

Тонко О.В.<sup>1</sup>, Буландо В.Д.<sup>2</sup>, Коломиец Н.Д.<sup>2</sup>, Ханенко О.Н.<sup>2</sup>, Соколова М.В.<sup>1</sup>, Романова О.Н.<sup>3</sup>, Ерчак Е.И.<sup>1</sup>, Левшина Н.Н.<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Городская детская инфекционная клиническая больница, Минск, Беларусь

<sup>2</sup> Институт повышения квалификации и переподготовки кадров здравоохранения Белорусского государственного медицинского университета, Минск, Беларусь

<sup>3</sup> Белорусский государственный медицинский университет, Минск, Беларусь

<sup>4</sup> Минский городской центр гигиены и эпидемиологии, Минск, Беларусь

## Типирование пневмококков, выделенных в Республике Беларусь

**Введение.** Пневмококковая инфекция (*Streptococcus pneumoniae*) проявляется в виде широкого спектра заболеваний, включая неинвазивные формы (бронхиты, средние отиты, конъюнктивиты, синуситы) и инвазивные формы (менингит, сепсис), представляющие наибольшую угрозу для жизни. В Республике Беларусь до 2025 года вакцинация против пневмококковой инфекции не была включена в Национальный календарь профилактических прививок для детей, не относящихся к группам риска. Кроме того, несмотря на развитие системы молекулярно-генетического мониторинга инфекционных заболеваний, в стране отсутствуют коммерческие тест-системы для молекулярно-

генетического серотипирования *S. pneumoniae*, что затрудняет эпидемиологический надзор за циркулирующими штаммами.

**Цель.** Разработка метода генотипирования *S. pneumoniae* с последующей идентификацией серотипового пейзажа штаммов, выделенных от госпитализированных детей.

**Материалы и методы.** В исследовании использованы клинические изоляты *S. pneumoniae*, выделенные из биоматериалов пациентов детского возраста, госпитализированных с инфекциями различной локализации: отделяемое среднего уха при остром среднем отите, мокрота и отделяемое дыхательных путей при пневмонии, кровь при подозрении на бактериемию (сепсис) и ликвор при менингеальной симптоматике. Определение генотипа проводилось методом мультиплексной полимеразной цепной реакции в режиме реального времени (ПЦР-РВ). Выделение ДНК из культур микроорганизмов в жидкой питательной среде проводилось с помощью набора по выделению ДНК «НУКЛЕОСОРБ». Мишени амплификации для контроля в пробе генов *S. pneumoniae*: *lytA* (аутолизин, видоспецифичный маркер) и *cpsA* (участвует в биосинтезе капсульных полисахаридов). Для дифференциации серотипов использовали специфичные праймеры и зонды, направленные на переменные участки капсульного локуса (*cps*), характерные для следующих серогрупп и серотипов: 15A/15F, 18C/18A/18B/18F, 16F, 19A, 19F, 23F, 3,4,5, 6A/6B/6C/6D, 7F/7A, 9V/9A, 9L/N, 11A/11D, 12F/12A/12B/44/46,14.

**Результаты.** На основании анализа литературных источников изучены методы молекулярного типирования *S. pneumoniae* и подобраны специфичные олигонуклеотидные последовательности, соответствующие наиболее эпидемиологически значимым серотипам пневмококка. Из 26 исследованных изолятов *S. pneumoniae* распределение серотипов было следующим: 19F – 7 изолятов (26,9%), 3 – 6 изолятов (23,1%), 23F – 3 изолята (11,5%), 5 – 2 изолята (7,7%), 19A – 2 изолята (7,7%), нетипируемые (NT) – 6 изолятов (23,1%).

**Заключение.** Высокая доля 19F согласуется с глобальными данными о его распространенности в детской популяции. Серотипы 19F, 3, 23F, 5 и 19A входят в состав наиболее используемых вакцин, что подтверждает актуальность внедрения рутинной вакцинации для профилактики инвазивных форм инфекции в регионе.

---