

## ГЕТЕРОГЕННОСТЬ ПЛАЗМИД МОЛЕКУЛЯРНОЙ МАССОЙ 2,3 МДа В ШТАММАХ *Salmonella enteritidis*

Алексей Владимирович РАКОВ, Феликс Николаевич ШУБИН,  
Наталья Анатольевна КУЗНЕЦОВА, Алина Сергеевна СОЛОВЬЕВА

НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Г.П. Сомова  
690087, г. Владивосток, ул. Сельская, 1

Цель исследования – изучить плазмиды с молекулярной массой 2,3 МДа (3609 пар оснований), а также их распространение в штаммах *Salmonella enteritidis*, изолированных из различных экологических источников в разное время на территории Российской Федерации. **Материал и методы.** Выполнено ПЦР-типирование 33 штаммов *S. enteritidis*, выделенных за период с 1995 по 2017 г., содержащих описанную нами ранее в штаммах микроба плазмиду молекулярной массой 2,3 МДа. **Результаты и их обсуждение.** Данная плазида была впервые секвенирована нами. Показано ее родство представленной в GenBank плазмиде из штамма *S. typhimurium* CFSAN001921, описанной в США. Установлено, что плазида р2.3 в течение 23 лет присутствует в штаммах *S. enteritidis*, изолированных от больных и пищевых продуктов на административных территориях большинства субъектов РФ. Кроме того, показано, что плазида р2.3 может быть гетерогенной по нуклеотидному составу. **Заключение.** Учитывая, что плазида р2.3 выделена от больных в США, а исследованные нами штаммы – от больных и из продуктов животного происхождения в России, можно полагать, что ареал распространения данной плазмиды носит трансконтинентальный характер.

**Ключевые слова:** *Salmonella enteritidis*, плазида р2.3, плазмидный анализ, полимеразная цепная реакция.

Сальмонеллезная инфекция распространена во всех странах мира, причем в последние сорок лет вспышки этой болезни участились, а спорадическая заболеваемость не имеет тенденции к снижению. Сальмонеллез занимает первое место в структуре острых кишечных инфекций, вызываемых бактериями. В большинстве стран мира ведущее значение в заболеваемости сальмонеллезом имеет *Salmonella enterica* подвид *enterica* серовар *enteritidis* (*S. enteritidis*).

Для внутривидовой дифференциации сальмонелл используются методы, основанные на исследовании плазмидной и хромосомной ДНК [22]. К первой группе методов относятся плазмидный и рестрикционный анализы плазмидных ДНК [17, 22], вторая группа включает риботипирование [12], IS200- [22] и RAPD-типирование [19], электрофорез в пульсирующем поле [22] и MLVA [14] и MLST [11]. При исследовании *S. enteritidis* методами второй группы, в отличие от других сероваров сальмонелл, была показана высокая клональность популяции микроба [20]. Относительная дороговизна и низкая разрешающая способность для *S. enteritidis* ограничивают

распространение данной группы методов. Поэтому в эпидемиологических исследованиях часто применяется метод плазмидного анализа [5, 15, 16], который позволяет дифференцировать бактерии внутри одного серовара по содержанию имеющихся в них мобильных генетических элементов – плазмид. Каждый отличающийся набор плазмид называется плазмидным типом, большое разнообразие которых характерно для *S. enteritidis* [5, 13, 16–18]. Плазмидный анализ для типирования сальмонелл характеризуется хорошей воспроизводимостью результатов, достаточной разрешающей силой, сравнительной легкостью выполнения и интерпретации полученных данных, а плазмиды содержатся у 95 % штаммов сальмонелл [5, 16]. Показана устойчивость наследования плазмид в штаммах *S. enteritidis* на протяжении длительного периода наблюдений [5, 17]. Однако некоторые исследователи утверждали, что плазмиды, являясь мобильными генетическими элементами, могут утрачиваться, приобретаться и передаваться от сальмонелл и обратно к другим видам семейства Enterobacteriaceae [7, 21].

Раков А.В. – к.м.н., старший научный сотрудник, e-mail: alexeyrakov@mail.ru

Шубин Ф.Н. – д.м.н., проф., главный научный сотрудник, e-mail: shubin@inbox.ru

Кузнецова Н.А. – к.м.н., старший научный сотрудник, e-mail: kuznetsovanata@mail.ru

Соловьева А.С. – младший научный сотрудник, e-mail: dj\_svet8525@mail.ru

Все плазмиды по молекулярной массе условно можно разделить на высоко- (свыше 10 МДа) и низкомолекулярные (менее 10 МДа). К высокомолекулярным плазмидам относятся, например, плазида вирулентности массой 38 МДа (59372 пары оснований (п. о.)), встречающаяся у большинства штаммов *S. enteritidis* [3, 8, 9], и плазмиды антибиотикорезистентности, которые у *S. enteritidis* выявляются редко [5, 17]. Наибольший интерес представляют низкомолекулярные плазмиды, которые могут играть роль эпидемиологических маркеров возбудителя [5, 16, 17]. Одной из них является небольшая плазида молекулярной массой 2,3 МДа (3609 п. о.) [5]. Данная плазида исследована нами методом рестрикционного анализа с использованием эндонуклеазы рестрикции TaqI, показан ее одинаковый рестрикционный профиль как в составе плазмидного типа 38 : 2,3 МДа, так и в штаммах микроба, содержащих единственную плазмиду 2,3 МДа (3609 п. о.) [5]. Ранее проведенные нами исследования плазмиды рJ с массой 1,4 МДа (2096 п. о.) установили их идентичность и трансконтинентальное распространение штаммов *S. enteritidis*, содержащих данную плазмиду [4]. В настоящей работе подобным образом изучена следующая по встречаемости в штаммах *S. enteritidis* плазида с молекулярной массой 2,3 МДа.

Целью настоящего исследования являлось сравнительное изучение плазмид с молекулярной массой 2,3 МДа (3609 п. о.), а также их распространение в штаммах *S. enteritidis*, изолированных из различных экологических источников в разное время на территории Российской Федерации.

#### МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Для исследования отобрано 33 штамма *S. enteritidis*, содержащих плазмиду с молекулярной массой 2,3 МДа (3609 п. о.), что было выявлено путем плазмидного анализа. Штаммы выделены от больных (31 штамм) и из пищевых продуктов предприятий промышленного птицеводства (куры) в розничной торговле (2 штамма) в период с 1995 по 2017 г. в Приморском (12 штаммов), Хабаровском (4 штамма) краях, Еврейской АО (4 штамма), Камчатской (2 штамма), Сахалинской (1 штамм), Иркутской (3 штамма), Новосибирской (4 штамма), Омской (1 штамм), Мурманской (1 штамм) областях и Удмуртской Республике (1 штамм). Идентификацию сальмонелл проводили общепринятыми методами [1], определение молекулярно-вещного спектра плазмид в штаммах сальмонелл – по [10]. Известные

плазмиды рJ (1,4 МДа), RP4 (38 МДа), pBR322 (2,9 МДа) и pVM82 (82 МДа) использовали как стандарты для молекулярной массы.

Плазмидную ДНК для ПЦР выделяли с использованием наборов AxyPrep Plasmid Miniprep Kit (AxyGen Scientific Inc., США). ПЦР проводили в амплификаторе «Терцик» (ООО «ДНК-Технология», Россия). Реакцию выполняли в объеме 25 мкл с использованием набора ScreenMix-HS (Евроген, Россия). Программа состояла из следующих этапов: 1 цикл 94 °С 5 мин, 30 циклов 94 °С 1 мин, 57 °С 1 мин, 72 °С 1 мин и 1 цикл 72 °С 5 мин. Электрофорез продуктов ПЦР вели в 1%-м агарозном геле (Serva Electrophoresis GmbH, ФРГ) и в 1× трисборатном буфере. Гели окрашивали в бромистом этидии и фотографировали в УФ-свете в системе геле-документирования Bio-Rad XR (Bio-Rad Laboratories Inc., США). В качестве маркера молекулярного веса использовали PCR Markers (Promega Corp., США), в качестве отрицательных контролей для ПЦР – 4 штамма *S. enteritidis* и 1 штамм *S. typhimurium* плазмидных типов, не содержащих плазмиду 2,3 МДа (3609 п. о.).

#### РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Исследование штаммов *S. enteritidis* в плазмидном анализе показало, что они относились к 8 плазмидным типам: 12 штаммов – к плазмидному типу 38 : 2,3 МДа, 5 штаммов – 2,3 МДа, 7 штаммов – 38 : 30 : 2,3 МДа, 2 штамма – 50 : 38 : 30 : 2,3 МДа, 4 штамма – 38 : 2,3 : 1,4 МДа, 1 штамм – 38 : 4,4 : 2,3 : 1,4 МДа, 1 штамм – 38 : 3,0 : 2,3 МДа и 1 штамм 30 : 2,3 МДа. Общим для всех исследованных штаммов было присутствие в них плазмиды молекулярной массой 2,3 МДа (3609 п. о.). Анализ базы данных GenBank показал наличие в нем одной плазмиды с молекулярной массой, схожей с нашей плазмидой. Это безымянная плазида из штамма *S. typhimurium* var. 5- CFSAN001921 молекулярной массой 3609 п. о. (Acc. No. CP006052). Ее последовательность из GenBank в дальнейшем была использована для подбора праймеров.

Для исследования, является ли плазида молекулярной массой 2,3 МДа (3609 п. о.) из исследуемых штаммов *S. enteritidis* родственной к плазмиде из штамма *S. typhimurium* var. 5- CFSAN001921, мы подобрали три пары праймеров, расположенные в различных областях плазмиды (табл. 1). Для проверки специфичности всех пар праймеров были отобраны пять штаммов *S. enteritidis*, содержащих единственную плазмиду массой 2,3 МДа (3609 п. о.). Эти штаммы выделены в Приморском крае, Новоси-

Таблица 1

Праймеры, использованные для анализа плазмиды 2,3 МДа

Название праймера	Последовательность (5' → 3')	Фрагмент/место расположения в плазмиде
p2.3-1f	TCAGAAGATATGCACGGACCA	493 п. о. / 2844–3336 п. о.
p2.3-1r	TAGCTTCCCGGGGAGAAAAC	
p2.3-2f	GCAGATGACAGACAGAACGGA	396 п. о. / 299–694 п. о.
p2.3-2r	TGTGGATAACCGCATTACCGT	
p2.3-3f	ATAATCTGGCGAAATGACTTTCCT	580 п. о. / 1418–1997 п. о.
p2.3-3r	TGGTAATAAGGTCGATGAGAGC	

бирской и Иркутской областях, а также в Республике Удмуртия в 1995–2015 гг. от больных. Все они давали положительную реакцию со всеми праймерами. Таким образом, выделенные нами плазмиды из трех штаммов *S. enteritidis* являются родственными ранее описанной плазмиде из штамма *S. typhimurium* var. 5- CFSAN001921.

Следующим этапом было исследование оставшихся отобранных 29 штаммов семи плазмидных типов *S. enteritidis*, которое показало, что во всех штаммах амплифицировались фрагменты массой 493, 396 и 580 п. о., за исключением трех штаммов, выделенных в 2016–2017 гг. (табл. 2). Следовательно, плазмиды массой 2,3 МДа (3609 п. о.), содержащаяся в 30 исследованных штаммах *S. enteritidis* 7 плазмидных типов, по результатам ПЦР-анализа сходна с плазмидой из штамма *S. typhimurium* var. 5- CFSAN001921. Исключение составили три штамма плазмидных типов 38 : 2,3 : 1,4 и 38 : 2,3 : 1,4 МДа, выделенные в 2016–2017 гг. Данные штаммы давали положительный результат только с парой праймеров p2.3-2, тогда как пары праймеров p2.3-1 и p2.3-3 показали отрицательный результат. Таким образом, в последние годы данные плазмиды изменились.

Для проверки специфичности праймеров, используемых для амплификации выбранных участков ДНК плазмиды массой 2,3 МДа, было исследовано 4 штамма *S. enteritidis* других плазмидных типов, не содержащих плазмиду массой 2,3 : 38, 38 : 1,4, 38 : 2,2 и 38 : 30 МДа и один штамм *S. typhimurium* с плазмидой 60 МДа. Ни с одним из этих штаммов не выявили амплификации какого-либо фрагмента.

Плазмиды массой 2,3 МДа (3609 п. о.) достаточно широко распространены в штаммах *S. enteritidis*, выделенных на территории Сибири и Дальнего Востока [2, 5, 6]. Кроме того, показано, что такие же плазмиды выделяются и в других регионах России, например, в Мурманской области и Республике Удмуртия. Наиболее полное его распространение можно проследить на штам-

мах, выделенных в Приморском крае. Плазмиды массой 2,3 МДа обнаружены у 8,2 % от всех исследованных штаммов за весь период наблюдений с 1995 г., когда впервые она была выявлена у приморских штаммов, таким образом, являясь второй низкомолекулярной плазмидой по распространенности среди приморских штаммов *S. enteritidis* [5]. При этом основным плазмидным типом, содержащим данную плазмиду, является тип 38 : 2,3 МДа (5,22 % от всех исследованных штаммов).

Нами исследованы методом ПЦР 12 штаммов микроба, выделенных от больных в Приморском крае с 1995 по 2017 г. Кроме того, исследовано 19 штаммов, выделенных в других субъектах Сибири и Дальнего Востока на протяжении 10 лет. Во всех случаях, кроме трех вышеупомянутых, в штаммах, изолированных от больных и из пищевых продуктов во всех изученных регионах, плазмиды были родственны плазмиде из штамма *S. typhimurium* var. 5- CFSAN001921. Плазмиды 2,3 МДа (3609 п. о.) прослежены в штаммах микроба плазмидного типа 38 : 2,3 МДа на протяжении 19 лет, а в штаммах остальных плазмидных типов – в основном более 9 лет. В 30 из 33 случаев исследование штаммов в ПЦР с тремя парами специфических праймеров приводило к амплификации всех трех фрагментов ДНК, что указывало на родство плазмиды 2,3 МДа плазмиде из штамма *S. typhimurium* var. 5- CFSAN001921.

Таким образом, разработанные нами праймеры доказали свою специфичность для плазмиды p2.3 молекулярной массой 3609 п. о. Большинство (91 %) исследованных штаммов *S. enteritidis* независимо от молекулярно-вещного спектра плазмид штаммов, времени, места и источника выделения содержали плазмиду массой 2,3 МДа, родственную ранее депонированной плазмиде из штамма *S. typhimurium* var. 5- CFSAN001921. Плазмиды из трех штаммов, выделенных в последние два года, давали лишь один фрагмент из трех, что свидетельствует об их гетерогенности и необходимости дополнительного изучения с при-

Таблица 2

Характеристика исследованных штаммов *S. enteritidis*, содержащих плазмиду молекулярной массой 2,3 МДа

Год	Плазмидный тип (МДа)	Количество штаммов (источник)	Регион	Размеры ампликонов, образующихся с праймерами (п. о.):		
				p2.3-1	p2.3-2	p2.3-3
1995	2,3	1	Приморский край	493	396	580
1998	38 : 2,3	1	Приморский край	493	396	580
2006	38 : 2,3	1	Хабаровский край	493	396	580
2007	38 : 2,3	1 (продукт)	Иркутская область	493	396	580
2008	38 : 30 : 2,3	1	Приморский край	493	396	580
2009	50 : 38 : 30 : 2,3	1	Хабаровский край	493	396	580
2011	38 : 2,3	1	Хабаровский край	493	396	580
	38 : 2,3	1 (продукт)	Омская область	493	396	580
	2,3	1	Новосибирская область	493	396	580
	2,3	1	Удмуртская Республика	493	396	580
2012	38 : 2,3	1	Приморский край	493	396	580
	38 : 2,3	1	Еврейская АО	493	396	580
	38 : 2,3	1	Иркутская область	493	396	580
2013	50 : 38 : 30 : 2,3	1	Приморский край	493	396	580
	30 : 2,3	1	Хабаровский край	493	396	580
	38 : 2,3 : 1,4	1	Сахалинская область	493	396	580
	2,3	1	Иркутская область	493	396	580
2014	38 : 30 : 2,3	1	Приморский край	493	396	580
	38 : 30 : 2,3	2	Еврейская АО	493	396	580
	38 : 2,3	1	Новосибирская область	493	396	580
	38 : 2,3	1	Мурманская область	493	396	580
2015	38 : 30 : 2,3	1	Приморский край	493	396	580
	38 : 30 : 2,3	1	Еврейская АО	493	396	580
	2,3	1	Новосибирская область	493	396	580
2016	38 : 2,3 : 1,4	1	Приморский край	–	396	–
	38 : 2,3 : 1,4	1	Камчатский край	493	396	580
	38 : 2,3	1	Камчатский край	493	396	580
	38 : 2,3 : 1,4	1	Новосибирская область	–	396	–
2017	38 : 2,3	1	Приморский край	493	396	580
	38 : 30 : 2,3	1	Приморский край	493	396	580
	38 : 3,0 : 2,3	1	Приморский край	493	396	580
	38 : 4,4 : 2,3 : 1,4	1	Приморский край	–	396	–
Всего	8 типов	33	10 регионов			

менением метода секвенирования ДНК. Следовательно, можно говорить о всероссийском распространении данной плазмиды на евразийском континенте, поскольку штаммы, содержащие плазмиду p2.3, выделены в Дальневосточном, Сибирском, Приволжском и Северо-Западном федеральных округах Российской Федерации. При этом родственная плаزمиды из штамма *S. typhimurium* var. 5- CFSAN001921 выделена в США. Учитывая данный факт, можно предположить, что данная плазмиды не является сероваро-специфической.

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Полученные данные позволяют говорить о том, что плазмиды молекулярной массой 2,3 МДа, обнаруженная в штаммах различных плазмидных типов *S. enteritidis*, выделенных в России, является родственной плазмиды из штамма *S. typhimurium* var. 5- CFSAN001921, выделенного в США. При этом плазмиды 2,3 МДа обнаружена в штаммах *S. enteritidis* различного происхождения (больные, продукты питания) на протяжении 22 лет наблюдений. Учитывая, что плазмиды

p2.3 выделена от больных в США, а исследованные нами штаммы – от больных и из продуктов животного происхождения в России, можно полагать, что ареал ее распространения носит транс-континентальный характер.

#### КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Голубева И.В., Килессо В.А., Киселева Б.С., Прямухина Н.С., Татарина С.Д., Хоменко Н.А., Ющенко Г.В. Энтеробактерии. Руководство для врачей. М.: Медицина, 1985. 320 с.

2. Кузнецова Н.А., Шубин Ф.Н., Раков А.В., Тарасенко Т.Т., Воронок В.М. Возрастная структура сальмонеллеза, вызванного доминирующими плазмидоварами *Salmonella enteritidis*, в г. Владивосток // Тихоокеан. мед. журн. 2006. (3). 80–82.

3. Раков А.В. Микробиолого-клинические параллели при сальмонеллезной инфекции: автореф. дис. ... канд. мед. наук. Владивосток, 2003.

4. Раков А.В., Шубин Ф.Н., Кузнецова Н.А. Гетерогенность плазмид молекулярной массой 1,4 МДа в штаммах *Salmonella enteritidis* // Бюл. СО РАМН. 2013. 33. (2). 10–15.

5. Шубин Ф.Н., Ковальчук Н.И., Кузнецова Н.А., Ревина Г.В., Раков А.В., Белоголовкина Н.А., Нечухаева Е.М. Микробиологический мониторинг за *Salmonella enteritidis* в Приморском крае. Фенотипическая и плазмидная характеристика возбудителя // Эпидемиол. и инфекц. болезни. 2002. (1). 36–40.

6. Шубин Ф.Н., Раков А.В., Кузнецова Н.А. Микробиологический молекулярно-генетический мониторинг за возбудителями кишечных инфекций как составная часть эпидемиологического надзора // Бюл. СО РАМН. 2011. (4). 100–106.

7. Boyd E.F., Hartl D.L. Recent horizontal transmission of plasmids between natural populations of *Escherichia coli* and *Salmonella enterica* // J. Bacteriol. 1997. 179. (5). 1622–1627.

8. Boyd E.F., Hartl D.L. Salmonella virulence plasmid. Modular acquisition of the *spv* virulence region by an F-plasmid in *Salmonella enterica* subspecies I and insertion into the chromosome of subspecies II, IIIa, IV and VII isolates // Genetics. 1998. 149. (3). 1183–1190.

9. Chiu C.H., Ou J.T. Rapid identification of *Salmonella* serovars in feces by specific detection of virulence genes, *invA* and *spvC*, by an enrichment broth culture-multiplex PCR combination assay // J. Clin. Microbiol. 1996. 34. (10). 2619–2622.

10. Kado C.I., Liu S.T. Rapid procedure for detection and isolation of large and small plasmids // J. Bacteriol. 1981. 145. (3). 1365–1373.

11. Kotetishvili M., Stine O.C., Kreger A., Morris J.G.Jr., Sulakvelidze A. Multilocus sequence typing for characterization of clinical and environmental *Salmonella* strains // J. Clin. Microbiol. 2002. 40. (5). 1626–1635.

12. Landeras E., Mendoza M.C. Evaluation of PCR-based methods and ribotyping performed with a mixture of PstI and SphI to differentiate strains of *Salmonella* serotype Enteritidis // J. Med. Microbiol. 1998. 47. (5). 427–434.

13. Liebana E., Garcia-Migura L., Breslin M.F., Davies R.H., Woodward M.J. Diversity of strains of *Salmonella enterica* serotype enteritidis from English poultry farms assessed by multiple genetic fingerprinting // J. Clin. Microbiol. 2001. 39. (1). 154–161.

14. Ramiisse V., Houssu P., Hernandez E., Denoeud F., Hilaire V., Lisanti O., Ramiisse F., Cavallo J.D., Vergnaud G. Variable number of tandem repeats in *Salmonella enterica* subsp. *enterica* for typing purposes // J. Clin. Microbiol. 2004. 42. (12). 5722–5730.

15. Ridley A.M., Threlfall E.J., Rowe B. Genotypic characterization of *Salmonella enteritidis* phage types by plasmid analysis, ribotyping, and pulsed-field gel electrophoresis // J. Clin. Microbiol. 1998. 36. (8). 2314–2321.

16. Rivera M.J., Rivera A., Castillo J., Rubio M.C., Gomez-Lus R. Plasmid profile in epidemiological studies of human *Salmonella* infections // J. Chemother. 1993. 5. (Suppl. 1). 288–290.

17. Rychlik I., Karpiskova R., Faldynova M., Sisak F. Computer-assisted restriction endonuclease analysis of plasmid DNA in field strains of *Salmonella enteritidis* // Can. J. Microbiol. 1998. 44. (12). 1183–1185.

18. Sajid S.U., Schwarz S. Plasmid fingerprinting and virulence gene detection among indigenous strains of *Salmonella enterica* serovar enteritidis // J. Ayub. Med. Coll. Abbottabad. 2009. 21. (2). 83–86.

19. Soto S.M., Guerra B., González-Hevia M.A., Mendoza M.C. Potential of three-way randomly amplified polymorphic DNA analysis as a typing method for twelve *Salmonella* serotypes // Appl. Environ. Microbiol. 1999. 65. (11). 4830–4836.

20. Spratt B.G., Maiden M.C.J. Bacterial population genetics, evolution and epidemiology // Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci. 1999. 354. (1384). 701–710.

21. Winokur P.L., Vonstein D.L., Hoffman L.J., Uhlenhopp E.K., Doern G.V. Evidence for transfer of CMY-2 AmpC beta-lactamase plasmids between *Escherichia coli* and *Salmonella* isolates from food animals and humans // Antimicrob. Agents Chemother. 2001. 45. (10). 2716–2722.

22. Winokur P.L. Molecular epidemiological techniques for *Salmonella* strain discrimination // Front. Biosci. 2003. (8). c14–c24.

## HETEROGENEITY OF 2.3 MDa PLASMIDS IN *Salmonella* ENTERITIDIS STRAINS

Alexey Vladimirovich RAKOV, Felix Nikolaevich SHUBIN, Nataliya Anatolievna KUZNETSOVA,  
Alina Sergeevna SOLOVYEVA

*Somov Institute of Epidemiology and Microbiology*  
690087, Vladivostok, Sel'skaya str., 1

---

The aim of the research was to study plasmids 2.3 MDa (3609 bp) and their distribution in *Salmonella* Enteritidis strains isolated from various environmental sources at different times on the territory of the Russian Federation. **Material and methods.** A PCR typing of 33 *S. Enteritidis* strains, isolated for the period from 1995 to 2017, containing plasmid 2.3 MDa described earlier in microbe strains has been carried out. **Results and discussion.** The plasmid was firstly sequenced by us. Its relatedness to plasmid in GenBank from the strain of *S. Typhimurium* CFSAN001921 described in the United States has been revealed. It has been established that plasmid p2.3 presents within 23 years in *S. Enteritidis* strains isolated from patients and food at administrative territories of majority of the Russian Federation subjects. In addition, it has been shown that plasmid p2.3 can be heterogeneous in nucleotide composition. **Conclusion.** Considering the fact that plasmid p2.3 was isolated from patients in the USA, and strains we investigated were from patients and food in Russia, it can be assumed that the distribution area of the plasmid has a transcontinental nature.

---

**Key words:** *Salmonella* Enteritidis, plasmid p2.3, plasmid analysis, polymerase chain reaction.

*Rakov A.V.* – candidate of medical sciences, senior researcher, e-mail: [rakovalexey@gmail.com](mailto:rakovalexey@gmail.com)

*Shubin F.N.* – doctor of medical sciences, professor, chief researcher, e-mail: [shubin@inbox.ru](mailto:shubin@inbox.ru)

*Kuznetsova N.A.* – candidate of medical sciences, senior researcher, e-mail: [kuznetsovanata@mail.ru](mailto:kuznetsovanata@mail.ru)

*Solovyeva A.S.* – junior researcher, e-mail: [dj\\_svet8525@mail.ru](mailto:dj_svet8525@mail.ru)