

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-2-72-78

УДК 579.834.115(470.23-25)

Р.Р. Баимова¹, Е.Г. Рябико¹, Д.И. Гречишкина¹, И.А. Кармоков¹, Э.С. Халилов¹, И.С. Лызенко¹,
Г.А. Лунина¹, Ю.В. Останкова¹, Н.К. Токаревич¹, И.Р. Желтакова², И.А. Чмырь²

Выявление и генотипирование патогенных лептоспир, циркулирующих среди грызунов на территории Санкт-Петербурга

¹ФБУН «Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера», Санкт-Петербург, Российская Федерация; ²ФКУЗ «Северо-Западная противочумная станция», Санкт-Петербург, Российская Федерация

Цель – определение инфицированности различными геновидами лептоспир диких и синантропных мелких млекопитающих, собранных на территории Санкт-Петербурга. **Материалы и методы.** Сбор диких и синантропных мелких млекопитающих проводился с сентября по октябрь 2021 г. с использованием ловушек типа Геро в Курортном и Кировском районах Санкт-Петербурга. Исследование образцов на наличие ДНК *Leptospira* spp. проводилось методом ПЦР с использованием праймеров, подобранных по фрагменту гена *lipL32*. Генотипирование образцов проводили с использованием праймеров по фрагментам генов *secY* и *rpoB*. **Результаты и обсуждение.** ДНК патогенных лептоспир выявлена в 8 образцах, что составило $(4,2 \pm 1,5) \%$ от общего количества образцов (190). Инфицированность серых крыс, собранных на территории Кировского района, составила $(11,1 \pm 5,2) \%$ (4/36). Инфицированность диких грызунов, собранных на территории Курортного района, – у желтогорлых мышей $(3,7 \pm 2,6) \%$ (2/54), а у рыжих полевков $(2,0 \pm 1,4) \%$ (2/100). По результатам анализа последовательностей, полученных при секвенировании, выявлена циркуляция двух патогенных видов лептоспир – *L. interrogans* и *L. borgpetersenii*. Полученные нами результаты подтверждают циркуляцию лептоспир как среди диких, так и среди синантропных мелких млекопитающих. Филогенетические виды патогенных лептоспир, выявленные в нашем исследовании, типичны и ассоциированы с исследованными грызунами. С целью профилактики заболевания людей необходимо продолжать исследования, направленные на выявление циркуляции возбудителей в популяциях диких и синантропных мелких млекопитающих. Необходимо проведение дератизационных мероприятий и мероприятий, направленных на разъяснение жителям Санкт-Петербурга мер защиты и профилактики.

Ключевые слова: лептоспиры, лептоспироз, грызуны, Санкт-Петербург.

Корреспондирующий автор: Баимова Регина Равиловна, e-mail: baimova@pasteurorg.ru.

Для цитирования: Баимова Р.Р., Рябико Е.Г., Гречишкина Д.И., Кармоков И.А., Халилов Э.С., Лызенко И.С., Лунина Г.А., Останкова Ю.В., Токаревич Н.К., Желтакова И.Р., Чмырь И.А. Выявление и генотипирование патогенных лептоспир, циркулирующих среди грызунов на территории Санкт-Петербурга. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 2:72–78. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-2-72-78

Поступила 07.08.2024. Отправлена на доработку 20.02.2025. Принята к публикации 19.03.2025.

R.R. Baimova¹, E.G. Riabiko¹, D.I. Grechishkina¹, I.A. Karmokov¹, E.S. Khalilov¹, I.S. Lyzenko¹,
G.A. Lunina¹, Yu.V. Ostankova¹, N.K. Tokarevich¹, I.R. Zheltakova², I.A. Chmyr²

Identification and Genotyping of Pathogenic *Leptospira* Circulating among Rodents in the City of St. Petersburg

¹St. Petersburg Pasteur Research Institute of Epidemiology and Microbiology, St. Petersburg, Russian Federation;

²Northwest Plague Control Station, St. Petersburg, Russian Federation

Abstract. The aim of the work was to determine the rate of infection by various *Leptospira* genomospecies of wild and synanthropic small mammals collected on the territory of St. Petersburg. **Materials and methods.** The capture of wild and synanthropic small mammals was carried out using Gero-type traps in the Kurortny and Kirovsky districts of St. Petersburg between September and October, 2021. The study of samples for the presence of *Leptospira* spp. DNA was performed applying PCR with primers selected for the *lipL32* gene fragment. Genotyping of samples was conducted using primers for fragments of the *secY* and *rpoB* genes. **Results and discussion.** DNA of pathogenic *Leptospira* was detected in 8 samples, which amounted to $(4.2 \pm 1.5) \%$ of the total number of samples (190). The infection rate of gray rats collected in the Kirovsky district was $(11.1 \pm 5.2) \%$ (4/36). The infection rate of wild rodents collected in the Kurortny district was $(3.7 \pm 2.6) \%$ (2/54) for yellow-throated mice, and $(2.0 \pm 1.4) \%$ for bank voles (2/100). Based on the results of analysis of sequences obtained, the circulation of two pathogenic *Leptospira* species, *L. interrogans* and *L. borgpetersenii*, has been established. Our results confirm the circulation of *Leptospira* both among wild and synanthropic small mammals. The phylogenetic species of pathogenic *Leptospira* identified in our study are typical and associated with the studied rodents. In order to prevent the disease in humans, it is necessary to continue research aimed at identifying the circulation of pathogens in populations of wild and synanthropic small mammals. Deratization and activities aimed at educating residents of St. Petersburg about protection and prevention measures are required.

Key words: leptospira, leptospirosis, rodents, St. Petersburg.

Conflict of interest: The authors declare no conflict of interest.

Funding: The authors declare no additional financial support for this study.

Bioethics: All stages of the study complied with the legislation of the Russian Federation, international ethical standards and regulatory documents of the institution. The study protocol was approved by the commission of the local ethics committee of the Pasteur Research Institute of Epidemiology and Microbiology of the Federal Service for Surveillance on Consumers Rights Protection and Human Wellbeing (protocol dated 13 Jan 2022, No. 75).

Corresponding author: Regina R. Baimova, e-mail: baimova@pasteurorg.ru.

Citation: Baimova R.R., Riabiko E.G., Grechishkina D.I., Karmokov I.A., Khalilov E.S., Lyzenko I.S., Lunina G.A., Ostankova Yu.V., Tokarevich N.K., Zheltakova I.R., Chmyr I.A. Identification and Genotyping of Pathogenic *Leptospira* Circulating among Rodents in the City of St. Petersburg. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2025; 2:72–78. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-2-72-78

Received 07.08.2024. Revised 20.02.2025. Accepted 19.03.2025.

Baimova R.R., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0145-2653>
Riabiko E.G., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8738-3021>
Grechishkina D.I., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7295-5736>
Karmokov I.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3820-7106>
Khalilov E.S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0599-4302>
Lyzenko I.S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8112-7879>

Lunina G.A., ORCID: <https://orcid.org/0009-0006-5832-4966>
Ostankova Yu.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2270-8897>
Tokarevich N.K., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6433-3486>
Zheltakova I.R., ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-9273-8223>
Chmyr I.A., ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-1430-7180>

Лептоспироз – острое бактериальное заболевание, распространенное по всему миру. Ежегодно регистрируется около миллиона случаев заболеваний у человека [1]. На территории Российской Федерации природные очаги лептоспироза распространены повсеместно. Структура местообитаний исследованных лептоспиросителей на 2022 г. формировалась следующим образом: 43,3 % – лесокустарниковые станции, 32,6 % – открытые луго-полевые станции, 15,7 % – околородные станции, 5,6 % – постройки человека и 2,3 % – закрытые луго-полевые станции. Несмотря на тренд к снижению заболеваемости, активность отдельных природных и антропоургических очагов сохраняет актуальность проблемы лептоспироза в России [2].

Заболевание вызывают бактерии спирохеты рода *Leptospira*, которые могут заражать как человека, так и животных [3]. Сохраняясь в проксимальных канальцах почек инфицированных животных бактерии выделяются во внешнюю среду с мочой, тем самым загрязняя почву, поверхностные воды, ручьи и реки. Заражение человека происходит при прямом контакте с инфицированной мочой, с инфицированными животными или, особенно, через загрязненную окружающую среду, особенно при наличии ссадин или порезов на коже [4].

Тяжесть течения лептоспироза варьируется от бессимптомного и самокупирующегося заболевания, до тяжелых форм, связанных с поражениями внутренних органов, и летальных исходов [1].

Несмотря на большое количество резервуарных организмов для лептоспир, грызуны считаются основным источником данной инфекции [5]. Урбанизация и субурбанизация приводят к освоению и заселению новых территорий, что обуславливает повышение взаимодействия человека с популяциями диких мелких млекопитающих, являющихся резервуарами целого ряда инфекционных заболеваний.

Эпидемиологические расследования заболеваний лептоспирозом чаще всего основываются на классической серологической классификации патогенных лептоспир. Однако данная методика имеет ряд ограничений, в том числе связанных с трудо-

емкостью культивирования штаммов. Современные молекулярные методы диагностики и видовой дифференциации лептоспир являются достойной альтернативой серотипированию: изучение нуклеотидной последовательности ряда фрагментов ДНК патогена, формирование видоспецифичного MALDI-ToF масс-спектра [6–8].

Целью исследования являлось определение инфицированности различными геномидами лептоспир диких и синантропных мелких млекопитающих, собранных на территории Санкт-Петербурга.

Материалы и методы

Сбор диких и синантропных мелких млекопитающих проводился с сентября по октябрь 2021 г. с использованием ловушек типа Геро в Курортном и Кировском районах Санкт-Петербурга. В Курортном районе собрано 154 особи, видовое разнообразие составляли желтогорлая мышь (*Apodemus flavicollis*) – 54 и рыжая полевка (*Myodes glareolus*) – 100. На территории Кировского района собрано 36 особей серых крыс (*Rattus norvegicus*).

Отловленных грызунов помещали в автомобильный холодильник с температурой +5 °C и доставляли в лабораторию. Видовая идентификация и препарация грызунов проводились в соответствии со стандартными зоологическими методиками. Из исследуемых грызунов извлекали обе почки и подвергали гомогенизации. В пробирки для гомогенизации, с утолщенными стенками, объемом 2 мл, добавляли 400 мкл фосфатно-солевого буфера (PBS) и два стальных шарика. Гомогенизацию проводили на приборе FastPrep-24 (MP Biomedicals) в течение 40 с при 4.0 M/S. Образцы центрифугировали 5 мин при 13,4 об/мин, из супернатанта в объеме 100 мкл выделяли нуклеиновые кислоты. Экстракцию геномной ДНК проводили с использованием набора «РИБО-преп».

Исследование образцов на наличие ДНК *Leptospira* spp. проводилось методом ПЦР с использованием праймеров, подобранных по фрагменту гена *lipL32*. Генотипирование образцов проводили

с использованием праймеров по фрагментам генов *secY* и *rpoB*. ПЦР-амплификацию проводили в 25 мкл смеси с добавлением праймеров (10 пМ каждый) и буферного раствора, содержащего Трис-НСl (рН 8,8), сульфат аммония, $MgCl_2$, ЭДТА, меркаптоэтанол, БСА, dNTP, Taq ДНК-полимеразу. Выбор генов мишеней, последовательности использованных праймеров и программы амплификации описаны в предыдущей работе коллектива авторов [7].

Визуализацию полученных результатов проводили с помощью электрофореза в 1,5 % агарозном геле с добавлением бромистого этидия в течение 20 мин при 150 В.

Фрагментное секвенирование по Сэнгеру осуществляли на генетическом анализаторе ABI 3500 (Applied Biosystems) в соответствии с рекомендациями производителя.

Полученные последовательности штаммов идентифицированы и подтверждены с использованием алгоритма BLAST, базы данных GenBank NCBI и MEGA 11. Для построения филогенетических деревьев (рис. 1–3) в качестве референсных использованы нуклеотидные последовательности *Leptospira* spp., в качестве внешней группы – последовательности *Borrelia* spp., полученные из международной базы данных GenBank. Нумерация положения переменных нуклеотидов в генах *lipL32*, *secY* и *rpoB* указана от старт-кодона.

Результаты и обсуждение

Полученные 24 нуклеотидные последовательности были депонированы в международную базу данных GenBank под номерами OR917411 – OR917434.

ДНК патогенных лептоспир выявлена в 8 образцах, что составило $(4,2 \pm 1,5) \%$ от общего количества образцов (190). Инфицированность серых крыс, собранных на территории Кировского райо-

на, – $(11,1 \pm 5,2) \%$ (4/36). Инфицированность диких грызунов, собранных на территории Курортного района, составила у желтогорлых мышей $(3,7 \pm 2,6) \%$ (2/54), а у рыжих полевков $(2,0 \pm 1,4) \%$ (2/100). Статистический анализ показал, что различия между видами грызунов незначимы ($p > 0,05$), что, возможно, связано с небольшой выборкой. По результатам анализа последовательностей, полученных при секвенировании, выявлена циркуляция двух патогенных видов лептоспир – *L. interrogans* и *L. borgpetersenii*.

Длина полученных последовательностей фрагмента гена *secY* составила от 272 до 404 п.н.о. Последовательности, полученные от синантропных грызунов, на 99 % сходны с последовательностями вида *L. interrogans*, загруженными в GenBank NCBI. Единичная замена цитозина на тимин, не изменившая аминокислотную последовательность, наблюдалась в положении 15. Последовательности, полученные от диких грызунов (желтогорлых мышей и рыжих полевков), также имели единичные замены: в позициях 6 – тимин на аденозин и 10 – аденин на цитозин; процент сходства составил от 99,1 до 99,7 % с референсными последовательностями вида *L. borgpetersenii*. Кластеризация по данному гену отображена на филогенетическом дереве (рис. 1).

Нуклеотидные последовательности фрагмента гена *rpoB* имели длину от 521 до 593 п.н.о. Сходство полученных последовательностей с последовательностями, загруженными в базу данных GenBank, составило 99 %, независимо от источника выделения, так как присутствовали единичные замены в положении 82 и 122. С использованием филогенетического анализа дерева по данному гену (рис. 2) показана кластеризация последовательностей, полученных от серых крыс, с последовательностями, относящимися к виду *L. interrogans*, а от рыжих полевков и желтогорлых мышей – к *L. borgpetersenii*.

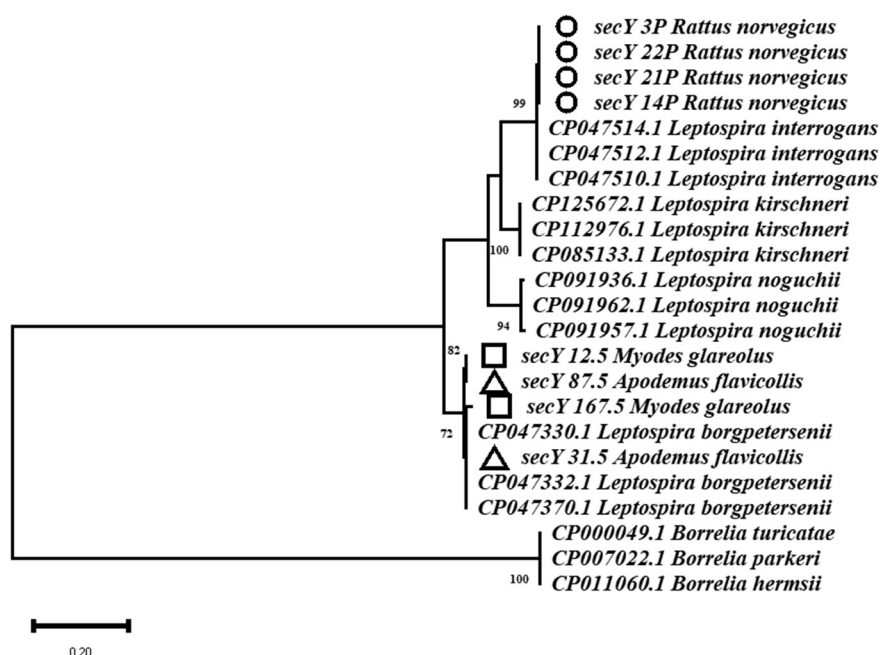
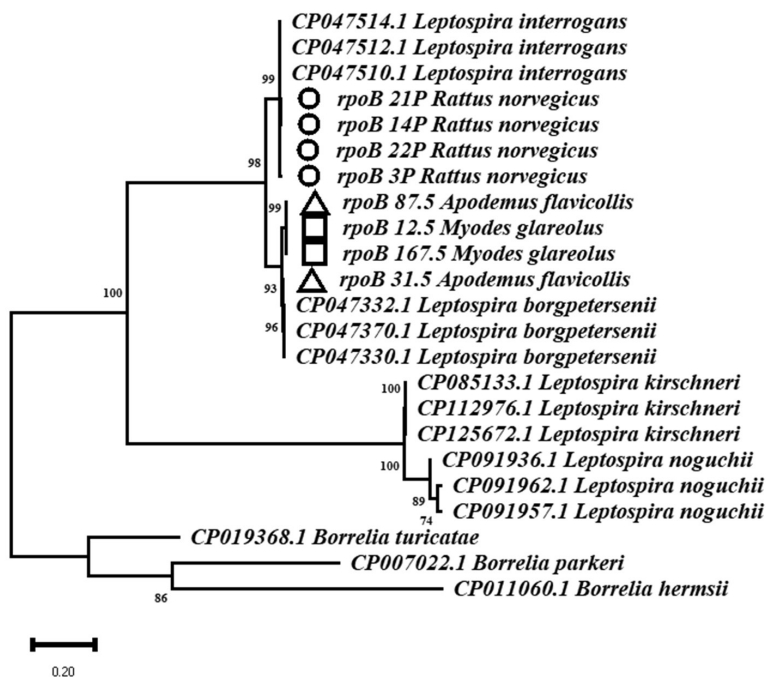


Рис. 1. Филогенетическое дерево, построенное на основании последовательностей фрагмента гена *secY*, в сравнении с референсными последовательностями, полученными из базы данных GenBank. Референсные последовательности обозначены кодами GenBank с указанием видовой принадлежности штамма. В качестве внешней группы использованы последовательности боррелий. Полученные нуклеотидные последовательности помечены маркерами в зависимости от вида грызуна:

△ – желтогорлая мышь; □ – рыжая полевка; ○ – серая крыса

Fig. 1. Phylogenetic tree based on the sequences of the *secY* gene fragment, compared with reference sequences obtained from the GenBank database. Reference sequences are designated by GenBank codes indicating strain species apurtenance. Borrelia sequences were used as outgroup. The nucleotide sequences we obtained are marked depending on the type of rodent:

△ – yellow-throated mouse; □ – bank vole; ○ – gray rat



Нуклеотидные последовательности фрагмента гена *lipL32* имели длину от 495 до 742 п.н.о. Сходство полученных последовательностей при бласт-анализе составило от 98 до 100 %, с наличием точечных мутаций и единичных замен в положениях 314 и 349. На филогенетическом дереве (рис. 3) мы наблюдаем кластеризацию, схожую с предыдущими двумя деревьями. Последовательности, полученные от рыжих полевок и желтогорлых мышей, группируются с последовательностями, выгруженными из базы данных GenBank, относящимися к виду *L. borgpetersenii*, а последовательности, полученные от серых крыс, оказались ближе всего к референсным последовательностям вида *L. interrogans*.

Согласно исследованию эпидемиологической ситуации по лептоспирозам в РФ за период с 2014

Рис. 2. Филогенетическое дерево, построенное на основании последовательностей фрагмента гена *rpoB*, в сравнении с референсными последовательностями, полученными из базы данных GenBank. Референсные последовательности обозначены кодами GenBank с указанием видовой принадлежности штамма. В качестве внешней группы использованы последовательности боррелий. Полученные нуклеотидные последовательности помечены маркерами в зависимости от вида грызуна:
△ – желтогорлая мышь; □ – рыжая полевка; ○ – серая крыса

Fig. 2. Phylogenetic tree based on sequences of the *rpoB* gene fragment in comparison with reference sequences obtained from the GenBank database. Reference sequences are designated by GenBank codes indicating the species of the strain. *Borrelia* sequences were used as outgroup. The nucleotide sequences we obtained are marked depending on the type of rodent:
△ – yellow-throated mouse; □ – bank vole; ○ – gray rat

по 2021 г., в Северо-Западном федеральном округе (СЗФО) на 100 тыс. населения регистрировались максимальные величины заболеваемости – 0,33 ‰, среднееголетний интенсивный показатель составил (0,23±0,020) ‰, среднееголетний показатель заболеваемости по стране – (0,11±0,014) ‰. Для СЗФО и конкретно г. Санкт-Петербурга высокие риски заражения патогенными лептоспирами от мелких млекопитающих [2].

Факторами риска заражения лептоспирозом, помимо профессиональной деятельности и взаимодействия с сельскохозяйственными животными, являются и так называемые рекреационные факторы, такие как купание в открытых водоемах, рыбалка, отдых на природе и т.д. Важное значение мелких грызунов в эпидемиологии лептоспироза известно давно, что

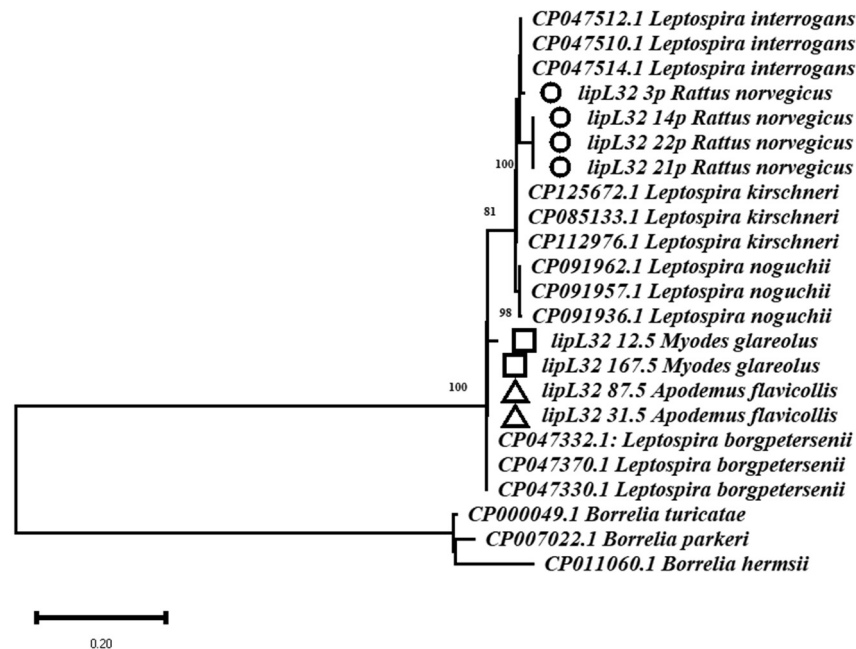


Рис. 3. Филогенетическое дерево, построенное на основании последовательностей фрагмента гена *lipL32*, в сравнении с референсными последовательностями, полученными из базы данных GenBank. Референсные последовательности обозначены кодами GenBank с указанием видовой принадлежности штамма. В качестве внешней группы использованы последовательности боррелий. Полученные нуклеотидные последовательности помечены маркерами в зависимости от вида грызуна:
△ – желтогорлая мышь; □ – рыжая полевка; ○ – серая крыса

Fig. 3. Phylogenetic tree based on the *lipL32* gene fragment sequences compared with reference sequences obtained from the GenBank database. Reference sequences are designated by GenBank codes indicating the species of the strain. *Borrelia* sequences were used as an outgroup. The nucleotide sequences we obtained are marked depending on the type of rodent:
△ – yellow-throated mouse; □ – bank vole; ○ – gray rat

связано с высокой численностью популяций и тесной связью с местами обитания человека [9]. Серые крысы являются основным источником городского лептоспироза [4, 10]. Для популяции данного вида грызунов характерны высокие темпы размножения, обитание вблизи человека, как в жилых домах, так и на промышленных складах, а также высокая выживаемость, несмотря на проводимые дератизационные мероприятия. Купание в городских водоемах, заселенных серыми крысами, увеличивает риск заражения лептоспирозом. В нашем исследовании 4 особи серых крыс из 36, собранных на территории Кировского района, были инфицированы патогенными лептоспирами, видовая принадлежность возбудителя определена как *L. interrogans*.

Курортный район Санкт-Петербурга расположен вдоль побережья Финского залива и является популярным местом для отдыха за счет наличия большого количества пляжей, парков и лесов. Желтогорлые мыши и рыжие полевки являются типичными представителями фауны леса и естественными резервуарами для большого количества инфекционных заболеваний [11, 12]. ДНК патогенных лептоспир найдена в 2 из 100 образцов от желтогорлых мышей и в 2 из 54 образцов от рыжих полевок, филогенетический анализ определил вид возбудителя как *L. borgpetersenii*.

Выявленные в нашем исследовании *L. interrogans* и *L. borgpetersenii* являются наиболее распространенными филогенетическими видами патогенных лептоспир. Лептоспирозы, вызываемые двумя данными видами, клинически не различимы, однако имеются различия в путях передачи возбудителя. Для вида *L. interrogans* характерна влажная среда обитания, передается данный вид чаще всего через контаминированную воду. Различные генетические исследования говорят о большом наборе различных генов адаптации у данного вида, что позволяет ему выживать в окружающей среде длительное время [13, 14]. В то же время для вида *L. borgpetersenii* характерны путь передачи от хозяина к хозяину и засушливые районы обитания [15–17], что связано с утратой данным видом генов, необходимых для выживания в окружающей среде [18].

Для лептоспир характерна гостальная специфичность. Имеется большое количество исследований, демонстрирующих ассоциацию вида *L. interrogans* с серыми крысами, однако у рыжих полевок и желтогорлых мышей выявляют различные виды патогенных лептоспир [12, 19, 20].

Полученные результаты подтверждают циркуляцию лептоспир как среди диких, так и среди синантропных мелких млекопитающих. Последовательности патогенных лептоспир, выявленные в нашем исследовании, не имеют значимых генетических отличий от последовательностей, выделенных в других странах и от других источников. Филогенетические виды патогенных лептоспир, выявленные в нашем исследовании, типичны

и ассоциированы с исследованными грызунами. Ассоциированность видов патогенных лептоспир с видами естественных резервуаров имеет важное значение для эпидемиологических исследований, и, хотя гостальная специфичность не абсолютна, необходимо проводить генетические исследования для расширения понимания разнообразия и эволюции возбудителя в популяциях.

Утрата естественной среды обитания для диких мелких млекопитающих, урбанизация, изменение климата – все эти факторы могут влиять на передачу патогенов в городской среде. Инфицированность грызунов, обитающих рядом с человеком либо в местах отдыха, увеличивает риски заболеваемости различными инфекциями. С целью профилактики заболевания людей необходимо продолжать исследования, направленные на выявление циркуляции возбудителей в популяциях диких и синантропных мелких млекопитающих. Необходимо проведение дератизационных мероприятий и мероприятий, направленных на разъяснительную работу среди жителей Санкт-Петербурга по мерам защиты и профилактики.

Конфликт интересов. Авторы подтверждают отсутствие конфликта финансовых/нефинансовых интересов, связанных с написанием статьи.

Финансирование. Авторы заявляют об отсутствии дополнительного финансирования при проведении данного исследования.

Биоэтика. Все стадии исследования соответствовали законодательству РФ, международным этическим нормам и нормативным документам учреждения. Протокол исследования одобрен комиссией локального этического комитета ФБУН «Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека (протокол от 13.01.2022 № 75).

Список литературы

1. Her R., Crespin L., Etougbéché J., Groud K., Gnolonfoun M., Chapron A., Evenamia C., Houéménou G., Lurier T., Cappelle J., Dobigny G., Ayrat F. Seroprevalence and renal carriage of pathogenic *Leptospira* in livestock in Cotonou, Benin. *Vet. Med. Sci.* 2024; 10(3):e1430. DOI: 10.1002/vms3.1430
2. Транквилевский Д.В., Киселева Е.Ю., Корзун В.М., Бренёва Н.В., Вержуцкая Ю.А., Зарва И.Д., Скударева О.Н., Балахонов С.В. Эпизоотолого-эпидемиологическая ситуация по лептоспирозам в Российской Федерации в период с 2013 по 2022 г. и прогноз на 2023 г. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2023; (3):43–50. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-3-43-50.
3. Izquierdo-Rodríguez E., Fernández-Alvarez A., Martín-Carrillo N., Marchand B., Feliu C., Miquel J., Foronda P., Quilichini Y. Pathogenic *Leptospira* species in rodents from Corsica (France). *PLoS One.* 2020; 15(6):e0233776. DOI: 10.1371/journal.pone.0233776.
4. Boey K., Shiokawa K., Rajeev S. *Leptospira* infection in rats: A literature review of global prevalence and distribution. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2019; 13(8):e0007499. DOI: 10.1371/journal.pntd.0007499.
5. Loan H.K., Van Cuong N., Takhampunya R., Kiet B.T., Campbell J., Them L.N., Bryant J.E., Tippayachai B., Van Hoang N., Morand S., Hien V.B., Carrique-Mas J.J. How important are rats as vectors of leptospirosis in the Mekong Delta of Vietnam? *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2015; 15(1):56–64. DOI: 10.1089/vbz.2014.1613.
6. Vincent A.T., Schiettekatte O., Goarant C., Neela V.K., Bernet E., Thibeaux R., Ismail N., Mohd Khalid M.K.N., Amran F., Masuzawa T., Nakao R., Amara Korba A., Bourhy P., Veyrier F.J.,

Picardeau M. Revisiting the taxonomy and evolution of pathogenicity of the genus *Leptospira* through the prism of genomics. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2019; 13(5):e0007270. DOI: 10.1371/journal.pntd.0007270.

7. Баимова Р.Р., Рябико Е.Г., Останкова Ю.В., Токарев Н.К. Оптимизация способа детекции и генотипирования патогенных лептоспир в биологических образцах. *Клиническая лабораторная диагностика.* 2025; 70(3):210–7. DOI: 10.51620/0869-2084-2025-70-3-210-217.

8. Киселева Е.Ю., Корзун В.М., Борисов С.А., Бренёва Н.В., Тимошенко А.Ф., Шаракшанов М.Б., Балахонов С.В. Современная эпизоотологическая ситуация по лептоспирозам в Прибайкалье. *Acta Biomedica Scientifica.* 2021; 6(5):57–67. DOI: 10.29413/ABS.2021-6.5.6.

9. Flores B., Sheleby-Elias J., Pérez-Sánchez T., Fischer R., Múzquiz J., Fuertes H., Halaihel N., Jirón W., Duttman C. *Leptospira* spp. in Rodents from peridomestic sites in endemic regions of Nicaragua. *Ecohealth.* 2020; 17(4):469–76. DOI: 10.1007/s10393-021-01520-4.

10. Fischer S., Mayer-Scholl A., Imholt C., Spierling N.G., Heuser E., Schmidt S., Reil D., Rosenfeld U.M., Jacob J., Nöckler K., Ulrich R.G. *Leptospira* genomospecies and sequence type prevalence in small mammal populations in Germany. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2018; 18(4):188–99. DOI: 10.1089/vbz.2017.2140.

11. Vukićević-Radić O., Matic R., Kataranovski D., Stamenković S. Spatial organization and home range of *Apodemus flavicollis* and *A. agrarius* on Mt. Avala, Serbia. *Acta Zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae.* 2006; 52(1):81–96.

12. Schmidt E., Obiegala A., Imholt C., Drewes S., Saathoff M., Freise J., Runge M., Jacob J., Mayer-Scholl A., Ulrich R.G., Pfeffer M. Influence of season, population and individual characteristics on the prevalence of *Leptospira* spp. in bank voles in North-West Germany. *Biology (Basel).* 2021; 10(9):933. DOI: 10.3390/biology10090933.

13. Chiani Y.T., Jacob P., Mayora G., Aquino D.S., Quintana R.D., Mesa L. Presence of *Leptospira* spp. in a mosaic of wetlands used for livestock raising under differing hydroclimatic conditions. *Appl. Environ. Microbiol.* 2023; 89(6):e0197122. DOI: 10.1128/aem.01971-22.

14. Shao J.W., Wei Y.H., Yao X.Y., Chen H.Y., Liu H., Sun J., Chen S.Y. Pathogenic *Leptospira* species are widely disseminated among wild rodents in urban areas of Guangzhou, Southern China. *Microorganisms.* 2022; 10(5):873. DOI: 10.3390/microorganisms10050873.

15. Cosson J.F., Picardeau M., Mielcarek M., Tatard C., Chaval Y., Suputtamongkol Y., Buchy P., Jittapalpong S., Herbreteau V., Morand S. Epidemiology of leptospirosis transmitted by rodents in southeast Asia. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2014; 8(6):e2902. DOI: 10.1371/journal.pntd.0002902.

16. Bulach D.M., Zuerner R.L., Wilson P., Seemann T., McGrath A., Cullen P.A., Davis J., Johnson M., Kuczek E., Alt D.P., Peterson-Burch B., Coppel R.L., Rood J.I., Davies J.K., Adler B. Genome reduction in *Leptospira borgpetersenii* reflects limited transmission potential. *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* 2006; 103(39):14560–5. DOI: 10.1073/pnas.0603979103.

17. Krijger I.M., Ahmed A.A.A., Goris M.G.A., Groot Koerkamp P.W.G., Meerburg B.G. Prevalence of *Leptospira* infection in rodents from Bangladesh. *Int. J. Environ. Res. Public Health.* 2019; 16(12):2113. DOI: 10.3390/ijerph16122113.

18. Ramli S.R., Bunk B., Spröer C., Geffers R., Jarek M., Bhuju S., Goris M., Mustakim S., Pessler F. Complete genome sequencing of *Leptospira interrogans* isolates from Malaysia reveals massive genome rearrangement but high conservation of virulence-associated genes. *Pathogens.* 2021; 10(9):1198. DOI: 10.3390/pathogens10091198.

19. Obiegala A., Woll D., Karnath C., Silaghi C., Schex S., Eßbauer S., Pfeffer M. Prevalence and genotype allocation of pathogenic *Leptospira* species in small mammals from various habitat types in Germany. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2016; 10(3):e0004501. DOI: 10.1371/journal.pntd.0004501.

20. Xu J., Chen J., Xiong C., Qin L., Hu B., Liu M., Ren Y., Li Y., Cai K., Chen L., Hou W. Pathogenic *Leptospira* infections in Hubei Province, Central China. *Microorganisms.* 2022; 11(1):99. DOI: 10.3390/microorganisms11010099.

References

1. Her R., Crespin L., Etougbeché J., Groud K., Gnolonfoun M., Chapron A., Evenamia C., Houéménou G., Lurier T., Cappelle J., Dobigny G., Ayrat F. Seroprevalence and renal carriage of pathogenic *Leptospira* in livestock in Cotonou, Benin. *Vet. Med. Sci.* 2024; 10(3):e1430. DOI: 10.1002/vms3.1430

2. Trankvilevsky D.V., Kiseleva E.Yu., Korzun V.M., Breneva N.V., Verzhutskaya Yu.A., Zarva I.D., Skudareva O.N., Balakhonov S.V. Epizootiological and epidemiological situation on leptospirosis in the Russian Federation over the period of 2013–2022 and the forecast for 2023. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems*

of Particularly Dangerous Infections]. 2023; (3):43–50. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-3-43-50.

3. Izquierdo-Rodríguez E., Fernández-Álvarez Á., Martín-Carrillo N., Marchand B., Feliu C., Miquel J., Foronda P., Quilichini Y. Pathogenic *Leptospira* species in rodents from Corsica (France). *PLoS One.* 2020; 15(6):e0233776. DOI: 10.1371/journal.pone.0233776.

4. Boey K., Shiokawa K., Rajeev S. Leptospirosis infection in rats: A literature review of global prevalence and distribution. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2019; 13(8):e0007499. DOI: 10.1371/journal.pntd.0007499.

5. Loan H.K., Van Cuong N., Takhampunya R., Kiet B.T., Campbell J., Them L.N., Bryant J.E., Tippayachai B., Van Hoang N., Morand S., Hien V.B., Carrique-Mas J.J. How important are rats as vectors of leptospirosis in the Mekong Delta of Vietnam? *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2015; 15(1):56–64. DOI: 10.1089/vbz.2014.1613.

6. Vincent A.T., Schiettekatte O., Goarant C., Neela V.K., Bernet E., Thibeaux R., Ismail N., Mohd Khalid M.K.N., Amran F., Masuzawa T., Nakao R., Amara Korba A., Bourhy P., Veyrier F.J., Picardeau M. Revisiting the taxonomy and evolution of pathogenicity of the genus *Leptospira* through the prism of genomics. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2019; 13(5):e0007270. DOI: 10.1371/journal.pntd.0007270.

7. Баимова Р.Р., Рябико Е.Г., Останкова Ю.В., Токарев Н.К. Оптимизация метода для детекции и генотипирования патогенных лептоспир в биологических образцах. *Клиническая лабораторная диагностика [Clinical Laboratory Diagnostics]*. 2025; 70(3):210–7. DOI: 10.51620/0869-2084-2025-70-3-210-217.

8. Киселева Е.Ю., Корзун В.М., Борисов С.А., Бренёва Н.В., Тимошенко А.Ф., Шаракшанов М.Б., Балахонов С.В. Current epizootiological situation on leptospirosis in the Baikal region. *Acta Biomedica Scientifica.* 2021; 6(5):57–67. DOI: 10.29413/ABS.2021-6.5.6.

9. Flores B., Sheleby-Elias J., Pérez-Sánchez T., Fischer R., Múzquiz J., Fuertes H., Halaihel N., Jirón W., Duttman C. *Leptospira* spp. in Rodents from peridomestic sites in endemic regions of Nicaragua. *Ecohealth.* 2020; 17(4):469–76. DOI: 10.1007/s10393-021-01520-4.

10. Fischer S., Mayer-Scholl A., Imholt C., Spierling N.G., Heuser E., Schmidt S., Reil D., Rosenfeld U.M., Jacob J., Nöckler K., Ulrich R.G. *Leptospira* genomospecies and sequence type prevalence in small mammal populations in Germany. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2018; 18(4):188–99. DOI: 10.1089/vbz.2017.2140.

11. Vukićević-Radić O., Matic R., Kataranovski D., Stamenković S. Spatial organization and home range of *Apodemus flavicollis* and *A. agrarius* on Mt. Avala, Serbia. *Acta Zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae.* 2006; 52(1):81–96.

12. Schmidt E., Obiegala A., Imholt C., Drewes S., Saathoff M., Freise J., Runge M., Jacob J., Mayer-Scholl A., Ulrich R.G., Pfeffer M. Influence of season, population and individual characteristics on the prevalence of *Leptospira* spp. in bank voles in North-West Germany. *Biology (Basel).* 2021; 10(9):933. DOI: 10.3390/biology10090933.

13. Chiani Y.T., Jacob P., Mayora G., Aquino D.S., Quintana R.D., Mesa L. Presence of *Leptospira* spp. in a mosaic of wetlands used for livestock raising under differing hydroclimatic conditions. *Appl. Environ. Microbiol.* 2023; 89(6):e0197122. DOI: 10.1128/aem.01971-22.

14. Shao J.W., Wei Y.H., Yao X.Y., Chen H.Y., Liu H., Sun J., Chen S.Y. Pathogenic *Leptospira* species are widely disseminated among wild rodents in urban areas of Guangzhou, Southern China. *Microorganisms.* 2022; 10(5):873. DOI: 10.3390/microorganisms10050873.

15. Cosson J.F., Picardeau M., Mielcarek M., Tatard C., Chaval Y., Suputtamongkol Y., Buchy P., Jittapalpong S., Herbreteau V., Morand S. Epidemiology of leptospirosis transmitted by rodents in southeast Asia. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2014; 8(6):e2902. DOI: 10.1371/journal.pntd.0002902.

16. Bulach D.M., Zuerner R.L., Wilson P., Seemann T., McGrath A., Cullen P.A., Davis J., Johnson M., Kuczek E., Alt D.P., Peterson-Burch B., Coppel R.L., Rood J.I., Davies J.K., Adler B. Genome reduction in *Leptospira borgpetersenii* reflects limited transmission potential. *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* 2006; 103(39):14560–5. DOI: 10.1073/pnas.0603979103.

17. Krijger I.M., Ahmed A.A.A., Goris M.G.A., Groot Koerkamp P.W.G., Meerburg B.G. Prevalence of *Leptospira* infection in rodents from Bangladesh. *Int. J. Environ. Res. Public Health.* 2019; 16(12):2113. DOI: 10.3390/ijerph16122113.

18. Ramli S.R., Bunk B., Spröer C., Geffers R., Jarek M., Bhuju S., Goris M., Mustakim S., Pessler F. Complete genome sequencing of *Leptospira interrogans* isolates from Malaysia reveals massive genome rearrangement but high conservation of virulence-associated genes. *Pathogens.* 2021; 10(9):1198. DOI: 10.3390/pathogens10091198.

19. Obiegala A., Woll D., Karnath C., Silaghi C., Schex S., Eßbauer S., Pfeffer M. Prevalence and genotype allocation of pathogenic *Leptospira* species in small mammals from various habitat types in Germany. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2016; 10(3):e0004501. DOI: 10.1371/journal.pntd.0004501.

20. Xu J., Chen J., Xiong C., Qin L., Hu B., Liu M., Ren Y., Li Y., Cai K., Chen L., Hou W. Pathogenic *Leptospira* infections in Hubei Province, Central China. *Microorganisms*. 2022; 11(1):99. DOI: 10.3390/microorganisms11010099.

Authors:

Baimova R.R., Riabiko E.G., Grechishkina D.I., Karmokov I.A., Khalilov E.S., Lyzenko I.S., Lunina G.A., Ostankova Yu.V., Tokarevich N.K. St. Petersburg Pasteur Research Institute of Epidemiology and Microbiology. 14, Mira St., Saint Petersburg, 197101, Russian Federation. E-mail: pasteur@pasteurorg.ru.

Zheltakova I.R., Chmyr I.A. Northwest Plague Control Station. 3, Nevel'skaya St., Saint Petersburg, 198035, Russian Federation. E-mail: aps@mail.cplus.ru.

Об авторах:

Баимова Р.Р., Рябико Е.Г., Гречишкина Д.И., Кармоков И.А., Халилов Э.С., Лызенко И.С., Лунина Г.А., Останкова Ю.В., Токаревич Н.К. Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера. Российская Федерация, 197101, Санкт-Петербург, ул. Мира, 14. E-mail: pasteur@pasteurorg.ru.

Желтакова И.Р., Чмырь И.А. Северо-Западная противочумная станция. Российская Федерация, 198035, Санкт-Петербург, ул. Невельская, 3. E-mail: aps@mail.cplus.ru.