



Результаты апробации полногеномного секвенатора «Нанофор СПС»

А.А. Петров¹, В.Е. Курочкин², Я.И. Алексеев^{2,3}, Д.А. Квон³, М.Ю. Павлюков¹,
А.В. Казанцев¹, М.И. Солдатенкова¹, Д.П. Белозеров¹, А.А. Пушкин^{2,3},
Д.А. Кутаев¹, С.В. Борисевич¹ ✉

¹Федеральное государственное бюджетное учреждение
«48 Центральный научно-исследовательский институт»
Министерства обороны Российской Федерации
141306, Российская Федерация, г. Сергиев Посад-6, ул. Октябрьская, д. 11
✉ e-mail: 48cnii@mil.ru

²Институт аналитического приборостроения Российской академии наук
198095, Российская Федерация, г. Санкт-Петербург, ул. Ивана Черных, 31-33, лит. А

³ООО «НПФ Синтол»
125499, Российская Федерация, г. Москва, Кронштадтский бульвар, д. 39, корп. 1, помещ. I,
ком. 43/рм 12-3

Основные моменты

- Более 95 % нуклеотидных оснований, полученных на платформе «Нанофор СПС», имеют показатель качества Phred (Q) > 30, что соответствует точности определения основания > 99,9 %.
- Успешно выполнена *de novo* сборка полного генома вируса, реконструированного в виде единого контига длиной 160–711 п.н. со средним покрытием 300x.
- Установлена значимо более низкая стоимость одного цикла секвенирования и операционных затрат по сравнению с платформой MiSeq.

Актуальность. Обусловлена необходимостью развития отечественных, экономически эффективных платформ для секвенирования геномов в опасных патогенов, позволяющих обеспечить оперативный геномный мониторинг биологических угроз силами войск радиационной, химической и биологической (РХБ) защиты.

Цель работы – провести комплексную оценку эксплуатационных характеристик отечественной системы полногеномного секвенирования «Нанофор СПС» (ООО «НПФ Синтол», Россия) в сравнении с зарубежным аналогом MiSeq (Illumina, США).

Материалы и методы. Для выявления достигнутого уровня данной технологии использовалась научная литература, доступная через открытые отечественные и англоязычные ресурсы сети Интернет. В качестве тестового объекта использовали ДНК-содержащий вирус с протяженным геномом – вирус вакцины (*Vaccinia virus*), штамм Б-51. Комплексная оценка включала выделение ДНК, подготовку библиотек, полногеномное секвенирование на обеих платформах и последующий сравнительный биоинформатический анализ.

Результаты. Экспериментальная апробация показала, что «Нанофор СПС» отличается высокой производительностью и надежностью, обеспечивая сопоставимые с зарубежными секвенаторами (Illumina, США) результаты.

Вывод. Отечественная платформа «Нанофор СПС» подтвердила статус производительной, надежной и экономически эффективной системы, обеспечивающей качество данных и аналитические возможности, сопоставимые с зарубежными аналогами, и рекомендована для внедрения в лабораторную практику войск РХБ защиты.

Практическая значимость работы. Определяется следующими аспектами. Система предоставляет заказчику (войскам РХБ защиты) комплексные работы и верифицированные данные для обоснованного выбора и закупки отечественной платформы секвенирования, снижая технологическую зависимость от Запада. Сформирован готовый протокол и референсные показатели для использования системы «Нанофор СПС» в специфических задачах войск РХБ защиты.

Ключевые слова: биологические угрозы; вирус вакцины; геномный мониторинг; диагностика; Нанофор СПС; патогенный биологический агент; платформа; полногеномное секвенирование; секвенирование следующего поколения; система; Illumina

Для цитирования: Петров А.А., Курочкин В.Е., Алексеев Я.И., Кwon Д.А., Павлюков М.Ю., Казанцев А.В., Солдатенкова М.И., Белозеров Д.П., Пушкин А.А., Кутаев Д.А., Борисевич С.В. Результаты апробации полногеномного секвенатора «Нанофор СПС». Вестник войск РХБ защиты. 2026;10(1):64–77. EDN:nbwoqb. <https://doi.org/10.35825/2587-5728-2026-10-1-64-77>

Прозрачность финансовой деятельности: авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах.

Конфликт интересов: Я.И. Алексеев, Д.А. Кwon, А.А. Пушкин являются сотрудником ООО «НПФ Синтол», но не имеют никакого отношения к решению опубликовать эту статью. Статья прошла принятую в журнале процедуру рецензирования. Об иных конфликтах интересов авторы не заявляли.

Использование искусственного интеллекта: при подготовке рукописи не применялись методы искусственного интеллекта.

Финансирование: федеральное государственное бюджетное учреждение «48 Центральный научно-исследовательский институт» Министерства обороны Российской Федерации.

Поступила 11.07.2025 г. После доработки 01.11.2025 г. Принята к публикации 27.03.2026 г.

Results of testing the whole genome sequenator Nanophor SPS

Aleksandr A. Petrov¹, Vladimir E. Kurochkin², Yakov I. Alekseev^{2,3}, Dmitry A. Kwon³, Mikhail Y. Pavlyukov¹, Aleksey V. Kazantsev¹, Maria I. Soldatenkova¹, Denis P. Belozеров¹, Anton A. Pushkin^{2,3}, Dmitriy A. Kutaev¹, Sergey V. Borisevich¹✉

¹48 Central Research Institute of the Ministry of Defence of the Russian Federation
141306, Russian Federation, Sergiev Posad-6, Oktyabrskaya St., 11
✉ e-mail: 48cnii@mil.ru

²Institute for Analytical Instrumentation of RAS
198095, Russian Federation, St. Petersburg, Ivana Chernykh St., 31-33, lit. A

³Syntol LLC
125499, Russian Federation, Moscow, Kronshtadtskii, 39, 1, I Kom. 43/Rm 12-3

Highlights

- More than 95% of nucleotide bases generated by the Nanophor SPS platform have a Phred quality score (Q) > 30, corresponding to a base-call accuracy of >99.9%.
- Successful *de novo* assembly of the complete viral genome was achieved, reconstructed as a single contig of 160,711 bp with a mean coverage of 300x.
- A significantly lower cost per sequencing run and operational expenses were confirmed compared to the MiSeq platform.

Relevance. Relevance is driven by the need to develop domestic, cost-effective sequencing platforms for the genomes of dangerous pathogens, enabling rapid genomic surveillance of biological threats by the Nuclear, Biological, and Chemical (NBC) defense troops.

Purpose of the study is to conduct a comprehensive performance assessment of the domestic whole-genome sequencing system "Nanophor SPS" (Sintol, Russia) in comparison with the foreign counterpart MiSeq (Illumina, USA).

Петров А.А., Курочкин В.Е., Алексеев Я.И., Кwon Д.А., Павлюков М.Ю., Казанцев А.В. и др.
 Petrov A.A., Kurochkin V.E., Alekseev Ya.I., Kwon D.A., Pavlyukov M.Yu., Kazantsev A.V., et al.

Materials and Methods. A large DNA virus, Vaccinia virus strain B-51, was used as the test object. The methodology included DNA extraction, library preparation, whole-genome sequencing on both platforms, and subsequent comparative bioinformatic analysis.

Results. The experimental validation demonstrated that the Nanophor SPS platform exhibits high performance and reliability, providing data quality comparable to the foreign sequencer (MiSeq, Illumina, USA).

Conclusion. The domestic Nanophor SPS platform has confirmed its status as a productive, reliable, and cost-effective system that delivers data quality and analytical capabilities comparable to foreign analogues. It is recommended for implementation into the laboratory practice of the NBC defense troops.

Practical significance of the work. The study provides the customer (NBC defense troops) with comprehensive, verified data to support an informed selection and procurement of a domestic sequencing platform, thereby contributing to reduced technological dependence. A ready-to-use protocol and reference benchmarks have been established for employing the Nanophor SPS system in the specific tasks of military laboratory diagnostics and biomonitoring.

Keywords: biological threats; vaccine virus; genomic monitoring; diagnostics; Nanophor SPS; pathogenic biological agent; platform; whole genome sequencing; next-generation sequencing; system.; Illumina

For citation: Petrov A.A., Kurochkin V.E., Alekseev Ya.I., Kwon D.A., Pavlyukov M.Yu., Kazantsev A.V., Soldatenkova M.I., Belozerov D.P., Pushkin A.A., Kутаev D.A., Borisevich S.V. Results of testing the Nanophor SPS whole-genome sequencer. *Journal of NBC Protection Corps.* 2026;10(1):64–77. EDN:nbwoqb.
<https://doi.org/10.35825/2587-5728-2026-10-1-64-77>

Financial disclosure: The authors have no financial interests in the submitted materials or methods.

Conflict of interest statement: Ya.I. Alekseev, D.A. Kwon, A.A. Pushkin are employees of Syntol LLC but had no role in the decision to publish this article. The article has undergone the journal’s established peer-review process. The authors have declared no other conflicts of interest.

AI use: The authors did not use artificial intelligence.

Funding: 48 Central Scientific Research Institute of the Ministry of Defence of the Russian Federation.

Received July 11, 2025. Revised November 1, 2025. Accepted March 27, 2026.

ВВЕДЕНИЕ

Расширенная сеть биологических лабораторий, развернутая вдоль границ Российской Федерации и КНР, требует принятия своевременных и эффективных мер биологической защиты.

Войска радиационной, химической и биологической (РХБ) защиты ВС РФ в настоящее время оснащены диагностическими наборами реагентов на основе методов амплификации нуклеиновых кислот (МАНК) для проведения биологического контроля и специфической индикации патогенных биологических агентов (ПБА), актуальных для ВС РФ. Однако сохраняется необходимость в средствах оперативного реагирования на новые биологические угрозы, обусловленные появлением неизвестных ПБА в районах дислокации российских войск [1].

Появившаяся недавно отечественная платформа «Нанофор СПС» занимает уникальную нишу среди приборов для массового параллельного секвенирования (МПС, NGS), позиционируясь как практичная система вто-

рого поколения. Она предназначена для геномного анализа и решения широкого круга задач в области функциональной геномики, токсикологии, иммунологии, физиологии, эволюционной и популяционной биологии, а также для диагностики инфекционных заболеваний на основе генотипирования.

Секвенирование нового поколения стало краеугольным камнем современной геномики. Среди множества платформ система «Нанофор СПС», представленная в 2023 году, составляет достойную конкуренцию зарубежным аналогам. Она сочетает проверенную технологию секвенирования путем синтеза (СПС, SBS) с относительно компактным дизайном и закрытым рабочим пространством, что минимизирует ручные операции. Несмотря на наличие таких зарубежных систем, как MiSeq, iSeq 100 и NextSeq 550 (Illumina, США), «Нанофор СПС» является оптимальным выбором для широкого спектра приложений – от анализа микробиома до секвенирования ампликонов возбудителей инфекций. Это особенно ак-

туально в условиях санкционного давления и необходимости обеспечения технологической независимости Российской Федерации от импортного оборудования и программного обеспечения.

Цель исследования – провести комплексную оценку эксплуатационных характеристик отечественной системы полногеномного секвенирования «Нанофор СПС» (ООО «НПФ Синтол», Россия) в сравнении с зарубежным аналогом MiSeq (Illumina, США).

Задачами данного исследования являлось:

- теоретическое обоснование экономической эффективности и применимости платформы «Нанофор СПС»;
- апробация отечественной системы полногеномного секвенирования второго поколения «Нанофор СПС»;
- определение ключевых преимуществ системы «Нанофор СПС» и оценки перспектив ее внедрения в практику войск РХБ защиты ВС РФ.

ОСНОВНАЯ ЧАСТЬ

Теоретические основы и принципы работы технологии

Данная платформа реализует технологию секвенирования путем синтеза (SBS — Sequencing by Synthesis). Этот метод основан на детекции в реальном времени последовательного включения комплементарных нуклеотидов в растущую цепь ДНК ферментом ДНК-полимеразой, иммобилизованной на поверхности проточной ячейки [2, 3].

Ключевые компоненты технологии:

- *флуоресцентно-меченые обратимо-терминированные нуклеозидтрифосфаты*: каждый тип нуклеотида (A, T, C, G) метится уникальным флуорофором и содержит химический блокирующий группу (терминатор) у 3'-конца, что позволяет добавлять только один нуклеотид за цикл;

- *обратимые терминаторы*: химические группы, временно останавливающие синтез после добавления одного нуклеотида. Их удаление («снятие блока») в конце каждого цикла делает процесс циклическим;

- *проточная ячейка*: микрофлюидная камера, на внутренней поверхности которой закреплены фрагменты анализируемой ДНК (ДНК-библиотека);

- *оптическая система*: высокоточная флуоресцентная микроскопия для возбуждения и регистрации сигнала от каждого включенного меченого нуклеотида.

Принципиальная схема технологического процесса (основные этапы):

1. *Добавление нуклеотидов и синтез*: в проточную ячейку подается смесь четырех типов флуоресцентно-меченых, обратимо-терминированных нуклеозидтрифосфатов. ДНК-полимераза последовательно присоединяет к каждой растущей цепи комплементарный нуклеотид.

2. *Считывание сигнала*: после каждого цикла включения оптическая система сканирует ячейку, определяя цвет флуоресценции (и, следовательно, тип) нуклеотида, добавленного в каждую позицию кластера ДНК.

3. *Снятие блока и удаление метки*: в ходе последующей химической стадии обратимая 3'-блокирующая группа и флуоресцентная метка удаляются с добавленного нуклеотида, подготавливая цепь к включению следующего нуклеотида в новом цикле.

4. *Повтор*: цикл повторяется. Каждый новый цикл добавляет и считывает еще один нуклеотид.

После завершения всех циклов секвенирования специализированное программное обеспечение выполняет биоинформатический анализ, преобразуя последовательность зарегистрированных флуоресцентных сигналов для каждого кластера ДНК в соответствующую строку нуклеотидов — короткое прочтение (рид)¹ [4, 5].

Для проведения комплексной оценки эксплуатационных характеристик отечественной системы «Нанофор СПС» была выполнена экспериментальная апробация. Работа включала следующие ключевые этапы: выделение геномной ДНК вируса вакцины (*Vaccinia virus*), подготовку библиотек для полногеномного секвенирования, проведение собственно секвенирования на обеих платформах, биоинформатический анализ данных и сравнительную оценку результатов, полученных на отечественной системе и ее зарубежном аналоге (платформа MiSeq компании Illumina, США).

Материалы и методы

Материалы. Научная литература, доступная через открытые отечественные и англоязычные интернет-ресурсы; системы полногеномного секвенирования «Нанофор СПС» (Синтол, Россия) и MiSeq (Illumina, США). Для апробации систем был выбран ДНК-содержащий вирус с протяженным геномом – вирус вакцины (*Vaccinia virus*),

¹ *Прочтение (рид)*; прочтенная последовательность (read, sequence read): нуклеотидная последовательность, генерируемая устройством секвенирования (ГОСТ Р ИСО 20397-2-2023. Биотехнология. Массовое параллельное секвенирование. Часть 2. Оценка качества данных секвенирования. М.: Стандартинформ; 2023. 24 с.).

штамм Б-51, депонированный в коллекции ФГБУ «48 ЦНИИ» Минобороны России.

Методы. В работе применялся экспериментальный метод полногеномного секвенирования. Проводилось выделение вирусной ДНК колоночным методом, подготовка библиотек, секвенирование и последующая биоинформатическая обработка данных. Результаты, полученные на системах «Нанофор СПС» и MiSeq, были подвергнуты сравнительному анализу.

1. Выделение ДНК. Геномную ДНК выделяли из гомогенизированной хориоаллантоисной оболочки куриных эмбрионов, инфицированных вирусом вакцины штамм Б-51 (депонирован в коллекции ФГБУ «48 ЦНИИ» Минобороны России). Для выделения использовали коммерческий набор Magen HiPure Pathogen DNA/RNA Kit (Magen, Китай) в строгом соответствии с протоколом производителя. Концентрацию и степень чистоты (соотношение A_{260}/A_{280}) полученной ДНК определяли с помощью флуориметра Qubit 4 (Thermo Fisher Scientific, США). Образцы с концентрацией не менее 1 нг/мкл и оптимальными спектрофотометрическими показателями считали пригодными для последующих этапов работы².

2. Подготовка библиотек и полногеномное секвенирование. Библиотеки для полногеномного секвенирования (WGS) были подготовлены с использованием 1 нг выделенной геномной ДНК и коммерческого набора SyntEra Library Preparation Kit (ООО «НПФ Синтол», Россия) в строгом соответствии с протоколом производителя. Индексирование и амплификация библиотек осуществлялись в ходе ПЦП с введением уникальных парных индексных последовательностей (dual index) для каждого образца. Качество сборки библиотек и распределение размеров фрагментов (с ожидаемым

пиком ~300–400 п.н.)³ контролировали методом фрагментного анализа на генетическом анализаторе «Нано-фор 05» (ООО «НПФ Синтол», Россия) согласно руководству пользователя.

Эквимолярные пулы индексированных библиотек загружали в проточную ячейку (MiSeq Reagent Kit v2, 300 cycles) и проводили секвенирование по схеме парных концов (2×150 п.н., paired-end) на системе «Нанофор СПС» (Синтол, Россия) в соответствии со стандартным протоколом. Для обеспечения достоверного анализа целевое покрытие (sequencing depth) генома вируса было установлено на уровне не менее $50\times^4$.

3. Биоинформатический анализ. Первичная обработка данных (конвертация сигналов и демультимплексирование по индексным последовательностям) выполнялась автоматически встроенным программным обеспечением секвенатора «Нанофор СПС» с последующим экспортом данных в стандартном формате FASTQ.

Предобработка данных. Качество полученных «сырых»⁵ ридов оценивали с помощью программы FastQC (v.0.11.9). Адаптерные последовательности⁶ и низкокачественные участки (с оценкой качества $Q < 20$) были обрезаны с использованием утилиты fastp (v.0.23.2) с параметрами по умолчанию⁷.

Сборка генома (de novo). Очищенные риды использовали для сборки генома *de novo* с помощью сборщика SPAdes (v.3.15.4). Контиги⁸, соответствующие геному целевого вируса, идентифицировали путем поиска гомологичных последовательностей в базе данных NCBI Nucleotide (nt) с использованием алгоритма BLASTN⁹ [7, 8].

Основные параметры полногеномного секвенатора «Нанофор СПС» согласно технической документации производителя представлены в *таблице 1*.

² IVD6672 MagPure Pathogen DNA/RNA Kit. Protocol. URL: <https://www.magen-tec.com/uploadfiles/2023%E8%AF%B4%E6%98%8E%E4%B9%A6RNA/IVD6672%20MagPure%20Pathogen%20DNARNA%20Kit.pdf> (дата обращения: 25.06.2025).

³ П.н. – пар нуклеотидов.

⁴ Nextera XT DNA Library Preparation Kit. Protocol. URL: <https://www.illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/library-prep-kits/nextera-xt-dna.html> (дата обращения: 25.06.2025).

⁵ «Сырые» риды – прочтения, полученные с прибора и не прошедшие биоинформатическую обработку.

⁶ *Последовательность адаптера; адаптер* (adapter sequence, adapter): синтетический олигонуклеотид известной последовательности, который может быть добавлен к 3' - или 5' -концам фрагмента нуклеиновой кислоты. (ГОСТ Р ИСО 20397-2-2023. Биотехнология. Массовое параллельное секвенирование. Часть 2. Оценка качества данных секвенирования. М.: Стандартинформ; 2023. 24 с.).

⁷ Bioinformatics. 2018;34(17):i884–i890. URL: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty560> (дата обращения: 25.06.2025)

⁸ *Контиг* (от англ. contiguous) представляет собой набор перекрывающихся сегментов ДНК, которые в совокупности представляют собой консенсусную область ДНК [6].

⁹ NCBI BLAST. URL: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov> (дата обращения: 25.06.2025).

Таблица 1. Основные параметры полногеномного секвенатора «Нанофор СПС»
Table 1. Main parameters of the Nanophor SPS whole genome sequencer

Параметр / Parameter	Значение / Value
Количество одноконцевых прочтений (ОП) / Number of single-end reads (SE)	>15 млн / >15 mln
PF(Post Filter)-кластеры / PF(Post Filter) clusters	99 %
Максимальная длина чтений / Maximum length of reads	2×250
Время работы / Working time	До 60 часов / Up to 60 hours
Формат выходных данных / Output data format	bcl, fastq / bcl, fastq
Максимальный выход / Maximum output	>15 гигабайт / >15 gigabyte
<p>Примечание. Таблица составлена по данным производителя (Пушкин АА. Отечественные разработки в области секвенирования ДНК. Научно-практическая конференция «Молекулярная диагностика в онкологии»; 2025. URL: https://kld-service.ru/wp-content/uploads/2025/03/Пушкин-АА_ННМО2025_Синтол.pdf; дата обращения: 25.06.2025).</p> <p>Note. The table is compiled based on the manufacturer's data (Pushkin AA. Domestic developments in the field of DNA sequencing. Scientific and practical conference «Molecular diagnostics in oncology»; 2025. URL: https://kld-service.ru/wp-content/uploads/2025/03/Пушкин-АА_ННМО2025_Синтол.pdf; accessed: 25.06.2025).</p>	

Критерии оценки платформы

Оценка платформы «Нанофор СПС» проводилась по трем ключевым критериям: производительность, надежность и экономическая эффективность.

- **Производительность** определялась как объем выходных данных (гигабайты или количество ридов), генерируемых платформой за один полный цикл работы (run).

- **Надежность** оценивалась на основе стабильности работы, частоты технических сбоев и сложности стандартных операций по обслуживанию и устранению неполадок.

- **Экономическая эффективность** рассчитывалась с учетом следующих параметров:

стоимость за запуск (cost per run): ключевой показатель для сравнительного анализа, включающий стоимость всех реагентов и расходных материалов, необходимых для одного цикла секвенирования;

капитальные затраты (capital expenditure, CAPEX): первоначальная стоимость приобретения оборудования;

операционные затраты (operational expenditure, OPEX): регулярные расходы на

техническое обслуживание, сервисные контракты, потребление электроэнергии и обучение персонала.

Результаты полногеномного секвенирования и сборки

В результате полногеномного секвенирования ДНК вируса вакцины (штамм Б-51) на платформе «Нанофор СПС» было получено 5 183 774 парных ридов (2×150 п.н.). Контроль качества с помощью FastQC подтвердил высокое качество данных: более 95 % оснований имели показатель качества Q>30. После процедуры обрезки адаптеров и фильтрации по качеству с помощью fastp для последующего анализа было сохранено 4 960 271 рид (95,7 % от исходных данных).

De novo сборка очищенных ридов с использованием SPAdes позволила реконструировать полную геномную последовательность. Сборка была представлена единственным линейным контигом длиной 160 711 пар оснований со средним покрытием (depth of coverage) 300×. Оценка статистики сборки с помощью QUAST показала ее высокое качество и полноту: значение N50 составило 160 711 п.н., что соответствует полной длине реконструированного генома (таблица 2).

Таблица 2. Результаты сборки генома вируса вакцины
Table 2. Results of assembling the genome of a DNA-containing virus

Параметр / Parameter	Значение / Value
Общее количество прочтений после обработки / Total number of reads after processing	10367548
Общая длина сборки / Total assembly length	160711
Количество контигов / Number of contigs	1
Размер наибольшего контига (п.н.) / Largest contig size (bp)	160711
Среднее покрытие (×) / Average coverage (×)	300
% GC / % GC	54,2
<p>Примечание. Таблица составлена на основании данных авторов с использованием ГОСТ Р ИСО 20397-2-2023. Биотехнология. Массовое параллельное секвенирование. Часть 2. Оценка качества данных секвенирования. М.: Стандартинформ; 2023. 24 с.</p> <p>Note. The table is based on the authors' data using GOST R ISO 20397-2-2023. Biotechnology. Massively parallel sequencing. Part 2. Sequencing data quality assessment. Moscow: Standardinform; 2023. 24 p.</p>	

Результаты биоинформатического анализа и сравнения

Качество данных секвенирования оценивали по трем ключевым параметрам, стандартным для анализа NGS-данных:

- распределение показателей качества оснований (per base sequence quality): доля оснований с показателем Phred (Q) > 30 в прямых (R1) и обратных (R2) ридах (рисунки 1);
- общее качество ридов (per sequence quality scores): интегральная оценка качества для каждого рида в парах R1 и R2 (рисунки 2);

- содержание неопределенных оснований (per base N content): процент неидентифицированных нуклеотидов (обозначаемых «N») в каждой позиции для ридов R1 и R2 (рисунки 3).

Результаты, представленные на рисунках 1–3, демонстрируют, что основная масса нуклеотидных оснований (per-base quality) имеет показатель качества Phred (Q) выше 30, со средними значениями в диапазоне 34–36. Данный уровень качества соответствует точности определения основания >99.9 %

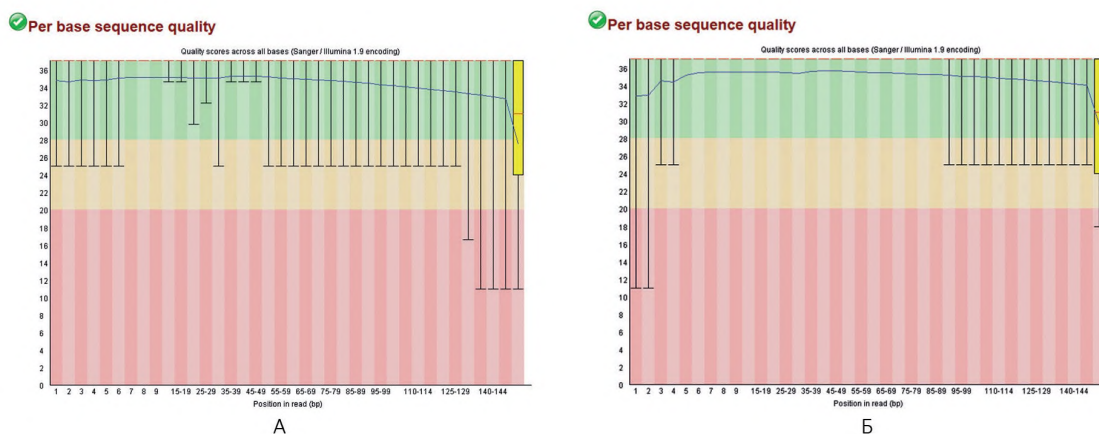


Рисунок 1. Качество нуклеотидных оснований в прямых и обратных ридах по результатам полногеномного секвенирования. А – Распределение показателей качества (Q-score > 30) по позициям в прямых ридах (R1). Б – Распределение показателей качества (Q-score > 30) по позициям в обратных ридах (R2). Данные авторов
Figure 1. Per-base sequence quality scores for forward and reverse reads from whole-genome sequencing. A, Distribution of per-base quality scores with Phred quality Q > 30 for forward reads (R1). Б, Distribution of per-base quality scores with Phred quality Q > 30 for reverse reads (R2). Author's data

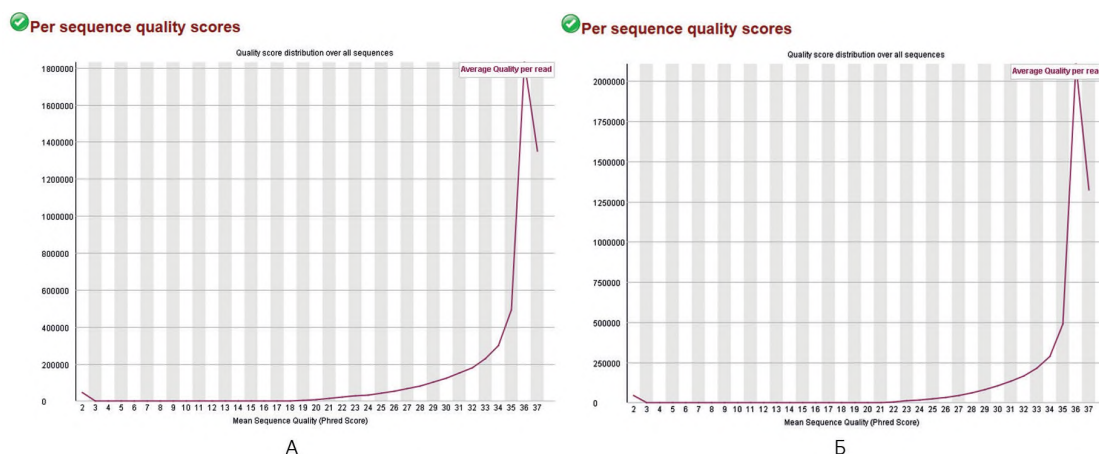


Рисунок 2. Распределение среднего качества ридов (per-sequence quality scores). А – Прямые риды (R1). Б – Обратные риды (R2). Данные авторов
Figure 2. Distribution of per-sequence mean quality scores. A, Forward reads (R1). Б, Reverse reads (R2). Source: author's data

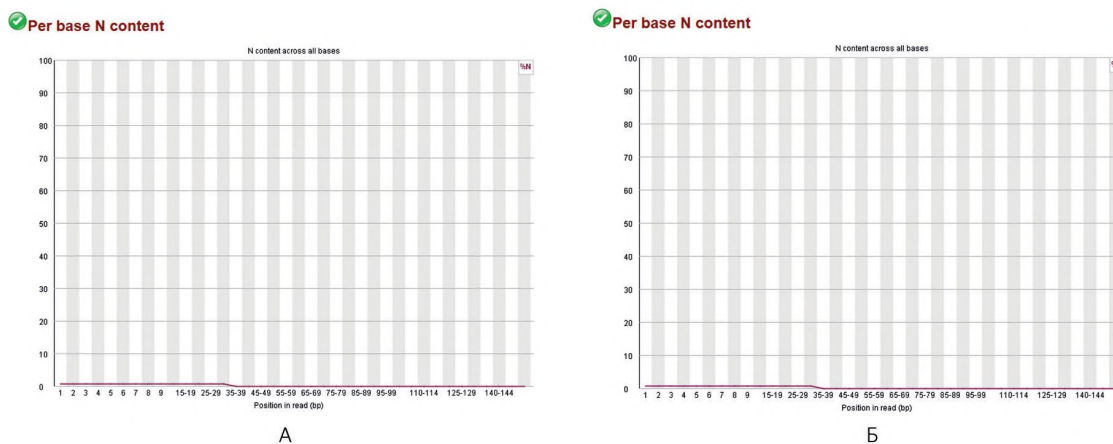


Рисунок 3. Содержание неопределённых оснований (N) в прямых и обратных ридах. А - Прямые риды (R1). Б - Обратные риды (R2). Данные авторов
Figure 3. Per-base content of ambiguous nucleotides (N). A, Forward reads (R1). B, Reverse reads (R2). Source: author's data

(вероятность ошибки < 0.1%, или 1 к 1000), что является индикатором высокого качества полученных данных секвенирования.

Сравнительный анализ доли оснований с Q>20 и Q>30 для систем «Нанофор СПС» (Россия) и MiSeq (Illumina, США) представлен на рисунке 4.

Обсуждение результатов

Проведенная апробация отечественной системы полногеномного секвенирования

второго поколения «Нанофор СПС» позволила выявить ее ключевые конкурентные преимущества.

1. Универсальность и гибкость. Система поддерживает широкий спектр протоколов подготовки библиотек и длин прочтения, что делает ее эффективной платформой для независимого и оперативного геномного мониторинга биологических угроз. Это имеет ключевое значение для совершенствования лабораторной диагностики патогенных био-

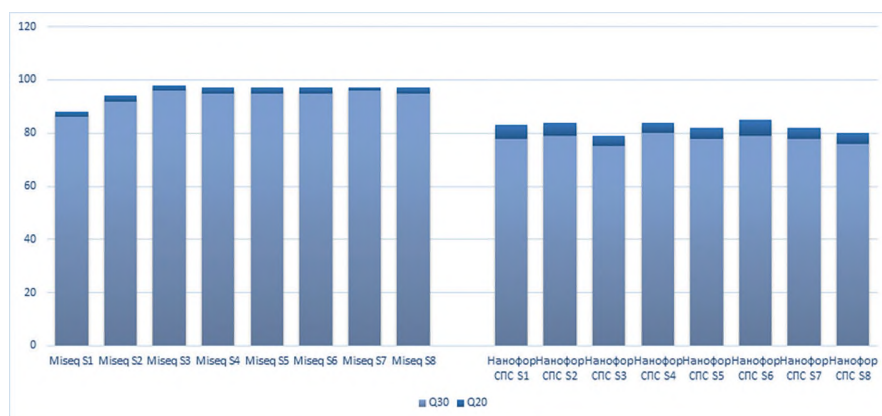


Рисунок 4. Сравнение платформ «Нанофор СПС» и MiSeq по доле высококачественных оснований. На диаграмме представлена доля нуклеотидных оснований с показателем качества Phred выше порогов Q>20 и Q>30 для восьми проанализированных образцов (S1–S8), полученных при параллельном секвенировании на системах «Нанофор СПС» (Россия) и MiSeq (Illumina, США). Рисунок подготовлен авторами

Figure 4. Comparison of the Nanophor SPS and MiSeq platforms based on the proportion of high-quality bases. The chart displays the percentage of nucleotide bases with a Phred quality score above the thresholds of Q>20 and Q>30 for eight analyzed samples (S1–S8). The data were obtained from parallel sequencing runs on the Nanophor SPS (Russia) and MiSeq (Illumina, USA) systems. Figure created by the authors

логических агентов (ПБА) в рамках системы войск РХБ защиты ВС РФ.

2. Надежность и воспроизводимость. Стабильно высокие показатели качества данных (доля оснований с $Q>30$) (рисунок 1) и предсказуемый выход данных между запусками обеспечивают точное планирование экспериментов и эффективное мультиплексирование образцов.

3. Экономическая эффективность. Стоимость владения и эксплуатации системы «Нанофор СПС» является конкурентоспособной по сравнению с зарубежными аналогами, такими как MiSeq, MiniSeq, iSeq 100 (Illumina, США) и DNBSEQ-G50 (MGI, Китай).

В результате проведенных экспериментов были получены детальные эксплуатационные характеристики системы (таблица 3). Установлено, что платформа «Нанофор СПС» обеспечивает корректную *de novo* сборку геномов значительного размера. В ходе работы был реконструирован полный геном вируса вакцины длиной более 160 тыс. пар оснований, что подтверждает достаточную глубину покрытия и высокую точность секвенирования. Для многих ДНК-содержащих вирусов характерны протяженные геномы, требующие от платформы стабильной работы на длинных циклах и поддержки надежных алгоритмов сборки [3]. Полученные результаты демон-

стрируют универсальность системы «Нанофор СПС» и ее применимость как для анализа ампликонов и бактериальных геномов, так и для полногеномного секвенирования крупных вирусных геномов [3], что обеспечивает функциональную сопоставимость с ведущими зарубежными аналогами.

Успешный запуск системы, соответствие выходных данных установленным стандартам качества и достижение поставленных экспериментальных целей подтверждают надежность аппаратно-программного комплекса «Нанофор СПС» и успешное прохождение им комплексной апробации [3].

Перспективы развития и актуальность применения в войска РХБ защиты

Проведенная апробация подтверждает, что система «Нанофор СПС» соответствует ключевым современным трендам в области секвенирования нового поколения (NGS), что определяет ее высокую актуальность и перспективы для применения в войсках РХБ защиты.

1. Массовый скрининг и рентабельность. NGS-платформы второго поколения, к которым относится «Нанофор СПС», остаются оптимальным решением для масштабных задач, таких как эпидемиологический мониторинг или скрининг окружающей среды на наличие патогенов. Экономическая эффективность прибора подтверждена его сравнением с аналогичными характеристиками систем зарубежного производства (Illumina, США) по параметрам, приведенным в таблице 4. Способность генерировать большие объемы точных данных при низкой удельной стоимости на образец делает эту технологию идеальной для анализа тысяч проб в рамках программ биобезопасности.

2. Высокая точность как «золотой стандарт». Для задач точной идентификации и дифференциальной диагностики ПБА, а также для валидации результатов, полученных другими методами, NGS-платформы второго поколения служат основным или подтверждающим методом, обеспечивая необходимую надежность в принятии решений.

3. Интеграция с искусственным интеллектом. Развитие методов биоинформатики и внедрение алгоритмов искусственного интеллекта (ИИ) и машинного обучения открывают перспективы для автоматизированной интерпретации данных секвенирования. Это позволит оперативно оценивать патогенетический потенциал, предсказывать устойчивость к средствам лечения (например, антибиотикам) и выявлять генетические маркеры

Таблица 3. Результаты апробации прибора «Нанофор СПС»

Table 3. Results of approbation the Nanophor SPS device

Параметр / Parameter	Значение / Value
Общее количество прочтений после обработки / Total number of reads after processing	10367548
Общая длина сборки / Total assembly length	160711
Размер наибольшего контига (п.н.) / Largest contig size (bp)	160711
$Q>30$	32-34
Среднее покрытие (x) / Average coverage (x)	300

Примечание.

Таблица составлена на основании данных авторов с использованием ГОСТ Р ИСО 20397-2-2023. Биотехнология. Массовое параллельное секвенирование. Часть 2. Оценка качества данных секвенирования. М.: Стандартиформ; 2023. 24 с.

Note.

The table is based on the authors' data using GOST R ISO 20397-2-2023. Biotechnology. Massively parallel sequencing. Part 2. Sequencing data quality assessment. Moscow: Standartinform; 2023. 24 p.

Таблица 4. Результаты апробации прибора «Нанофор СПС»
Table 4. Results of approbation the Nanophor SPS device

Параметр / Parameter	«Нанофор СПС» (Синтол, Россия) / Nanophor SPS (Syntol, Russia)	MiSeq (Illumina, США) / MiSeq (Illumina, USA)
Стоимость за один запуск, тыс. руб. / Cost per one launch, thousand rubles	400	900
Капитальные затраты, тыс. руб. / Capital expenditures, thousand rubles	13000	18000
Операционные затраты (на один год), тыс. руб. / Operating expenses, thousand rubles (per one year)	1300	2000
Итого, тыс. руб. / Total, thousand rubles	14700	20900
Среднее покрытие (x) / Average coverage (x)	300	300
Примечание. Таблица составлена на основании данных авторов. Note. The table is based on the authors' data.		

вирулентности, интегрируя геномные данные с эпидемиологической информацией [9].

4. Симбиоз с технологиями длинного прочтения. Для анализа сложных геномов или отслеживания путей передачи патогенов (филогенетический анализ) данные с платформ второго поколения могут эффективно дополняться длинными прочтениями (third-generation sequencing). Короткие, но точные риды с «Нанофор СПС» идеально подходят для верификации и коррекции сборок, выполненных по длинным ридам, но более подверженным ошибкам прочтениям [9, 10].

Система «Нанофор СПС» не только отвечает текущим потребностям в надежном и экономичном геномном анализе, но и встраивается в перспективную технологическую экосистему, что обеспечивает ее долгосрочную значимость для задач биологической защиты.

ВЫВОДЫ

На основании проведенной комплексной апробации отечественной платформы «Нанофор СПС» сформулированы следующие выводы:

1. Платформа «Нанофор СПС» обеспечивает высокое качество данных полногеномного секвенирования: более 95 % нуклеотидных оснований имеют показатель качества Phred Q>30, что соответствует точности определения основания >99,9 %.

2. Система демонстрирует достаточную мощность для сборки крупных геномов. На примере вируса вакцины была выполнена *de novo* сборка полного генома (один линей-

ный контиг длиной 160 711 п.н.) со средним покрытием ~300x, что подтверждает высокую точность и глубину секвенирования.

3. Эксплуатационные характеристики платформы (пропускная способность ~10–15 Гб за запуск, поддержка мультиплексирования образцов) делают ее практичным инструментом для решения разнообразных задач в области геномного анализа.

4. Ключевыми конкурентными преимуществами системы «Нанофор СПС» являются ее универсальность (поддержка широкого спектра протоколов) и экономическая эффективность. Сравнительный анализ показывает, что стоимость запуска, капитальные и операционные затраты для данной платформы существенно ниже, чем у сопоставимых зарубежных аналогов (таких как системы Illumina, США).

Таким образом, отечественная система полногеномного секвенирования «Нанофор СПС» подтвердила статус надежной, универсальной и экономически эффективной платформы, соответствующей современным требованиям. На основании полученных результатов система рекомендована к внедрению в практику научно-исследовательских, диагностических и образовательных учреждений в рамках РХБ защиты ВС РФ, где приоритетными являются оперативность, доступность и технологическая независимость.

Практическая значимость работы

Определяется следующими аспектами. Система предоставляет заказчику (войскам

РХБЗ) комплексные и верифицированные данные для обоснованного выбора и закупки отечественной платформы секвенирования, снижая технологическую зависимость от

Запада. Сформирован готовый протокол и референсные показатели для использования системы «Нанофор СПС» в специфических задачах войск РХБ защиты.

Ограничения исследования / Limitations of the study

Апробация проводилась на одном типе биологического материала – ДНК крупного вируса (вирус вакцины). Хотя это демонстрирует работу с протяженным геномом, для всесторонней оценки необходимы испытания на более широкой панели мишеней, включая РНК-вирусы, бактериальные геномы с различным % GC-составом, метагеномные пробы и образцы с низким содержанием ДНК, что является типичным для полевых условий. Работа выполнялась в оптимальных лабораторных условиях. Не оценивалась устойчивость работы системы «Нанофор СПС» к потенциальным сложностям эксплуатации в полевых или мобильных лабораториях войск РХБ защиты (например, к перепадам температуры, вибрации, работе от альтернативных источников питания, упрощенным протоколам пробоподготовки). Сравнительный анализ проводился преимущественно с одной зарубежной платформой (Illumina MiSeq). Для более полной картины конкурентного ландшафта было бы целесообразно включить в сравнение другие современные платформы, включая системы на основе синтеза (например, NextSeq) и нанопорового секвенирования (Oxford Nanopore), особенно с точки зрения скорости получения первичных данных и портативности. Исследование охватывает ограниченное количество запусков. Для полной оценки надежности (reliability) и воспроизводимости (reproducibility) системы, а также для прогнозирования затрат на обслуживание, необходимы долгосрочные эксплуатационные данные, накопленные в течение сотен циклов секвенирования. Основное внимание уделено технико-экономическим характеристикам. Менее изученными остаются вопросы интеграции системы в существующие цифровые контуры и стандарты отчетности войск РХБ защиты, включая совместимость программного обеспечения с ведомственными базами данных, автоматизацию формирования отчетов и требования по кибербезопасности. / The validation was performed using a single type of biological material – DNA from a large virus (Vaccinia virus). While this demonstrates the platform's capability to handle extensive genomes, a comprehensive assessment requires testing against a broader panel of targets. This should include RNA viruses, bacterial genomes with varying GC content, metagenomic samples, and specimens with low DNA input, which are typical for field conditions. The study was conducted under optimal laboratory settings. The resilience of the Nanophor SPS system to potential operational challenges in field or mobile laboratories of the NBC (Nuclear, Biological, Chemical) defense troops was not evaluated. Such challenges include temperature fluctuations, vibration, operation from alternative power sources, and the use of simplified sample preparation protocols. The comparative analysis was primarily conducted against a single foreign platform (Illumina MiSeq). To provide a more complete picture of the competitive landscape, it would be advisable to include other modern platforms in the comparison. These include other sequencing-by-synthesis systems (e.g., NextSeq) and nanopore sequencing technology (Oxford Nanopore), particularly from the perspective of time-to-first-data and portability. The research encompassed a limited number of sequencing runs. For a full assessment of the system's reliability and reproducibility, as well as for accurate forecasting of maintenance costs, long-term operational data accumulated over hundreds of sequencing cycles is necessary. The primary focus of this study was on technical and economic characteristics. Less explored remain the questions of integrating the system into the existing digital frameworks and reporting standards of the NBC defense troops. This includes software compatibility with departmental databases, automation of report generation, and cybersecurity requirements.

Список источников / References

- Петров АА, Казанцев АВ, Ковальчук ЕА, Павлюков МЮ, Сапкулов АВ, Кутаев ДА, Борисевич СВ. Современные аппаратные и программные решения для полногеномного секвенирования, перспективы их внедрения в практику войск радиационной, химической и биологической защиты Вооруженных Сил Российской Федерации. *Вестник войск РХБ защиты*. 2024;8(2):164–175. EDN: obanjc. <https://doi.org/10.35825/2587-5728-2024-8-2-164-175>
 Petrov AA, Kazantsev AV, Kovalchuk EA, Pavlyukov MYu, Sapkulov AV, Kutaev DA, Borisevich SV. Modern Hardware and Software Solutions for Whole-Genome Sequencing, Prospects of Their Implementation in the Practice of Nuclear, Chemical and Biological Protection Troops of the Armed Forces of the Russian Federation. *Journal of NBC Protection Corps*. 2024;8(2):164-175. (In Russ.). <https://doi.org/10.35825/2587-5728-2024-8-2-164-175>
- Goodwin S, McPherson JD, McCombie WR. Coming of age: Ten years of next-generation sequencing technologies. *Nature Reviews Genetics*. 2016;17(6):333–351. <https://doi.org/10.1038/nrg.2016.49>

3. Алексеев ЯИ, Петров АИ, Чубинский-Надеждин ИВ, Резник ВС, Никаноров ВВ, Пушкин АА и др. Первый отечественный прибор для массового параллельного секвенирования ДНК Нанофор СПС. *Biomics*. 2025;17(2):121-32.
<https://doi.org/10.31301/2221-6197.bmcs.2025-9>
Alekshev YaI, Petrov AI, Chubinsky-Nadezhdin IV, Reznik VS, Nikanorov VV, Pushkin AA, et al. The first domestic device for massive parallel DNA sequencing Nanophore SPS. *Biomics*. 2025;17(2):121-32 (In Russ.).
<https://doi.org/10.31301/2221-6197.bmcs.2025-9>
4. Манойлов ВВ, Бородинов АГ, Сараев АС, Петров АИ, Заруцкий ИВ, Курочкин ВЕ. Алгоритмы обработки изображений в секвенаторе ДНК «Нанофор СПС». *Журнал технической физики*. 2022;92(7):985–992.
<https://doi.org/10.21883/JTF.2022.07.52655.318-21>
Manoilov VV, Borodinov AG, Saraev AS, Petrov AI, Zarutsky IV, Kurochkin VE. Image processing algorithms in the DNA sequencer Nanophor SPS. *Technical Physics*. 2022;92(7):985–92 (In Russ.).
<https://doi.org/10.21883/JTF.2022.07.52655.318-21>
5. Mardis ER. Next-generation DNA sequencing methods. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*. 2008;9:387–402.
<https://doi.org/10.1146/annurev.genom.9.081307.164359>
6. Ravi RK, Walton K, Khosroheidari M. MiSeq: A Next Generation Sequencing Platform for Genomic Analysis. *Methods Mol Biol*. 2018;1706:223–32.
https://doi.org/10.1007/978-1-4939-7471-9_12
7. Gregory SG. Contig Assembly. *Encyclopedia of Life Sciences*. Chichester: John Wiley & Sons, Ltd; 2005.
<https://doi.org/10.1038/npg.els.0005365>
8. Bankevich A, Nurk S, Antipov D, Gurevich AA, Dvorkin M, Kulikov AS, et al. SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing. *J Comput Biol*. 2012;19(5):455–77.
<https://doi.org/10.1089/cmb.2012.0021>
9. Katoh K, Standley DM. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Mol Biol Evol*. 2013;30(4):772–80.
<https://doi.org/10.1093/molbev/mst010>
10. Манойлов ВВ, Бородинов АГ, Заруцкий ИВ, Петров АИ, Сараев АС, Курочкин ВЕ. Алгоритмы первичного анализа локальных объектов флуоресценции в секвенаторе ДНК «Нанофор СПС». *Информатика и автоматизация*. 2024; 23(4):989–1021.
<https://doi.org/10.15622/ia.23.4.3>
Manoilov VV, Borodinov AG, Zarutsky IV, Petrov AI, Saraev AS, Kurochkin VE. Algorithms for the primary analysis of local fluorescence objects in the Nanophor SPS DNA sequencer. *Informatics and automation*. 2024; 23(4):989–1021 (In Russ.).
<https://doi.org/10.15622/ia.23.4.3>
11. Jain M, Koren S, Miga KH, Quick J, Rand AC, Sasani TA, et al. Nanopore sequencing and assembly of a human genome with ultra-long reads. *Nature Biotechnology*. 2018;36(4):338–345.
<https://doi.org/10.1038/nbt.4060>

Вклад авторов / Authors' contributions

Все авторы подтверждают соответствие своего авторства критериям ICMJE. Наибольший вклад распределен следующим образом: **А.А. Петров** – формирование концепции статьи, написание текста рукописи, критическое обсуждение текста рукописи; **В.Е. Курочкин** – редактирование текста рукописи, критическое обсуждение текста рукописи; **Я.И. Алексеев** – сбор и анализ данных научной литературы, переработка текста рукописи; **Д.А. Квон** – критическое обсуждение текста рукописи, переработка текста рукописи; **М.Ю. Павлюков** – выделение ДНК, подготовка библиотек и полногеномное секвенирование; **А.В. Казанцев** – сбор и анализ данных научной литературы, переработка текста рукописи; **М.И. Солдатенкова** – подготовка материалов для статьи по методам секвенирования, обработка данных секвенирования; **Д.П. Белозеров** – визуализация и систематизация данных секвенирования, оформление рисунков и таблиц; **А.А. Пушкин** – обработка данных секвенирования, критическое обсуждение текста рукописи; **Д.А. Кутаев** – редактирование текста рукописи, критическое обсуждение текста рукописи; **С.В. Борисевич** – окончательное утверждение рукописи. / All authors confirm that their authorship meets the ICMJE criteria. The largest contribution is distributed as follows: **A.A. Petrov** – development of the article concept, writing the manuscript text, critical discussion of the manuscript text; **V.E. Kurochkin** – editing the manuscript, critical discussion of the manuscript text; **Y.I. Alekshev** – collection and analysis of scientific literature data, revision of the manuscript text; **D.A. Kwon** – critical discussion of the manuscript text, revision of the manuscript text; **M.Y. Pavlyukov** – DNA extraction, library preparation, and whole-genome sequencing; **A.V. Kazantsev** – collection and analysis of scientific literature data, revision of the manuscript text; **M.I. Soldatenkova** – preparation of

materials for the article on sequencing methods, sequencing data processing; **D.P. Belozero**v – visualization and systematization of sequencing data, design of figures and tables; **A.A. Pushkin** – sequencing data processing, critical discussion of the manuscript text; **D.A. Kutaev** – editing the manuscript, critical discussion of the manuscript text; **S.V. Borisevich** – final approval of the manuscript.

Сведения о рецензировании / Peer review information

Статья прошла двустороннее анонимное «слепое» рецензирование двумя рецензентами, специалистами в данной области. Рецензии находятся в редакции журнала и в РИНЦе. / The article has been doubleblind peer reviewed by two experts in the respective field. Peer reviews are available from the Editorial Board and from Russian Science Citation Index database.

Об авторах/ Authors

Федеральное государственное бюджетное учреждение «48 Центральный научно-исследовательский институт» Министерства обороны Российской Федерации, 141306, Российская Федерация, г. Сергиев Посад-6, ул. Октябрьская, д. 11.

Петров Александр Анатольевич. Начальник научно-исследовательского управления, д-р мед. наук.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9714-2085>

Павлюков Михаил Юрьевич. Старший научный сотрудник.

ORCID: <https://orcid.org/0009-0003-0150-0998>

Казанцев Алексей Васильевич. Старший научный сотрудник.

Солдатенкова Мария Игоревна. Младший научный сотрудник.

ORCID: <https://orcid.org/0009-0003-7760-6019>

Белозеров Денис Петрович. Старший научный сотрудник.

ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-1858-8689>

Кутаев Дмитрий Анатольевич. Заместитель начальника ФГБУ «48 ЦНИИ» Минобороны России по научной работе, канд. биол. наук.

Борисевич Сергей Владимирович. Начальник ФГБУ «48 ЦНИИ» Минобороны России, д-р биол. наук, профессор, академик РАН.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6742-3919>

Институт аналитического приборостроения Российской академии наук, 198095, Российская Федерация, г. Санкт-Петербург, ул. Ивана Черных, 31-33, лит. А

Курочкин Владимир Ефимович. Руководитель научного направления «Методы и приборы генетического анализа» ИАП РАН, д-р тех. наук, профессор.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8743-9507>

Алексеев Яков Игоревич. Ведущий научный сотрудник, канд. биол. наук.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1696-7684>

Пушкин Антон Андреевич. Старший научный сотрудник.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2385-6285>

Общество с ограниченной ответственностью «Научно-производственная фирма Синтол», 125499, Российская Федерация, г. Москва, Кронштадтский бульвар, д. 39, корп. 1, помещ. I ком. 43/рм 12-3.

Квон Дмитрий Аркадьевич. Старший научный сотрудник

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4039-2665>

Алексеев Яков Игоревич. Научный директор, канд. биол. наук.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1696-7684>

Контактная информация для всех авторов: 48cnii@mil.ru
Контактное лицо: Борисевич Сергей Владимирович; 48cnii@mil.ru

48 Central Research Institute of the Ministry of Defence of the Russian Federation, Oktyabrskaya St., 11, Sergiev Posad-6 141306, Russian Federation.

Aleksandr A. Petrov. Head of Research Department, Dr Sci. (Med.).

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9714-2085>

Mikhail Y. Pavlyukov. Senior Researcher.

ORCID: <https://orcid.org/0009-0003-0150-0998>

Aleksey V. Kazantsev. Senior Researcher.

Maria I. Soldatenkova. Junior researcher.

ORCID: <https://orcid.org/0009-0003-7760-6019>

Denis P. Belozеров. Senior Researcher.

ORCID: 0009-0008-1858-8689

Dmitriy A. Kutaev. Deputy of Head of 48 Central Research Institute of the Ministry of Defence of the Russian Federation on scientific research, Cand. Sci. (Biol).

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4236-1368>

Sergey V. Borisevich. Head of 48 Central Research Institute of the Ministry of Defence of the Russian Federation, Academician of Russian Academy of Sciences, Dr Sci. (Biol.), Professor.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6742-3919>

Institute for Analytical Instrumentation of RAS, Ivana Chernykh St., 31-33, lit. A, St. Petersburg 198095, Russian Federation.

Vladimir E. Kurochkin. Head of the Research Department “Methods and Instruments for Genetic Analysis” at the Institute of Analytical Problems of the Russian Academy of Sciences, Dr Sci. (Tech.), Professor.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8743-9507>

Yakov I. Alekseev. Leading Researcher. Cand. Sci. (Biol).

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1696-7684>

Anton A. Pushkin. Senior Researcher.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2385-6285>

Syntol LLC, Kronshtadtskii, 39, 1, I Kom. 43/Rm 12-3, Moscow 125499, Russian Federation.

Dmitry A. Kwon. Senior Researcher.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4039-2665>

Yakov I. Alekseev. Scientific Director of Syntol LLC Cand. Sci. (Biol).

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1696-7684>

Contact information for all authors: 48cnii@mil.ru

Contact person: Sergey V. Borisevich; 48cnii@mil.ru