders (*Burkholderia mallei* infection) in an Iranian man: A case report. *IDCases.* 2023; 32:e01779. DOI: 10.1016/j.idcr.2023.e01779.

5. He G., Zeng Y., He Q., Liu T., Li N., Lin H., Zeng M., Li Y., Peng M., Cheng J., Liu W., Yao W. A case report of *Burkholderia mallei* infection leading to pneumonia. *Comb. Chem. High Throughput Screen.* 2023; 26(1):241–5. DOI: 10.2174/1386207325666220509152221.

6. Singha H., Tuanyok A., Elschner M., Laroucau K., Mukhopadhyay C. Editorial: Glanders and melioidosis: one health model. *Front. Vet. Sci.* 2023; 10:1303556. DOI: 10.3389/fvets.2023.1303556.

7. Nguyen H.N., Smith M.E., Hayoun M.A. Glanders and melioidosis. 2023 Aug 14. In: StatPearls. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2025. PMID: 28846298. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK448110/>.

8. Kettle A.N., Wernery U. Glanders and the risk for its introduction through the international movement of horses. *Equine Vet. J.* 2016; 48(5):654–8. DOI: 10.1111/evj.12599.

9. Zakharova I., Teteryatnikova N., Toporkov A., Viktorov D. Development of a multiplex PCR assay for the detection and differentiation of *Burkholderia pseudomallei*, *Burkholderia mallei*, *Burkholderia thailandensis*, and *Burkholderia cepacia* complex. *Acta Trop.* 2017; 174:1–8. DOI: 10.1016/j.actatropica.2017.06.016.

10. Appelt S., Rohleder A.M., Jacob D., von Buttlar H., Georgi E., Mueller K., Wernery U., Kinne J., Joseph M., Jose S.V., Scholz H.C. Genetic diversity and spatial distribution of *Burkholderia mallei* by core genome-based multilocus sequence typing analysis. *PLoS One.* 2022; 17(7):e0270499. DOI: 10.1371/journal.pone.0270499.

11. Jolley K.A., Bray J.E., Maiden M.C.J. 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.

12. Ichikawa Y., Borjigin L., Enkhtuul B., Khurtsbaatar O., Aoshima K., Kobayashi A., Batbaatar V., Kimura T. First molecular characterization of *Burkholderia mallei* strains isolated from horses in Mongolia. *Infect. Genet. Evol.* 2024; 123:105616. DOI: 10.1016/j.meegid.2024.105616.

13. Молчанова Е.В., Лопастейская Я.А., Незнамова А.В., Кузютина Ю.А., Агеева Н.П., Захарова И.Б., Викторов Д.В., Топорков А.В. Особенности идентификации *Burkholderia mallei* и *Burkholderia pseudomallei* с помощью микробиологического анализатора Vitek 2 Compact 30. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2016; (3):57–61. DOI: 10.21055/0370-1069-2016-3-57-61.

14. Godoy D., Randle G., Simpson A.J., Aanensen D.M., Pitt T.L., Kinoshita R., Spratt B.G. Multilocus sequence typing and evolutionary relationships among the causative agents of melioidosis and glanders, *Burkholderia pseudomallei* and *Burkholderia mallei*. *J. Clin. Microbiol.* 2003; 41(5):2068–79. DOI: 10.1128/JCM.41.5.2068-2079.2003.

References

1. Dvorak G.D., Spickler A.R. Glanders. *J. Am. Vet. Med. Assoc.* 2008; 233(4):570–7. DOI: 10.2460/javma.233.4.570.

2. Georgiades C., Fishman E.K. Clinical image. Glanders disease of the liver and spleen: CT evaluation. *J. Comput. Assist. Tomogr.* 2001; 25(1):91–3. DOI: 10.1097/00004728-200101000-00016.

3. Santos Júnior E.L.D., Moura J.C.R., Protásio B.K.P.F., Parente V.A.S., Veiga M.H.N.D. Clinical repercussions of Glanders (*Burkholderia mallei* infection) in a Brazilian child: a case report. *Rev. Soc. Bras. Med. Trop.* 2020; 53:e20200054. DOI: 10.1590/0037-8682-0054-2020.

4. Nasiri M., Zarrin A., RoshankarRudsari S., Khodadadi J. Glanders (*Burkholderia mallei* infection) in an Iranian man: A case report. *IDCases.* 2023; 32:e01779. DOI: 10.1016/j.idcr.2023.e01779.

5. He G., Zeng Y., He Q., Liu T., Li N., Lin H., Zeng M., Li Y., Peng M., Cheng J., Liu W., Yao W. A case report of *Burkholderia mallei* infection leading to pneumonia. *Comb. Chem. High Throughput Screen.* 2023; 26(1):241–5. DOI: 10.2174/1386207325666220509152221.

6. Singha H., Tuanyok A., Elschner M., Laroucau K., Mukhopadhyay C. Editorial: Glanders and melioidosis: one health model. *Front. Vet. Sci.* 2023; 10:1303556. DOI: 10.3389/fvets.2023.1303556.

7. Nguyen H.N., Smith M.E., Hayoun M.A. Glanders and melioidosis. 2023 Aug 14. In: StatPearls. [Internet]. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2025. PMID: 28846298. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK448110/>.

8. Kettle A.N., Wernery U. Glanders and the risk for its introduction through the international movement of horses. *Equine Vet. J.* 2016; 48(5):654–8. DOI: 10.1111/evj.12599.

9. Zakharova I., Teteryatnikova N., Toporkov A., Viktorov D. Development of a multiplex PCR assay for the detection and differentiation of *Burkholderia pseudomallei*, *Burkholderia mallei*,

Burkholderia thailandensis, and *Burkholderia cepacia* complex. *Acta Trop.* 2017; 174:1–8. DOI: 10.1016/j.actatropica.2017.06.016.

10. Appelt S., Rohleder A.M., Jacob D., von Buttlar H., Georgi E., Mueller K., Wernery U., Kinne J., Joseph M., Jose S.V., Scholz H.C. Genetic diversity and spatial distribution of *Burkholderia mallei* by core genome-based multilocus sequence typing analysis. *PLoS One.* 2022; 17(7):e0270499. DOI: 10.1371/journal.pone.0270499.

11. Jolley K.A., Bray J.E., Maiden M.C.J. 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.

12. Ichikawa Y., Borjigin L., Enkhtuul B., Khurtsbaatar O., Aoshima K., Kobayashi A., Batbaatar V., Kimura T. First molecular characterization of *Burkholderia mallei* strains isolated from horses in Mongolia. *Infect. Genet. Evol.* 2024; 123:105616. DOI: 10.1016/j.meegid.2024.105616.

13. Molchanova E.V., Lopasteiskaya Ya.A., Neznamova A.V., Kuzyutina Yu.A., Ageeva N.P., Zakharova I.B., Viktorov D.V., Toporkov A.V. [Peculiarities of *Burkholderia mallei* and *Burkholderia pseudomallei* identification using microbiological analyzer Vitek 2 Compact 30]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems*

of Particularly Dangerous Infections]. 2016; (3):57–61. DOI: 10.21055/0370-1069-2016-3-57-61.

14. Godoy D., Randle G., Simpson A.J., Aanensen D.M., Pitt T.L., Kinoshita R., Spratt B.G. Multilocus sequence typing and evolutionary relationships among the causative agents of melioidosis and glanders, *Burkholderia pseudomallei* and *Burkholderia mallei*. *J. Clin. Microbiol.* 2003; 41(5):2068–79. DOI: 10.1128/JCM.41.5.2068-2079.2003.

Authors:

Zakharova I.B., Chirskov P.R., Teteryatnikova N.N., Toporkov A.V. Volgograd Plague Control Research Institute, 7, Golubinskaya St., Volgograd, 400131, Russian Federation. E-mail: info@vniipchi.rosпотреbnadzor.ru.

Об авторах:

Захарова И.Б., Чирсков П.Р., Тетерятникова Н.Н., Топорков А.В. Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт. Российская Федерация, 400131, Волгоград, ул. Голубинская, 7. E-mail: info@vniipchi.rosпотреbnadzor.ru.