Научно-исследовательский институт гигиены, токсикологии, эпидемиологии, вирусологии и микробиологии РЦГЭиОЗ

Международная научно-практическая конференция «Здоровье и окружающая среда», приуроченная к 100-летию санитарно-эпидемиологической службы Республики Беларусь, 19-20.11.2026

Сателлитная конференция «Новые концепции и методы в микробиологии, вирусологии и иммунологии»

Молекулярно-генетическая диагностика лептоспироза: детекция ДНК и оценка генотипического разнообразия патогенных лептоспир в клинических образцах пациентов

Лютина Я.В., Семёнов С.Ф., Климович О.В., Гудкова Е.И.

Лептоспироз представляет собой острое природно-очаговое зоонозное заболевание с высоким риском летальности (до 20%), эффективность лечения которого напрямую зависит от назначения антибактериальной терапии в первые 3–5 дней болезни. В связи с этим особое значение приобретает ранняя экспресс-диагностика с использованием молекулярно-генетических методов, способных выявлять ДНК возбудителя в первые дни лихорадки.

ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ

Провести комплексный молекулярно-генетический анализ результатов детекции ДНК и генотипирования патогенных лептоспир в биологическом материале от людей в Республике Беларусь за период с апреля 2023 г. по октябрь 2026 г.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Объект исследования: 989 образцов биологического материала (цельная кровь, плазма, сыворотка, аутопсийный материал) от пациентов с клиническими проявлениями, не исключающими лептоспирозную инфекцию, поступивших из всех 6 областей Республики Беларусь (г. Минск, 5 областных центров, 84 административных района).

Молекулярно-генетическое исследование включало:
- детекцию ДНК патогенных *Leptospira spp.* методом ПЦР в режиме реального времени (мишень — ген *lipL32*);
- генотипирование подгруппы ДНК-позитивных образцов (n = 7) путем секвенирования фрагментов гена *secY* по Сэнгеру с последующим филогенетическим анализом (таблица).

Таблица. Нуклеотидные последовательности праймеров, использованные для детекции и генотипирования патогенных лептоспир

Праймеры	Нуклеотидная последовательность
Олигонуклеотиды для выявления патогенных лептоспир методом ПЦР-РВ	
Lepto8Lipl32 F	5’- TATGATTTCCCCAACAGGCGA - 3’
Lepto8Lipl32 R	5’- CGCCGACATTCTTTCTACACG- 3’
Lepto8Lipl32 P	[HEX] 5’- GGCGACGGAGACTTAGTAAGCGA- 3’ [BHQ-1]
Олигонуклеотиды для генотипирования патогенных лептоспир	
Lepto2_secY F	5’- AGTCAAGAATGGGCTGGATGG- 3’
Lepto2_secY R	5’- GGTGCTAATGCCAAACCTGC- 3’

РЕЗУЛЬТАТЫ

Частота выявления ДНК возбудителя лептоспироза в исследованном биоматериале составила 3,9% (39/989). Территориальное распределение положительных находок носило неравномерный характер с выраженным доминированием Гомельской (n = 17; 44,0% от общего пула позитивных проб) и Могилевской (n = 11; 28,2%) областей. В остальных регионах зафиксирована меньшая частота выявления патогена: в Гродненской и Минской областях — по 10,3% случаев (по n = 4), в Витебской - 7,7% (n = 3) (рисунок).



Рисунок - Карта выявления генетического материала возбудителя лептоспироза среди биологического материала от людей в разных регионах Республики Беларусь

Результаты секвенирования и последующего биоинформатического анализа специфических фрагментов генома подтвердили циркуляцию трех видов патогенных лептоспир среди населения республики. В исследованных клинических образцах идентифицирована ДНК видов *Leptospira interrogans* (n=3), *Leptospira borgpetersenii* (n=3) и *Leptospira kirschneri* (n=1).

ВЫВОДЫ

Таким образом, подтверждена циркуляция видов *L. interrogans, L. borgpetersenii u L. kirschneri* на территории природных очагов Республики Беларусь с преобладанием частоты детекции ДНК патогенных лептоспир в клиническом материале от пациентов в юго-восточном регионе страны (Гомельская и Могилевская области). Полученные данные обосновывают необходимость системного внедрения молекулярно-генетических методов детекции и типирования патогена в практику здравоохранения для повышения эффективности лабораторной диагностики и оптимизации эпидемиологического слежения за лептоспирозной инфекцией.

lab.biosafety@belriem.by