

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

EXPERIMENTAL RESEARCH

Стоматология

Dentistry

doi: 10.25005/2074-0581-2026-28-2-471-479

ЦИФРОВОЙ ПОЛУКОЛИЧЕСТВЕННЫЙ УЧЁТ КОЛОНИЙ НА СЕКТОРАЛЬНЫХ ЧАШКАХ: ПОВТОРЯЕМОСТЬ ПРИ РАЗНЫХ УРОВНЯХ ИНОКУЛЯМА (*CANDIDA ALBICANS*)

Я.Н. ХАРАХ¹, П.Ю. КОЛЕСНИКОВ^{2,3}, С.Н. КЕРАСОВ¹, В.В. АЛЯМОВСКИЙ⁴, А.С. ОГАНЕСЯН¹, В.Н. ЦАРЁВ⁵,
С.Д. АРУТЮНОВ¹

¹ Кафедра ортопедической стоматологии и цифровых технологий, Российский университет медицины, Москва, Российская Федерация

² Лаборатория микробной экологии человека, Государственный научный центр Российской Федерации – Институт медико-биологических проблем Российской академии наук, Москва, Российская Федерация

³ Лаборатория молекулярно-биологических исследований, Российский университет медицины, Москва, Российская Федерация

⁴ Кафедра пропедевтики терапевтической стоматологии, Российский университет медицины, Москва, Российская Федерация

⁵ Кафедра микробиологии, вирусологии, иммунологии, Российский университет медицины, Москва, Российская Федерация

Цель исследования: оценить повторяемость полуколичественной цифровой метрики роста при учёте колоний на секторальных чашках и определить практический рабочий диапазон её применения на модели *Candida albicans*.

Материал и методы: суточная культура *Candida albicans* выращивалась на мясопептонном агаре, стандартизировалась по мутности до 0,5 единиц по шкале Мак-Фарланда, и готовилась серия разведений, соответствующих уровням условной исходной нагрузки 10^0 , 10^2 , 10^4 , 10^6 и 10^8 . Выполнялся секторальный посев 100 мкл на чашки с мясопептонным агаром с последующей инкубацией при 37°C в течение 24 часов (по три независимых повтора на уровень). Цифровой учёт проводился методом автоматизированного распознавания изображений на приборе Scan 500 (Interscience, Saint Nom-la-Bretèche, France; версия ПО 6.3.8.0) в режиме общего счёта с фиксированными параметрами обработки. При наличии артефактов выполнялась консервативная операторская коррекция путём удаления неколонизированных микроорганизмами объектов. В качестве зависимой переменной использовалась метрика U – скорректированное оператором число распознанных колоний (шт.) в режиме общего счёта («Total count») при фиксированных параметрах обработки.

Результаты: распределения показателя U различались между уровнями условной исходной нагрузки; различия были статистически значимыми по H-критерию Краскала-Уоллиса ($p=0,012$). Повторяемость зависела от диапазона: при низких уровнях фиксировались нулевые значения и высокая вариабельность (CV 173,2% для 10^0 и 102,4% для 10^2), тогда как на уровне порядка 10^4 разброс был минимальным (CV 6,1%). В высоком диапазоне не выявлено простой монотонной зависимости U от номинального уровня нагрузки. Число удалённых оператором неколонизированных объектов варьировало от 0 до 99 на чашку.

Закключение: цифровой показатель U следует рассматривать как стандартизированный цифровой счёт (фиксированные настройки распознавания с операторской коррекцией), пригодный для сравнительных сопоставлений «контроль – эксперимент» при неизменном протоколе. Практический рабочий ориентир в условиях данной модели соответствовал порядку 10^4 .

Ключевые слова: *Candida albicans*, подсчёт микробных колоний, компьютерная обработка изображений, воспроизводимость результатов, микробиологические методы, посев (микробиологический).

Для цитирования: Харах ЯН, Колесников ПЮ, Керазов СН, Алямовский ВВ, Оганесян АС, Царёв ВН, Арутюнов СД. Цифровой полуколичественный учёт колоний на секторальных чашках: повторяемость при разных уровнях инокуляма (*Candida albicans*). *Вестник Авиценны*. 2026;28(2):471-9. <https://doi.org/10.25005/2074-0581-2026-28-2-471-479>

DIGITAL SEMI-QUANTITATIVE COLONY COUNTING ON SECTOR PLATES: REPEATABILITY ACROSS INOCULUM LEVELS (*CANDIDA ALBICANS*)

YA.N. KHARAKH¹, P.YU. KOLESNIKOV^{2,3}, S.N. KERASOV¹, V.V. ALYAMOVSKIY⁴, A.S. OGANESYAN¹, V.N. TSARYOV⁵,
S.D. ARUTYUNOV¹

¹ Department of Prosthodontic Dentistry and Digital Technologies, Russian University of Medicine, Moscow, Russian Federation

² Laboratory of Human Microbial Ecology, State Scientific Center of the Russian Federation – Institute of Biomedical Problems of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russian Federation

³ Laboratory of Molecular Biological Research, Russian University of Medicine, Moscow, Russian Federation

⁴ Department of Propedeutics of Therapeutic Dentistry, Russian University of Medicine, Moscow, Russian Federation

⁵ Department of Microbiology, Virology and Immunology, Russian University of Medicine, Moscow, Russian Federation

Objective: This study aimed to evaluate the repeatability of a semi-quantitative digital growth metric for colony counting on sector plates and to determine its practical working range using a *Candida albicans* model.

Methods: A 24-hour culture of *C. albicans* grown on meat-peptone agar was standardized to 0.5 McFarland units. Serial dilutions were prepared to achieve initial inoculum levels of 10^0 , 10^2 , 10^4 , 10^6 , and 10^8 CFU/mL. Sectoral seeding (100 µl) was performed on meat-peptone agar plates, followed by

incubation at 37°C for 24 hours (three independent replicates per level). Digital counting was performed using automated image recognition with the Scan 500 automatic colony counter (software version 6.3.8.0; Interscience, Saint Nom-la-Bretèche, France) in "Total Count" mode with fixed processing parameters. Non-microbial artifacts were manually removed to ensure count accuracy. The primary dependent variable was the U-metric, defined as the operator-corrected number of recognized colonies.

Results: The distributions of the U index differed significantly across initial load levels (Kruskal-Wallis H-test, $p=0.012$). Repeatability was range-dependent: low levels exhibited zero values and high variability (CV: 173.2% for 10^0 and 102.4% for 10^2), while the 10^4 -level showed minimal variance (CV: 6.1%). At high ranges, the relationship between the U-metric and nominal load was non-monotonic. The number of artifacts removed by the operator ranged from 0 to 99 per plate.

Conclusion: The U-metric serves as a standardized digital count – combining fixed recognition settings with operator correction – suitable for "control vs. experiment" comparisons using a consistent protocol. For this specific model, the practical working range was approximately 10^4 CFU/mL.

Keywords: *Candida albicans*, microbial colony counting, automated image processing, reproducibility, microbiological techniques, culture methods.

For citation: Kharakh YaN, Kolesnikov PYu, Kerasov SN, Alyamovskiy VV, Oganasyan AS, Tsaryov VN, Arutyunov SD. Tsifrovoy polukolichestvennyy tsifrovoy uchyt koloniy na sektoral'nykh chashkakh: povtoryaemost' pri raznykh urovnyakh inokulyuma (*Candida albicans*) [Digital semi-quantitative colony counting on sector plates: Repeatability at different inoculum levels (*Candida albicans*)]. *Vestnik Avitsennyy [Avicenna Bulletin]*. 2026;28(2):471-9. <https://doi.org/10.25005/2074-0581-2026-28-2-471-479>

ВВЕДЕНИЕ

Количественная оценка жизнеспособной микробной нагрузки (как правило, в КОЕ/CFU) остаётся базовым инструментом экспериментальной и прикладной микробиологии при сравнении условий культивирования, оценке антимикробных воздействий и контроле контаминации материалов [1, 2]. Наиболее распространённый подход основан на серийных разведениях с высевом на агар и последующим подсчётом колоний, однако точность такой оценки ограничивается как статистическими колебаниями на этапах разведения и посева, так и трудностями счёта на чашке при очень малом числе колоний или при плотном росте и частичном слиянии [3, 4]. Выбор счётного диапазона, где колонии достаточно многочисленны для устойчивой оценки, и при этом отдельные колонии сохраняют различимость, позволяет уменьшить неопределённость измерения [5, 6].

Ручной подсчёт трудоёмок и зависит от оператора, что стимулировало переход к цифровой съёмке и программному анализу изображений [7]. Автоматический счёт может демонстрировать хорошую согласованность с ручным, однако в рутинной практике результат чувствителен к качеству изображения и параметрам обработки (экспозиция, контраст, порог сегментации), а также к артефактам – бликам, конденсату, неоднородностям среды и неколонийным объектам, которые могут ошибочно классифицироваться как колонии [8-11].

По этой причине на практике цифровой подсчёт нередко дополняют регламентированным операторским контролем. В исследованиях, посвящённых валидации автоматических счётчиков, показано, что стандартизированная корректировка оператором повышает согласованность с ручным подсчётом, особенно при значительных плотностях роста [12]. Следовательно, цифровую метрику целесообразно рассматривать не как «чистый» выход алгоритма, а как результат стандартизированной процедуры, включающей фиксированные настройки регистрации и обработки, а также описанное правило вмешательства оператора, подтверждённое оценкой воспроизводимости.

Особую актуальность это имеет для чашек после секторального посева, где изображение изначально неоднородно по плотности роста и фону, а доля пограничных объектов и артефактов обычно выше. В клинической микробиологии именно посев со штриховым/секторальным распределением широко использует

INTRODUCTION

Quantitative assessment of viable microbial load, typically expressed in colony-forming units (CFU), remains a fundamental tool in experimental and applied microbiology. It is essential for comparing culture conditions, evaluating antimicrobial efficacy, and monitoring material contamination [1, 2]. The most common approach involves serial dilutions, agar plating, and colony counting. However, the accuracy of this method is constrained by statistical fluctuations during dilution and plating, as well as the inherent difficulty of counting plates with either sparse growth or high-density, confluent colonies [3, 4]. Identifying an optimal counting range in which colonies are numerous enough for stable assessment yet remain distinct is critical to reducing measurement uncertainty [5, 6].

Manual counting is both labor-intensive and prone to operator bias, prompting a shift toward digital imaging and software-based image analysis [7]. Although automatic counting can correlate well with manual counting, its performance in routine use is sensitive to image quality and processing settings (e.g., exposure, contrast, and segmentation thresholds). Artifacts such as glare, condensation, environmental inhomogeneities, and non-colony objects may also lead to misclassification and inaccurate colony counts [8-11].

Consequently, digital counting in practice is often supplemented by regulated operator oversight. Validation studies for automated counters have demonstrated that standardized operator adjustments improve consistency with manual counts, particularly at high growth densities [12]. Therefore, digital metrics should not be viewed as "pure" algorithmic outputs, but rather as the result of a standardized procedure involving fixed recording/processing settings and clearly defined rules for operator intervention, supported by reproducibility assessments.

This approach is particularly relevant for sector-streaked plates, where growth density and background are inherently heterogeneous, and the frequency of border objects and artifacts is typically higher. In clinical microbiology, quadrant streaking is the standard technique for isolating colonies. Ongoing research into automated inoculation and streaking highlights the urgent need to standardize seeding patterns to ensure reliable digital interpretation of growth [13, 14].

ся как рутинный приём для получения изолированных колоний, и исследования по автоматизации инокуляции и штрихования подчёркивают значимость стандартизации рисунка посева для последующей интерпретации роста [13, 14].

Для стоматологии такая задача имеет дополнительный прикладной смысл, поскольку *Candida albicans* относится к микроорганизмам, способным обитать на слизистой оболочке полости рта и при изменении локальных условий участвовать в оппортунистическом поражении, а в ортопедической стоматологии её значение усиливается связью *Candida*-содержащих биоплёнок с конструкционными базисными материалами полных съёмных зубных протезов и слизистой оболочкой протезного ложа [15, 16]. Поэтому в настоящей работе *C. albicans* использована не только как удобная тест-культура для отработки цифрового учёта, но и как релевантная для стоматологии тест-система, в которой особенно важны воспроизводимость счёта и сохранение неизменного протокола посева, инкубации и регистрации.

Цель исследования

Оценка воспроизводимости полуколичественной цифровой метрики роста, получаемой при учёте на чашках после секторального посева.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Экспериментальное исследование выполнено для оценки повторяемости полуколичественной цифровой метрики роста, получаемой при учёте на чашках после секторального посева. В качестве модели применялась серия последовательных разведений исходной микробной суспензии, формирующих пять уровней условной исходной нагрузки: 10^0 , 10^2 , 10^4 , 10^6 и 10^8 . Для каждого уровня выполнялось три независимых повтора, всего 15 чашек.

Тест-культурой служила суточная культура *Candida albicans*, выращенная на мясепептонном агаре. Культура ресуспендировалась в физиологическом растворе и стандартизировалась по мутности до 0,5 единиц по Мак-Фарланду. Для получения однородной суспензии материал перемешивался на вортексе V-3. Контроль мутности выполнялся с использованием стандартизированных пробирок и денситометра DEN-1 (Biosan, Latvia).

Из стандартизированной суспензии готовилась серия последовательных разведений в физиологическом растворе. Посев осуществлялся секторальным методом. Из каждого разведения бралось 100 мкл и наносилось на мясепептонный агар, в проекции первого сектора. Далее стерильной бактериологической петлёй данный объём взвеси распределялся равномерно по всей поверхности первого сектора. Затем, прокаливанием петли между каждым последующим этапом, осуществлялось распределение вплоть до четвёртого сектора. Чашки помещались в термостат с последующей инкубацией при 30°C в течение 24 часов.

Учёт роста выполнялся на автоматическом анализаторе колоний Scan 500 (Interscience, Saint Nom-la-Bretèche, France) с использованием программного обеспечения версии 6.3.8.0 в режиме «Total count». Во всех опытах применялись единые параметры анализа: диаметр чашки 90 мм, распределённый объём 0,1 мл, яркость 55, анализируемая область 79% (диаметр измеряемой области 80 мм).

После автоматического распознавания единственный оператор проводил визуальную верификацию объектов на наличие артефактов, в отношении которых осуществлял консервативную коррекцию путём удаления неколонизальных объектов. В случаях, когда автоматическое распознавание не давало корректного

In dentistry, this task carries significant practical weight, as *Candida albicans* is a key inhabitant of the oral mucosa and can act as an opportunistic pathogen when local conditions shift. In prosthodontics, its relevance is further underscored by the association of *Candida*-rich biofilms with both the base materials of complete removable dentures and the supporting mucosa [15, 16]. Consequently, *C. albicans* served in this study not only as a practical model for digital colony counting but also as a clinically relevant test system. For such applications, ensuring reproducibility in counting and maintaining standardized protocols for inoculation, incubation, and registration is essential.

PURPOSE OF THE STUDY

The objective of this study was to evaluate the reproducibility of a semi-quantitative digital growth metric derived from colony counting on sector-seeded plates.

METHODS

An experimental study was conducted to evaluate the repeatability of a semi-quantitative digital growth metric derived from colony counts following sectoral inoculation. A series of serial dilutions of the initial microbial suspension was used to model five levels of conditional initial microbial load: 10^0 , 10^2 , 10^4 , 10^6 , and 10^8 . Three independent replicates were prepared for each level, resulting in a total of 15 plates.

The test organism was a 24-hour culture of *Candida albicans* cultivated on meat-peptone agar. The culture was suspended in sterile saline and standardized to 0.5 McFarland turbidity units. To ensure homogeneity, the suspension was mixed using a V-3 vortex mixer. Turbidity was verified using standardized reference tubes and a DEN-1 densitometer (Biosan, Latvia).

Serial dilutions of the standardized suspension were prepared in sterile saline. Inoculation was performed using the sectoral streak method. A 100 µL volume from each dilution was applied to the first sector of a meat-peptone agar plate and evenly distributed with a sterile inoculating loop. Sequential streaking was then performed across subsequent sectors using the same loop to obtain progressive dilution up to the fourth sector. Plates were incubated at 30°C for 24 h.

Colony counting was performed using the Scan 500 automatic colony counter (software version 6.3.8.0; Interscience, Saint Nom-la-Bretèche, France) operating in Total Count mode. Identical analysis parameters were applied in all experiments: plate diameter 90 mm, inoculated volume 0.1 mL, brightness level 55, and analyzed area 79% (measurement area diameter 80 mm).

Following automatic recognition, all detected objects were visually reviewed by a single operator to exclude artifacts. Conservative correction criteria were applied, and only clearly non-biological objects were removed from the count. When automatic recognition failed to provide an accurate result, manual counting was performed and documented in the analysis report. Objects were excluded only if they demonstrated characteristics consistent with one of the following artifact categories: optical image defects (including glare, overexposure, or pronounced brightness gradients), mechanical or foreign particles, technical elements (including sector boundaries or plate edges), or non-biological medium textures incorrectly segmented by the software as colonies. Ambiguous objects were retained and counted as colonies. For each plate, the number of excluded objects (D) was recorded,

результата, использовался ручной подсчёт, что фиксировалось в отчёте анализа. Объекты удалялись из счёта только при наличии признаков артефакта, относящихся к одной из категорий: оптический дефект изображения, включая блик, засвет или выраженный градиент яркости; механический или посторонний объект; технический элемент, включая границу сектора или край чашки; небиологическая текстура среды, фрагментированная алгоритмом как «колония». Сомнительные объекты не удалялись и учитывались как колонии. Для каждой чашки регистрировалось число удалённый D, после чего в статистический анализ включалось скорректированное значение U.

Статистический анализ. Для описания данных рассчитывались медиана и межквартильный размах. Различия распределений показателя U между уровнями исходной нагрузки оценивали Н-критерием Краскела-Уоллиса, уровень значимости принимался при $p < 0.05$. Воспроизводимость метрики оценивалась по внутригрупповому разбросу значений между независимыми повторами внутри каждого уровня нагрузки. Статистические расчёты выполнялись в Minitab 22.3.1.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Выполнено 15 независимых измерений цифровой метрики U на пяти уровнях условной исходной нагрузки 10^0 , 10^2 , 10^4 , 10^6 и 10^8 , по три повтора на уровень. По описательным характеристикам прослеживалось разделение низкого и высокого диапазона значений. Для 10^0 медиана U составила 0 [0; 5], для 10^2 – 11 [1; 28], а начиная с 10^4 значения U переходили в область сотен. Медиана U составила 330 [310; 350] при 10^4 , 155 [144; 225] при 10^6 и 321 [259; 323] при 10^8 . Для уровня 10^0 два из трёх повторов дали значение U=0, что отражалось на распределении внутри группы.

Различия выявлены не только в медианах, но и в положении квартильных границ. Межквартильные интервалы для 10^0 и 10^2 располагались ниже интервалов уровней 10^4 , 10^6 и 10^8 . В высоком диапазоне интервал для 10^6 [144; 225] не перекрывался с интервалом для 10^8 [259; 323], тогда как интервалы 10^4 [310; 350] и 10^6 [259; 323] частично перекрывались (рис.).

Распределения показателя U статистически различались между уровнями исходной нагрузки по Н-критерию Краскела-У-

and the corrected colony count (U) was used for statistical analysis.

Statistical analysis. Data were described using the median and interquartile range (IQR). Differences in U-index distributions across initial load levels were assessed using the Kruskal-Wallis H-test, with $p < 0.05$ considered significant. Reproducibility of the metric was assessed by analyzing intragroup variability among independent replicates within each microbial load level. Statistical analyses were performed using Minitab version 22.3.1.

RESULTS

Fifteen independent measurements of the digital metric U were performed across five initial inoculum levels: 10^0 , 10^2 , 10^4 , 10^6 , and 10^8 with three replicates per level. Descriptive statistics revealed a clear separation between low-range and high-range values. At the 10^0 level, the median U was 0 [IQR: 0-5], and at 10^2 the median was 11 [IQR: 1-28]. Beginning at the 10^4 level, U values increased to the hundreds: the median U was 330 [IQR: 310-350] at 10^4 , 155 [IQR: 144-225] at 10^6 , and 321 [IQR: 259-323] at 10^8 . Notably, at the 10^0 level, two of the three replicates yielded U=0, influencing the intragroup distribution.

Significant differences were observed in both the medians and the interquartile ranges (IQRs). The IQRs for the 10^0 and 10^2 levels were positioned entirely below the intervals for the 10^4 , 10^6 , and 10^8 levels. Within the high range, the interval for 10^6 [144-225] did not overlap with that of 10^8 [259-323]; however, the intervals for 10^4 [310-350] and 10^6 [259-323] exhibited partial overlap (Fig.).

The Kruskal-Wallis H-test revealed significant differences in the distribution of the U index between initial load levels ($p = 0.012$). The effect size ($\epsilon^2 = 0.879$) indicated that the U index was significantly dependent on the initial load level.

Repeatability within each level, assessed via three independent replicates, varied across the ranges. The coefficient of variation (CV) was 173.2% for 10^0 , 102.4% for 10^2 , 6.1% for 10^4 , 25.2% for 10^6 , and 12.1% for 10^8 . At the 10^0 level, the interpretation of the CV was limited by the occurrence of zero values across repli-

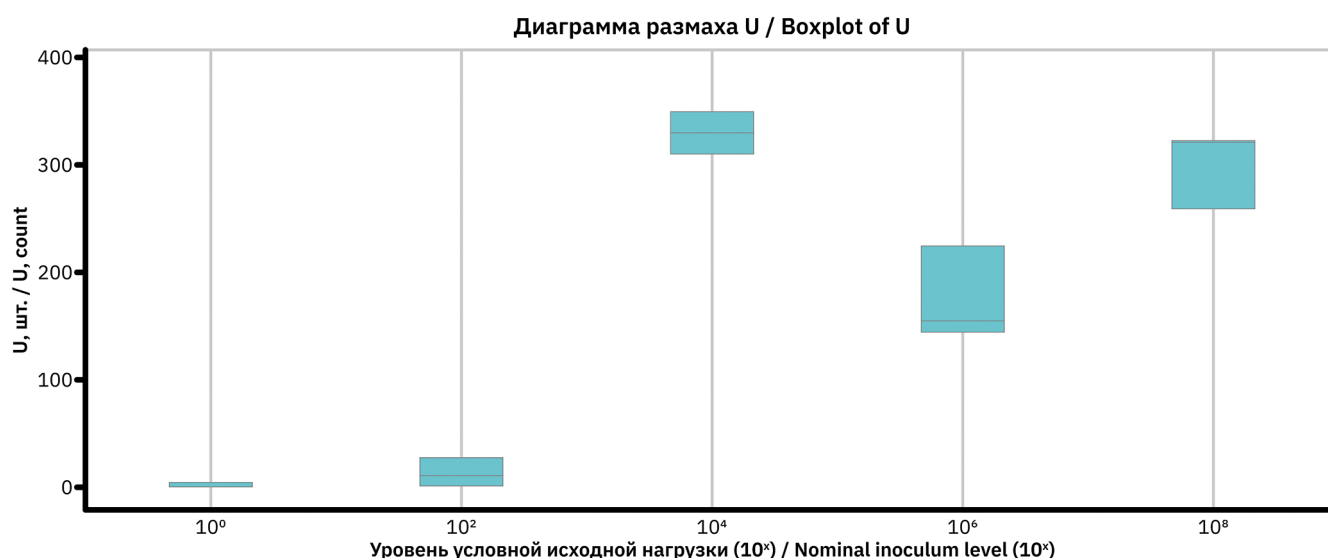


Рис. Значения цифровой метрики U (число распознанных колоний, шт.) в зависимости от уровня исходной нагрузки

Fig. Boxplot analysis of U demonstrating a non-linear relationship across initial inoculum levels

оллиса, $p=0,012$. Величина эффекта составила $\varepsilon_2=0,879$, что указывало на выраженную связь показателя U с уровнем исходной нагрузки.

Повторяемость метрики внутри каждого уровня, оценённая по трём независимым повторам, была неодинаковой. Коэффициент вариации составил 173,2% для 10^0 , 102,4% для 10^2 , 6,1% для 10^4 , 25,2% для 10^6 и 12,1% для 10^8 . Для 10^0 интерпретация CV была ограничена из-за нулевых значений U в повторях, поэтому данный показатель на этом уровне следует трактовать с осторожностью.

Число объектов, удалённых оператором как неколонийные, D , отличалось между уровнями и демонстрировало выраженный разброс. Для 10^8 D составило 37 [30; 39], для 10^6 оно достигало 41 [41; 43], для 10^4 оно составляло 48 [41; 54], для 10^2 оно увеличивалось до 83 [62; 99], а для 10^0 принимало 0 [0; 87]. Рост D при низких значениях U отражал увеличение доли артефактов распознавания в условиях слабого роста и неоднородного фона, когда автоматический алгоритм чаще выделяет неколонийные объекты.

ОБСУЖДЕНИЕ

Выбор секторального посева был обусловлен тем, что в этой постановке подсчёт колоний изначально выполняется в условиях неоднородного поля роста. На одной чашке сосуществуют зоны с различной плотностью, а при высокой плотности колонии соприкасаются и частично сливаются [15]. На цифровой результат дополнительно влияют границы сектора, неоднородности среды, блики и конденсат, а также мелкие элементы изображения, которые алгоритм способен интерпретировать как колонии, что особенно характерно для секторальных чашек [9, 10, 16]. Поэтому U в данной работе следует трактовать не как прямую оценку КОЕ, а как стандартизированный цифровой счёт, включающий автоматическое значение «Total count» и операторскую коррекцию, пригодный для сравнений при неизменных условиях посева, инкубации и съёмки.

В области низких нагрузок счёт фактически определяется единичными объектами, поэтому даже небольшие случайные различия изображения начинают заметно менять итоговое значение показателя U . Относительный разброс возрастает, а вклад фоновых деталей, пограничных объектов и особенностей распознавания становится сопоставимым с вкладом собственно микробного роста, что согласуется с известной особенностью учёта малых чисел колоний, когда даже при корректном разведении и посеве вариабельность между повторами закономерно увеличивается, поскольку пуассоновские колебания при 2-5 колониях дают большой относительный разброс [19, 20].

В противоположной части диапазона ограничение формируется уже иначе, поскольку при высокой нагрузке возрастает доля соприкасающихся и сливающихся колоний, отдельные объекты хуже разделяются алгоритмом, и итоговый счёт всё сильнее зависит от качества сегментации. В подобных условиях объектный подсчёт может недоучитывать рост и занижать оценку плотности [9, 19, 21]. Поэтому связь уровня исходной нагрузки со значениями U проявляется не только в изменении самого счёта, но и в изменении его повторяемости.

Важно учитывать, что в высоком диапазоне в настоящем исследовании не наблюдалось простой монотонной связи между уровнем исходной нагрузки и значениями U . При 10^6 медиана оказалась ниже, чем при 10^4 и 10^8 . Это связано с тем, что U отражает число колоний, которые остаются разделимыми для алгоритма в режиме «Total count», и при секторальном посеве зависит

cates; consequently, this metric should be interpreted with caution.

The number of objects removed by the operator as non-colonial (D) varied across levels and exhibited a wide distribution. For 10^8 , D was 37 [IQR: 30-39]; for 10^6 , it reached 41 [IQR: 41-43]; and for 10^4 , it was 48 [IQR: 41-54]. At lower inoculum levels, D increased to 83 [IQR: 62-99] for 10^2 and 0 [IQR: 0-87] for 10^0 . The higher D values at low U levels suggest an increased incidence of recognition artifacts under conditions of sparse growth and heterogeneous backgrounds, where the automated algorithm more frequently misidentifies non-colonial objects.

DISCUSSION

Sectoral seeding was selected for this study because it inherently creates a non-uniform growth field. Different growth densities coexist on a single plate; at high densities, colonies frequently touch or partially merge [15]. Furthermore, digital analysis is influenced by sector boundaries, media inhomogeneities, glare, condensation, and minute image elements that algorithms may misinterpret as colonies, a common challenge with sector plates [9, 10, 16]. Consequently, the U metric in this work should not be viewed as a direct estimate of CFU. Instead, it represents a standardized digital count that combines automated "Total Count" output with operator correction, suitable for comparative analysis under strictly controlled seeding, incubation, and imaging protocols.

In the low-load region, the count is primarily determined by individual objects; thus, even minor stochastic variations in the image can significantly affect the final U value. Consequently, relative dispersion increases as the influence of background noise, edge artifacts, and recognition features becomes comparable to the microbial growth itself. This finding aligns with the established characteristics of low-density colony counting: even with standardized dilution and inoculation, inter-replicate variability naturally increases because Poisson fluctuations in counts of only 2-5 colonies yield substantial relative variation [19, 20].

Conversely, at high microbial loads, different limiting factors emerge. The increased frequency of adjacent and coalescent colonies hinders the algorithm's ability to resolve individual objects, making the final count highly dependent on the quality of image segmentation. Under these conditions, automated counting tends to underestimate the true extent of microbial growth and, by extension, the overall colony density [9, 19, 21]. Thus, the initial microbial load influences not only the absolute U value but also the inherent repeatability of the measurement.

Notably, a non-monotonic relationship was observed between the initial inoculum level and U values at the high end. The median U at 10^6 was lower than at both 10^4 and 10^8 . This result occurred because U reflects the number of objects the algorithm can separate in "Total Count" mode. At 10^4 , a significant portion of growth consists of isolated colonies within the counting zone. At 10^6 , growth shifts primarily toward dense streak bands, where crowding causes colonies to merge into fused structures that the algorithm then recognizes as fewer, larger objects. As the load increases to 10^8 , isolated colonies reappear in the counting zone, leading to another rise in U . Therefore, U should be used as a comparative metric within a specific working range under a fixed protocol, rather than as a direct calibration tool across all load levels [9, 19, 21].

от распределения роста по рисунку штриха. На уровне 10^4 значительная часть роста представлена изолированными колониями в счётной зоне, поэтому алгоритм регистрирует большое число отдельных объектов. На уровне 10^6 основная доля роста смещается в плотные полосы штриха, где колонии располагаются скученно и частично сливаются, поэтому несколько колоний формируют слитые структуры и распознаются как меньшее число объектов. При дальнейшем увеличении нагрузки до 10^8 в счётной зоне вновь появляется больше изолированных колоний, что сопровождается ростом U. Поэтому U корректно использовать как сравнительную метрику в выбранном рабочем диапазоне при фиксированном протоколе посева и учёта, а не как основу для прямой калибровки по всему диапазону нагрузок [9, 19, 21].

Практически это означает необходимость выбора исходной концентрации, при которой рост уже выражен и устойчиво распознаётся, но слияние ещё не доминирует. В условиях настоящего протокола наиболее стабильные значения получены на уровне порядка 10^4 (CV=6,1 %). Для выбранной тест-системы этот результат имеет не только методическое, но и прикладное стоматологическое значение, поскольку *C. albicans* связана с микробиотой полости рта, поражениями слизистой оболочки и формированием биоплёнок на конструкционных материалах зубных протезов и лечебно-профилактических аппаратов [15, 16]. Вместе с тем, рабочий диапазон не является универсальным и может смещаться при изменении микроорганизма, среды или условий культивирования, поскольку морфология колоний, скорость роста и склонность к слиянию определяют разделимость объектов на изображении [9, 12]. В этих условиях значение порядка 10^4 следует рассматривать как практический ориентир для выбранной тест-системы *C. albicans*, а также как стартовую точку для настройки последующих сравнительных экспериментов.

Цифровой подсчёт колоний на практике редко остаётся полностью автоматическим. В данном протоколе коррекция заключалась в удалении объектов, не являющихся колониями, при этом число удалений фиксировалось для каждой чашки. В отдельных измерениях исключались десятки объектов, что показывает заметную долю фоновых структур на изображении и их потенциальное влияние на итоговый счёт. Аналогичные наблюдения приводятся в валидационных исследованиях автоматических счётчиков, где на высоких плотностях полностью автоматический режим работает хуже, а корректировка оператором повышает согласие с ручным подсчётом [12].

Для секторальных чашек и высоких плотностей перспективным направлением является переход от подсчёта отдельных объектов к оценке площади роста. При плотном росте слияние снижает надёжность объектного счёта, тогда как площадные метрики могут быть более устойчивыми при условии одинакового времени инкубации и стабильной съёмки. Подходы к оценке роста по площади и размерам колоний по изображениям описаны в литературе и применяются при анализе роста в широком диапазоне плотностей посева [21-23]. В рамках дальнейшей работы целесообразно сопоставить воспроизводимость U и площадных метрик на тех же секторальных посевах и оценить, расширяет ли площадная оценка рабочий диапазон, где слияние колоний ограничивает объектный подсчёт [21, 22].

Ограничения исследования. При интерпретации результатов следует учитывать ограничения дизайна. На каждом уровне нагрузки было по три независимых повтора, поэтому оценки разброса и вид распределений чувствительны к единичным значениям. Кроме того, оценивалась воспроизводимость конкретной цифровой метрики при фиксированном протоколе съёмки и обработки, поэтому

From a practical perspective, these findings emphasize the need to select an initial concentration at which microbial growth is sufficiently pronounced for reliable detection. Nevertheless, colony coalescence has not yet become the dominant limiting factor. Under the current protocol, the most stable results were achieved at an inoculum level of approximately 10^4 , yielding a coefficient of variation (CV) of 6.1%. For the selected test system, this observation carries both methodological and clinical relevance to dentistry. *Candida albicans* is a critical component of the oral microbiota, implicated in mucosal lesions and in biofilm formation on the surfaces of dental prostheses and orthodontic or preventive appliances [15, 16]. However, this optimal working range is not universal; it may shift depending on the specific microorganism, culture media, or cultivation conditions. Factors such as colony morphology, growth rate, and the inherent tendency toward coalescence influence the resolution of individual objects in digital images [9, 12]. Accordingly, the 10^4 concentration range should be regarded as a practical reference point for this *C. albicans* test system and a baseline for the optimization and standardization of future comparative experiments.

Digital colony counting is rarely fully automated in professional practice. In our protocol, manual correction involved removing non-colonial artifacts, with dozens of objects excluded in some instances. This fact highlights the substantial impact of background structures on the final count. Similar findings in validation studies indicate that fully automated systems underperform at high densities, and that standardized operator intervention is essential to improve agreement with manual counts [12].

Finally, for high-density sector plates, transitioning from object counting to growth-area estimation is a promising alternative. While confluence reduces the reliability of individual object counts, area-based metrics are often more robust, provided incubation and imaging are standardized [21-23]. Future research should compare the reproducibility of U with area-based metrics on the same sector plates to determine whether the latter can extend the reliable working range beyond the limits of colony confluence [21, 22].

Study limitations. Several design limitations should be considered when interpreting these results. First, because three independent replicates were performed at each inoculum level, the estimated variance and distribution patterns are sensitive to individual outliers. Second, the reproducibility of the U metric was assessed using a specific, fixed imaging and processing protocol; therefore, the transferability of these findings to different instruments or software settings requires further validation. Despite these constraints, the U metric demonstrated acceptable reproducibility on sector plates within this protocol. This finding supports its use as a semi-quantitative indicator in comparative "control vs. experiment" studies, provided that inoculation, incubation, and image-processing conditions remain constant and are accompanied by mandatory operator correction.

CONCLUSION

An assessment of the repeatability of the semi-quantitative digital growth metric U on sector plates demonstrated that, with fixed automated counting settings and operator correction, the U index effectively differentiates among initial load levels. At low loads, measurements remain unstable and occasionally yield zero values in individual replicates; conversely, in the medium-to-high range, U demonstrates significantly higher consistency. The most

переносимость выводов на другие приборы и настройки требует отдельной проверки. Несмотря на ограничения, в данном протоколе метрика U демонстрировала приемлемую воспроизводимость на секторальных чашках. Это позволяет использовать U как полуколичественный показатель для сравнительных постановок «контроль – эксперимент» при неизменных условиях посева, инкубации и обработки изображений и с обязательным учётом коррекции.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Оценка повторяемости полуколичественной цифровой метрики роста U на секторальных чашках показала, что при фиксированных настройках автоматического подсчёта и операторской коррекции показатель U позволяет различать уровни исходной нагрузки. При низких нагрузках измерения остаются нестабильными, включая нулевые значения в отдельных повторах, тогда как в диапазоне средних и высоких нагрузок U демонстрирует существенно более устойчивые значения. Наиболее воспроизводимые результаты получены на уровне порядка 10^4 , который целесообразно рассматривать как рабочий ориентир для последующих сравнительных экспериментов при неизменном протоколе посева, инкубации и цифрового анализа.

reproducible results were achieved at an inoculum level of approximately 10^4 , which serves as a reliable benchmark for subsequent comparative experiments utilizing a standardized inoculation, incubation, and digital analysis protocol.

ЛИТЕРАТУРА

1. Арутюнов СД, Царёв ВН, Ипполитов ЕВ, Апресян СВ, Трефилов АГ. Формирование биоплёнки на временных зубных протезах: соотношение процессов первичной микробной адгезии, коагрегации и колонизации. *Стоматология*. 2012;91(5):5-10.
2. Bächle J, Merle C, Hahnel S, Rosentritt M. Bacterial adhesion on dental polymers as a function of manufacturing techniques. *Materials (Basel)*. 2023;16(6):2373. <https://doi.org/10.3390/ma16062373>
3. Garre A, Egea JA, Esnoz A, Palop A, Fernandez PS. Tail or artefact? Illustration of the impact that uncertainty of the serial dilution and cell enumeration methods has on microbial inactivation. *Food Res Int*. 2019;119:76-83. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2019.01.059>
4. Marsit NM, Saadawi S, Alennabi K. Challenges of growth-based microbiological methods in sterility assurance of pharmaceutical product manufacturing. *Discov Pharm Sci*. 2025;1:13. <https://doi.org/10.1007/s44395-025-00020-6>
5. Gorsuch JP, Jones Z, Le Saint D, Kitts CL. Enumeration of industrial Bacillus assemblages in commercial products with customized plate-counting assays. *J Microbiol Methods*. 2019;164:105682. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2019.105682>
6. Panisello Yagüe D, Mihaljevic J, Mbegbu M, Wood CV, Hepp C, Kyman S, et al. Survival of *Staphylococcus aureus* on sampling swabs stored at different temperatures. *J Appl Microbiol*. 2021;131(3):1030-8. <https://doi.org/10.1111/jam.15023>
7. Zhu G, Yan B, Xing M, Tian C. Automated counting of bacterial colonies on agar plates based on images captured at near-infrared light. *J Microbiol Methods*. 2018;153:66-73. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2018.09.004>
8. Rodrigues PM, Luís J, Tavaría FK. Image analysis semi-automatic system for colony-forming-unit counting. *Bioengineering*. 2022;9(7):271. <https://doi.org/10.3390/bioengineering9070271>
9. Zhang L. Machine learning for enumeration of cell colony forming units. *Vis Comput Ind Biomed Art*. 2022;5:26. <https://doi.org/10.1186/s42492-022-00122-3>
10. Cao L, Zeng L, Wang Y, Cao J, Han Z, Chen Y, et al. U2-Net and ResNet50-based automatic pipeline for bacterial colony counting. *Microorganisms*. 2024;12(1):201. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12010201>
11. Majchrowska S, Pawłowski J, Gula G, Bonus T, Hanas A, Loch A, et al. Assessing microbial colony counting: A deep learning approach with the AGAR image dataset. *Neurocomputing (Amst)*. 2025;630:129654. <https://doi.org/10.1016/j.neucom.2025.129654>

REFERENCES

1. Arutyunov SD, Tsaryov VN, Ippolitov EV, Apresyan SV, Trefilov AG. Formirovanie bioplyonki na vremennykh zubnykh protezakh: sootnoshenie protsessov pervichnoy mikrobnoy adgezii, koagregatsii i kolonizatsii [Biofilm formation on temporary dental prostheses: relationship between primary microbial adhesion, coaggregation and colonization]. *Stomatologiya*. 2012;91(5):5-10.
2. Bächle J, Merle C, Hahnel S, Rosentritt M. Bacterial adhesion on dental polymers as a function of manufacturing techniques. *Materials (Basel)*. 2023;16(6):2373. <https://doi.org/10.3390/ma16062373>
3. Garre A, Egea JA, Esnoz A, Palop A, Fernandez PS. Tail or artefact? Illustration of the impact that uncertainty of the serial dilution and cell enumeration methods has on microbial inactivation. *Food Res Int*. 2019;119:76-83. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2019.01.059>
4. Marsit NM, Saadawi S, Alennabi K. Challenges of growth-based microbiological methods in sterility assurance of pharmaceutical product manufacturing. *Discov Pharm Sci*. 2025;1:13. <https://doi.org/10.1007/s44395-025-00020-6>
5. Gorsuch JP, Jones Z, Le Saint D, Kitts CL. Enumeration of industrial Bacillus assemblages in commercial products with customized plate-counting assays. *J Microbiol Methods*. 2019;164:105682. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2019.105682>
6. Panisello Yagüe D, Mihaljevic J, Mbegbu M, Wood CV, Hepp C, Kyman S, et al. Survival of *Staphylococcus aureus* on sampling swabs stored at different temperatures. *J Appl Microbiol*. 2021;131(3):1030-8. <https://doi.org/10.1111/jam.15023>
7. Zhu G, Yan B, Xing M, Tian C. Automated counting of bacterial colonies on agar plates based on images captured at near-infrared light. *J Microbiol Methods*. 2018;153:66-73. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2018.09.004>
8. Rodrigues PM, Luís J, Tavaría FK. Image analysis semi-automatic system for colony-forming-unit counting. *Bioengineering*. 2022;9(7):271. <https://doi.org/10.3390/bioengineering9070271>
9. Zhang L. Machine learning for enumeration of cell colony forming units. *Vis Comput Ind Biomed Art*. 2022;5:26. <https://doi.org/10.1186/s42492-022-00122-3>
10. Cao L, Zeng L, Wang Y, Cao J, Han Z, Chen Y, et al. U2-Net and ResNet50-based automatic pipeline for bacterial colony counting. *Microorganisms*. 2024;12(1):201. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12010201>
11. Majchrowska S, Pawłowski J, Gula G, Bonus T, Hanas A, Loch A, et al. Assessing microbial colony counting: A deep learning approach with the AGAR image dataset. *Neurocomputing (Amst)*. 2025;630:129654. <https://doi.org/10.1016/j.neucom.2025.129654>

12. Heuser E, Becker K, Idelevich EA. Evaluation of an automated system for the counting of microbial colonies. *Microbiol Spectr*. 2023;11(4):e0067323. <https://doi.org/10.1128/spectrum.00673-23>
13. Choi Q, Kim HJ, Kim JW, Kwon GC, Koo SH. Manual versus automated streaking system in clinical microbiology laboratory: Performance evaluation of Previ Isola for blood culture and body fluid samples. *J Clin Lab Anal*. 2018;32(5):e22373. <https://doi.org/10.1002/jcla.22373>
14. Kawamoto Y, Kaku N, Akamatsu N, Mitsumoto-Kaseida F, Takazono T, Kosai K, et al. Evaluation of automated streaking patterns in urine culture for clinical workflow optimization. *Sci Rep*. 2025;15(1):30175. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-15111-8>
15. Khan AUM, Torelli A, Wolf I, Gretz N. AutoCellSeg: Robust automatic colony forming unit (CFU)/cell analysis using adaptive image segmentation and easy-to-use post-editing techniques. *Sci Rep*. 2018;8(1):7302. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-24916-9>
16. Hogeekamp L, Hogeekamp SH, Stahl MR. Experimental setup and image processing method for automatic enumeration of bacterial colonies on agar plates. *PLoS One*. 2020;15(6):e0232869. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0232869>
17. Martini KM, Boddu SS, Nemenman I, Vega NM. Maximum likelihood estimators for colony-forming units. *Microbiol Spectr*. 2024;12(9):e0394623. <https://doi.org/10.1128/spectrum.03946-23>
18. Garre A, Zwietering MH, van Boekel MAJS. The most probable curve method – A robust approach to estimate kinetic models from low plate count data resulting in reduced uncertainty. *Int J Food Microbiol*. 2022;380:109871. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2022.109871>
19. Chen S, Huang PH, Kim H, Cui Y, Buie CR. MCount: An automated colony counting tool for high-throughput microbiology. *PLoS One*. 2025;20(3):e0311242. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0311242>
20. Bär J, Boumasmoud M, Kouyos RD, Zinkernagel AS, Vulin C. Efficient microbial colony growth dynamics quantification with ColTapp, an automated image analysis application. *Sci Rep*. 2020;10(1):16084. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-72979-4>
21. Bischof L, Převorovský M, Rallis C, Jeffares DC, Arzhaeva Y, Bähler J. Spotsizer: High-throughput quantitative analysis of microbial growth. *BioTechniques*. 2016;61(4):191-201. <https://doi.org/10.2144/000114459>
12. Heuser E, Becker K, Idelevich EA. Evaluation of an automated system for the counting of microbial colonies. *Microbiol Spectr*. 2023;11(4):e0067323. <https://doi.org/10.1128/spectrum.00673-23>
13. Choi Q, Kim HJ, Kim JW, Kwon GC, Koo SH. Manual versus automated streaking system in clinical microbiology laboratory: Performance evaluation of Previ Isola for blood culture and body fluid samples. *J Clin Lab Anal*. 2018;32(5):e22373. <https://doi.org/10.1002/jcla.22373>
14. Kawamoto Y, Kaku N, Akamatsu N, Mitsumoto-Kaseida F, Takazono T, Kosai K, et al. Evaluation of automated streaking patterns in urine culture for clinical workflow optimization. *Sci Rep*. 2025;15(1):30175. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-15111-8>
15. Khan AUM, Torelli A, Wolf I, Gretz N. AutoCellSeg: Robust automatic colony forming unit (CFU)/cell analysis using adaptive image segmentation and easy-to-use post-editing techniques. *Sci Rep*. 2018;8(1):7302. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-24916-9>
16. Hogeekamp L, Hogeekamp SH, Stahl MR. Experimental setup and image processing method for automatic enumeration of bacterial colonies on agar plates. *PLoS One*. 2020;15(6):e0232869. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0232869>
17. Martini KM, Boddu SS, Nemenman I, Vega NM. Maximum likelihood estimators for colony-forming units. *Microbiol Spectr*. 2024;12(9):e0394623. <https://doi.org/10.1128/spectrum.03946-23>
18. Garre A, Zwietering MH, van Boekel MAJS. The most probable curve method – A robust approach to estimate kinetic models from low plate count data resulting in reduced uncertainty. *Int J Food Microbiol*. 2022;380:109871. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2022.109871>
19. Chen S, Huang PH, Kim H, Cui Y, Buie CR. MCount: An automated colony counting tool for high-throughput microbiology. *PLoS One*. 2025;20(3):e0311242. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0311242>
20. Bär J, Boumasmoud M, Kouyos RD, Zinkernagel AS, Vulin C. Efficient microbial colony growth dynamics quantification with ColTapp, an automated image analysis application. *Sci Rep*. 2020;10(1):16084. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-72979-4>
21. Bischof L, Převorovský M, Rallis C, Jeffares DC, Arzhaeva Y, Bähler J. Spotsizer: High-throughput quantitative analysis of microbial growth. *BioTechniques*. 2016;61(4):191-201. <https://doi.org/10.2144/000114459>

СВЕДЕНИЯ ОБ АВТОРАХ

Харак Ясер Насерович, кандидат медицинских наук, доцент кафедры ортопедической стоматологии и цифровых технологий, Российский университет медицины

Researcher ID: AAI-6091-2021
Scopus ID: 57204823557
ORCID ID: 0000-0001-7181-8211
SPIN-код: 7217-1160
Author ID: 949859
E-mail: c.kharakh@gmail.com

Колесников Пётр Юрьевич, младший научный сотрудник лаборатории молекулярно-биологических исследований, Российский университет медицины; младший научный сотрудник лаборатории микробной экологии человека, Государственный научный центр Российской Федерации – Институт медико-биологических проблем Российской академии наук

Researcher ID: ACD-4368-2022
Scopus ID: 57954196100
ORCID ID: 0000-0003-2947-726X
SPIN-код: 3349-0841
Author ID: 1239130
E-mail: petrs8@mail.ru

Керасов Стефан Николаевич, аспирант кафедры ортопедической стоматологии и цифровых технологий, Российский университет медицины

Scopus ID: 59407222500
ORCID ID: 0009-0004-3144-2781
SPIN-код: 7994-8670
Author ID: 1277964
E-mail: stefankerasov@gmail.com

AUTHORS' INFORMATION

Kharakh Yaser Naserovich, Candidate of Medical Sciences, Associate Professor of the Department of Prosthodontic Dentistry and Digital Technologies, Russian University of Medicine

Researcher ID: AAI-6091-2021
Scopus ID: 57204823557
ORCID ID: 0000-0001-7181-8211
SPIN: 7217-1160
Author ID: 949859
E-mail: c.kharakh@gmail.com

Kolesnikov Pyotr Yuryevich, Junior Researcher, Laboratory of Human Microbial Ecology, State Scientific Center of the Russian Federation – Institute of Biomedical Problems of the Russian Academy of Sciences; Junior Researcher, Laboratory of Molecular Biological Research, Russian University of Medicine

Researcher ID: ACD-4368-2022
Scopus ID: 57954196100
ORCID ID: 0000-0003-2947-726X
SPIN: 3349-0841
Author ID: 1239130
E-mail: petrs8@mail.ru

Kerasov Stefan Nikolaevich, Postgraduate Student, Department of Prosthodontic Dentistry and Digital Technologies, Russian University of Medicine

Scopus ID: 59407222500
ORCID ID: 0009-0004-3144-2781
SPIN: 7994-8670
Author ID: 1277964
E-mail: stefankerasov@gmail.com

Алямовский Василий Викторович, доктор медицинских наук, профессор, профессор кафедры пропедевтики терапевтической стоматологии, Российский университет медицины

Researcher ID: H-8834-2012

ORCID ID: 0000-0001-6073-2324

SPIN-код: 2830-5640

Author ID: 614955

E-mail: valyamovsky@gmail.com

Оганесян Артак Степанович, соискатель кафедры ортопедической стоматологии и цифровых технологий, Российский университет медицины

ORCID ID: 0009-0009-5127-7847

SPIN-код: 3051-2946

Author ID: 1217531

E-mail: artac@yandex.ru

Царёв Виктор Николаевич, доктор медицинских наук, профессор, заведующий кафедрой микробиологии, вирусологии, иммунологии, Российский университет медицины

Scopus ID: 7005569282

ORCID ID: 0000-0002-3311-0367

SPIN-код: 8180-4941

Author ID: 638394

E-mail: nikola777@rambler.ru

Арутюнов Сергей Дарчоевич, доктор медицинских наук, профессор, заведующий кафедрой ортопедической стоматологии и цифровых технологий, Российский университет медицины

Researcher ID: AAG-1917-2020

Scopus ID: 6601980084

ORCID ID: 0000-0001-6512-8724

SPIN-код: 1052-4131

Author ID: 262790

E-mail: sd.arutyunov@mail.ru

Конфликт интересов: отсутствует

Информация об источнике поддержки в виде грантов, оборудования, лекарственных препаратов

Финансовой поддержки со стороны компаний-производителей лекарственных препаратов и медицинского оборудования авторы не получали

Конфликт интересов: отсутствует

✉ АДРЕС ДЛЯ КОРРЕСПОНДЕНЦИИ:

Харах Ясер Насерович

кандидат медицинских наук, доцент кафедры ортопедической стоматологии и цифровых технологий, Российский университет медицины

127006, Российская Федерация, г. Москва, ул. Долгоруковская, 4

Тел.: + 7 (916) 9618007

E-mail: c.kharakh@gmail.com

ВКЛАД АВТОРОВ

Разработка концепции и дизайна исследования: ХЯН, АВВ, ЦВН, АСД

Сбор материала: КРЮ, КСН, ОАС

Статистическая обработка данных: ХЯН

Анализ полученных данных: КРЮ, АВВ, ЦВН, АСД

Подготовка текста: КСН, ОАС

Редактирование: АВВ, АСД

Общая ответственность: ХЯН, КРЮ, КСН, АВВ, ОАС, ЦВН, АСД

Alyamovskiy Vasily Viktorovich, Doctor of Medical Sciences, Full Professor, Professor of the Department of Propedeutics of Therapeutic Dentistry, Russian University of Medicine

Researcher ID: H-8834-2012

ORCID ID: 0000-0001-6073-2324

SPIN: 2830-5640

Author ID: 614955

E-mail: valyamovsky@gmail.com

Oganessian Artak Stepanovich, Applicant for a Scientific Degree, Department of Prosthodontic Dentistry and Digital Technologies, Russian University of Medicine

ORCID ID: 0009-0009-5127-7847

SPIN: 3051-2946

Author ID: 1217531

E-mail: artac@yandex.ru

Tsaryov Viktor Nikolaevich, Doctor of Medical Sciences, Full Professor, Head of the Department of Microbiology, Virology and Immunology, Russian University of Medicine

Scopus ID: 7005569282

ORCID ID: 0000-0002-3311-0367

SPIN: 8180-4941

Author ID: 638394

E-mail: nikola777@rambler.ru

Arutyunov Sergey Darchoevich, Doctor of Medical Sciences, Full Professor, Head of the Department of Prosthodontic Dentistry and Digital Technologies, Russian University of Medicine

Researcher ID: AAG-1917-2020

Scopus ID: 6601980084

ORCID ID: 0000-0001-6512-8724

SPIN: 1052-4131

Author ID: 262790

E-mail: sd.arutyunov@mail.ru

Conflicts of interest: The authors have no conflicts of interest

Information about support in the form of grants, equipment, medications

The authors did not receive financial support from manufacturers of medicines and medical equipment

Conflicts of interest: The authors have no conflicts of interest

✉ ADDRESS FOR CORRESPONDENCE:

Kharakh Yaser Naserovich

Candidate of Medical Sciences, Associate Professor of the Department of Prosthodontic Dentistry and Digital Technologies, Russian University of Medicine

127006, Russian Federation, Moscow, Dolgorukovskaya str., 4

Tel.: +7 (916) 9618007

E-mail: c.kharakh@gmail.com

AUTHOR CONTRIBUTIONS

Conception and design: KhYaN, AVV, TVN, ASD

Data collection: KPYu, KSN, OAS

Statistical analysis: KhYaN

Analysis and interpretation: KPYu, AVV, TVN, ASD

Writing the article: KSN, OAS

Critical revision of the article: AVV, ASD

Overall responsibility: KhYaN, KPYu, KSN, AVV, OAS, TVN, ASD

Поступила 13.02.26

Принята в печать 28.05.26

Submitted 13.02.26

Accepted 28.05.26