

Осипкина О.В.<sup>1</sup>, Воропаев Е.В.<sup>1</sup>, Воропаева А.В.<sup>2</sup>,  
Рымко А.Н.<sup>3</sup>, Акалович С.Т.<sup>3</sup>, Бонда Н.А.<sup>1</sup>

### ОЦЕНКА АНАЛИТИЧЕСКИХ ХАРАКТЕРИСТИК РАЗРАБОТАННОГО МЕТОДА КОЛИЧЕСТВЕННОГО ОПРЕДЕЛЕНИЯ ДНК TORQUE TENO VIRUS

<sup>1</sup>УО «Гомельский государственный медицинский университет», г. Гомель, Беларусь

<sup>2</sup>ГУ «Республиканский научно-практический центр радиационной медицины и экологии человека», г. Гомель, Беларусь

<sup>3</sup>ООО «АртБиоТех», г. Минск, Беларусь

**Введение.** АнеЛОВИРУСЫ являются одними из самых распространенных человеческих вирусов, считаются частью человеческого виroma. Определение вирусной нагрузки Torque teno virus (TTV, Alphatorquevirus homin) представляет интерес для использования в качестве биомаркера в трансплантологии и других областях, таких как ревматология, онкология и инфекционные заболевания, что обуславливает актуальность разработки количественных методов определения.

**Цель.** Оценить аналитические характеристики разработанного метода количественного определения ДНК TTV.

**Материалы и методы.** Для разработки молекулярно-генетического метода для качественного выявления и количественной оценки ДНК TTV выбрана полимеразная цепная реакция в реальном времени в формате мультиплекс. В качестве биологического материала использованы лейкоциты и плазма крови, назофарингеальные мазки, слюна здоровых добровольцев и пациентов с установленным диагнозом вторичного иммунодефицитного состояния на фоне основного заболевания.

**Результаты.** Разработаны оригинальные олигонуклеотидные праймеры и молекулярный зонд к консервативному региону генома TTV, а также молекулярные зонды к участку ДНК β-глобинового гена человека и внутреннего контрольного образца (ВКО), выбраны праймеры к участку ДНК β-глобинового гена человека и ВКО, проведена оптимизация состава реакционной смеси и программ амплификации. Структура праймеров и зондов для выявления ДНК TTV и определения вирусной нагрузки: ttv-прямой-5'-cc[+g]aatg[+g][+c]tgagtt-3' ([+N] – LNA-модификация), ttv-обратный-5'-gcccttgactbcggt-3', ttv-зонд-HEX-cggcaccggcct-MGB; праймеры и зонды для выявления участка ДНК β-глобинового гена человека: β-глобин-прямой-5'-tgcacgtggatcctgagaact-3', β-глобин-обратный-5'-aattctttgccaagtgtatggg-3', β-глобин-зонд-5'-FAM-caggctcctgggcaactgtctg -BHQ1-3'; праймеры и зонды для выявления ДНК внутреннего контрольного образца: ВКО-прямой-5'-gtcgcggtaattggcgc-3', ВКО-обратный-5'-ggccacgtgtttgatcga-3', ВКО-зонд-5'-FAM-atctctgttagggcaagatcggsacaggsa-BHQ1-3'. Синтез праймеров и зондов осуществлен в ООО «АртБиоТех» (РБ). Разработан метод количественного определения ДНК TTV, определены аналитические характеристики разработанного метода (чувствительность, специфичность, диапазон, воспроизводимость). Аналитическая чувствительность метода составила 500 копий/мл. Диапазон количественной оценки набора составляет 1500 копий/мл – 10<sup>8</sup> копий/мл. Воспроизводимость оценена по результатам, полученным разработанным методом на идентичных образцах в разных лабораториях с использованием различ-

ного оборудования. Аналитическая специфичность определена in silico с помощью программного приложения Nucleotide BLAST (свободный доступ <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>), а также при исследовании клинического материала с последующим подтверждением результата методом секвенирования, полученные нуклеотидные последовательности депонированы в международный генный банк GenBank NCBI.

**Заключение.** Определены аналитические характеристики разработанного метода количественного определения ДНК TTV, позволяющего проводить выявление и количественное определение ДНК TTV человека в различных образцах биологического материала.

Охремчук Е.В.<sup>1,2</sup>, Валентович Л.Н.<sup>2</sup>, Тонко О.В.<sup>3,4</sup>,  
Гасич Е.А.<sup>1</sup>, Коломиец Н.Д.<sup>4</sup>

### ГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ ДВУХ КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ БАКТЕРИЙ *LEGIONELLA* *PNEUMOPHILA*, ВЫДЕЛЕННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ

<sup>1</sup>НИИ гигиены, токсикологии, эпидемиологии,  
вирусологии и микробиологии

ГУ «Республиканский центр гигиены, эпидемиологии  
и общественного здоровья»,

г. Минск, Республика Беларусь

<sup>2</sup>Институт микробиологии НАН Беларуси, г. Минск,  
Республика Беларусь

<sup>3</sup>Городская детская инфекционная клиническая  
больница, г. Минск, Республика Беларусь

<sup>4</sup>Белорусский государственный медицинский  
университет, г. Минск, Республика Беларусь

Бактерии вида *Legionella pneumophila* являются причиной более 90% клинически зарегистрированных случаев легионеллёза. Несмотря на относительно низкий уровень заболеваемости (10–15 случаев на миллион населения), в последние годы наблюдается устойчивая тенденция к её росту во всём мире. Этому способствует урбанизация, старение населения, глобальные изменения климата, а также совершенствование систем мониторинга возбудителей инфекционных заболеваний. Все чаще в эпидемиологических исследованиях случаев легионеллёза используют полногеномное секвенирование, так как данный подход позволяет установить генетическое родство между штаммами, оценить степень вирулентности и устойчивости к антимикробным препаратам, описать другие индивидуальные особенности генетической организации бактерий, что в целом способствует разработке мер для профилактики инфекции.

**Целью** данной работы являлся сравнительный анализ геномов двух изолятов *L. pneumophila*, выделенных из образцов бронхоальвеолярного лаважа одного пациента.

Установлено, что оба генома представлены одной кольцевой хромосомой с показателем средней нуклеотидной идентичности 99,5%. ГЦ-содержание геномов составило 38,5%, размер хромосом отличался незначительно: 3 420 918 п.н. в случае штамма 11052018-5 и 3 420 896 для штамма 18052018. Изучаемые легионеллы принадлежат к различным сиквенс-типам: 2441 (*L. pneumophila* 11052018-5) и 963 (*L. pneumophila* 18052018). В отличие от штамма 11052018-5, геном *L. pneumophila* 18052018 содержит одну неполную профаговую область размером 30,7

т.п.н. (ГЦ-содержание – 37,2%). Примечательно, что оба генома содержат идентичный набор компонентов систем защиты от фагов. Поиск факторов вирулентности в геномах легионелл выявил наличие 11 генов адгезии, 2 генов, способствующих выживанию внутри клеток хозяина, 11 генов инвазии, генов поглощения железа (12 для штамма 11052018-5 и 13 в геноме *L. pneumophila* 18052018), 5 регуляторных генов, генов систем секреции II и IV типа (73 в геноме штамма 11052018-5 и 74 в геноме *L. pneumophila* 18052018), а также 1 ген токсина. Анализа генов устойчивости к антимикробным препаратам выявил, что оба генома содержат ген *aph(9)-Ia*, продукт которого участвует в инактивации спектиномицина, а также ген *adeF*, продукт которого участвует в выведении соединений фторхинолонового и тетрациклинового ряда. Помимо упомянутых, в геноме *L. pneumophila* 11052018-5 присутствовал ген фосфомицинтиолтрансферазы *fosA8*.

Таким образом, сравнительный анализ двух изолятов *L. pneumophila*, выделенных от одного пациента с легионеллёзом, выявил как общее геномное сходство, так и различия, потенциально влияющие на вирулентность и устойчивость к терапии. Эти данные позволяют предположить возможность инфицирования несколькими генетически различными штаммами, что важно учитывать при диагностике и эпидемиологическом слежении.

**Павелкина В.Ф., Дворецкова С.Ю., Амплеева Н.П., Игнатъев В.Н.**

#### **ЭФФЕКТИВНОСТЬ И БЕЗОПАСНОСТЬ ГЕНОТИП-СПЕЦИФИЧЕСКОЙ ПРОТИВОВИРУСНОЙ ТЕРАПИИ ХРОНИЧЕСКОГО ГЕПАТИТА С**

*ФГБОУ ВО «Национальный исследовательский Мордовский государственный университет им. Н.П. Огарёва», г. Саранск, Россия*

**Актуальность.** Хронический гепатит С (ХГС) – повсеместно распространенная инфекция, для которой характерно развитие тяжелых осложнений – цирроза печени, гепатоцеллюлярной карциномы и даже летального исхода. Благодаря противовирусным препаратам прямого действия имеется возможность предотвратить формирование осложнений и полностью элиминировать вирус из организма.

**Цель работы.** Изучить эффективность и безопасность применения препарата Гразопревил + Элбасвир (Зепатир) у пациентов с хроническим гепатитом С, 1b генотипом.

**Материалы и методы.** Ретроспективно проанализировано 20 медицинских карт пациентов, которым проводили лечение в дневном стационаре ГБУЗ Республики Мордовия «Республиканская инфекционная клиника больницы» и 22 амбулаторных карт пациентов, лечившихся в поликлиниках г. Саранска. Диагноз был подтвержден методом ПЦР путем идентификации РНК HCV в венозной крови. Степень фиброза печени оценивали по результатам эластометрии (аппарат FibroScan 502, Франция). В качестве этиотропной терапии больные получали генотип-специфический препарат Гразопревил 100 мг + Элбасвир 50 мг (Зепатир), перорально, один раз в сутки. Об элиминации вируса гепатита С судили спустя 12 недель после окончания терапии. Проведен анализ параметров общего анализа крови (лейкоциты, гемоглобин, тромбоциты, СОЭ), биохимического анализа крови (общий билирубин,

АлТ, АсТ, гамма-глутамилтранспептидазы (ГГТП), щелочной фосфатазы (ЩФ). Период наблюдения – до начала лечения, спустя курс противовирусной терапии – ПВТ (8 или 12 недель).

**Результаты.** В исследуемой группе пациентов ХГС чаще регистрировался у женщин – 22 больных (52,38%), мужчин было 20 (47,62 %). Средний возраст выборки составил 54,2±3,8 года. Основную группу исследуемых лиц составляли пациенты, не имеющие фиброза или 1 и 2 его степени – 38 больных (90,48%). Длительность этиотропной терапии у них составила 8 недель. У 4-х пациентов (9,52%) был диагностирован фиброз 3 и 4 степени. Длительность ПВТ у них составила 12 недель.

До старта противовирусной терапии основной жалобой у больных была общая слабость. В параметрах общего анализа крови отличий от референсных значений не выявлено. В динамике показателей билирубина до и после ПВТ достоверной разницы не отмечено, они не отличались от контрольных значений. В динамике других параметров холестатического синдрома – ЩФ и ГГТП зарегистрировано их снижение ( $p < 0,05$ ).

Особенно показательной была динамика цитолитического синдрома, определяемая по активности аминотрансфераз. В биохимическом анализе крови до начала ПВТ АлТ составляла 56,7±7,9 Ед/л, АсТ – 49,7±6,1 Ед/л. После завершения ПВТ отмечено достоверное снижение активности вышеуказанных ферментов, уровень АлТ уменьшался до 23,3±3,7 Ед/л ( $p < 0,05$ ), АсТ – до 18,3±2,6 Ед/л ( $p < 0,05$ ).

**Выводы.** Препарат Гразопревил + Элбасвир (Зепатир) хорошо переносился, не зарегистрировано побочных и нежелательных явлений. Он эффективно корригировал цитолитический синдром, после противовирусной терапии отмечалась нормализация аминотрансфераз. Через 12 недель после окончания специфической терапии произошла полная элиминация вируса, что расценивается как устойчивый вирусологический ответ.

Павелкина Вера Федоровна, зав. кафедрой инфекционных болезней ФГБОУ ВО «Национальный исследовательский Мордовский государственный университет им. Н.П. Огарёва», д.м.н. профессор – 8-937-513-46-59

**Павленко Е.В.<sup>1</sup>, Тюрина Е.Б.<sup>1,2</sup>, Тюрин Д.С.<sup>1,2</sup>, Бурцев А.Р.<sup>1</sup>**

#### **ЛЕКАРСТВЕННАЯ УСТОЙЧИВОСТЬ ВОЗБУДИТЕЛЯ ТУБЕРКУЛЕЗА У МИГРАНТОВ В БЕЛГОРОДСКОЙ ОБЛАСТИ**

*<sup>1</sup>Белгородский государственный национальный исследовательский университет (НИУ «БелГУ»), Белгород, Россия*

*<sup>2</sup>Областное государственное казенное учреждение здравоохранения «Противотуберкулезный диспансер», Белгород, Россия*

**Введение.** Туберкулез остается серьезной проблемой общественного здравоохранения во всем мире, в том числе и в России [1]. В Белгородской области эпидситуация по туберкулезу благополучна [2], однако, учитывая приграничное положение области и значительные миграционные потоки из сопредельных территорий, есть угроза заноса туберкулеза и изменения эпидситуации, в том числе по туберкулезу с лекарственной устойчивостью, в худшую сторону. Это диктует необходимость анализа структуры

МИНИСТЕРСТВО ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ  
УЧРЕЖДЕНИЕ ОБРАЗОВАНИЯ «ГОМЕЛЬСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ МЕДИЦИНСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ»  
НАУЧНОЕ ОБЩЕСТВО ИНФЕКЦИОНИСТОВ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ  
МЕЖДУНАРОДНАЯ ОБЩЕСТВЕННАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ «ЕВРО-АЗИАТСКОЕ ОБЩЕСТВО  
ПО ИНФЕКЦИОННЫМ БОЛЕЗНЯМ»  
ООО «МАЙМЕДИАМЕД»  
ООО «МАЙС ПАРТНЕР»

**ТРЕТИЙ ГОМЕЛЬСКИЙ  
МЕЖДУНАРОДНЫЙ  
КОНГРЕСС  
ИНФЕКЦИОННЫЕ БОЛЕЗНИ,  
МИКРОБИОЛОГИЯ  
И ИММУНОЛОГИЯ**

**11–12 сентября 2025 года**

**Гомель  
Беларусь**