МРНТИ 76.33.43 https://doi.org/10.26577/bb1083202617

Е.М. Рыбина[1], А.Р. Кузьмина[2], А.С. Машжан[1], Е.О. Остапчук[1, 3*]

[1]Филиал ТОО «Национальный центр биотехнологии» в г. Алматы, Казахстан
[2]Департамент санитарно-эпидемиологического контроля
Туркестанской области Республики Казахстан, Туркестан, Казахстан
[3]ТОО «ЭКО Консалтинг», Алматы, Казахстан
*e-mail: katyostapchuk@gmail.com

КОЖНЫЙ ЛЕЙШМАНИОЗ В КАЗАХСТАНЕ: ИСТОРИКО-ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЙ ОБЗОР И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОРИЕНТИРЫ

Кожный лейшманиоз (КЛ) – это трансмиссивное паразитарное заболевание, сохраняющее актуальность как в глобальном, так и в региональном контексте. Статья посвящена анализу современной эпидемиологической ситуации по КЛ в Республике Казахстан с акцентом на эндемичные территории Туркестанской и Кызылординской областей. В работе представлены данные о распространённости КЛ и динамике заболеваемости за 2018–2025 гг., рассмотрены особенности природных очагов, роль резервуарных животных и переносчиков, а также влияние климатических и антропогенных факторов на расширение ареала возбудителя. Особое внимание уделено трудностям ранней диагностики КЛ в стране, проблеме недостаточной чувствительности традиционных методов и потребности во внедрении молекулярно-генетических подходов. Обзор включает исторический экскурс формирования очагов КЛ, оценку эффективности существующих методов эпидемиологического контроля и направлен на обоснование необходимости комплексного мониторинга с использованием современных инструментов биомедицины и санитарного надзора. Стабильная регистрация случаев КЛ в эндемичных районах, отсутствие обновлённых национальных эпидемиологических данных, сохраняющиеся природные очаги, недостаточная чувствительность традиционных методов диагностики, а также отсутствие единой базы генетических данных о возбудителях КЛ в Казахстане определяют актуальность настоящей статьи. Это подчеркивает необходимость комплексного анализа эпидемиологической ситуации, устранения информационных пробелов и внедрения современных методов диагностики и мониторинга в практику национального здравоохранения. Обзор основан на анализе литературы, проиндексированной в PubMed/MEDLINE, Scopus и eLIBRARY.RU, с приоритетом публикаций последнего десятилетия, и охватывает вопросы биологии резервуарных животных и переносчиков, влияния климатических и антропогенных факторов, современных методов молекулярной идентификации и типирования возбудителя, а также значения видовой диагностики для выбора терапии и планирования профилактических мероприятий. Эпидемиологические показатели по Республике Казахстан за 2018–2025 гг. приведены по данным официальной статистической отчётности Комитета санитарно-эпидемиологического контроля Министерства здравоохранения Республики Казахстан и отчётным материалам Департамента санитарно-эпидемиологического контроля Туркестанской области.

Ключевые слова: кожный лейшманиоз, Leishmania major, эпидемиология, молекулярная диагностика, генотипирование, природные очаги.

Y.M. Rybina[1], A.R. Kuzmina[2], A.S.Mashzhan[1], Y.O. Ostapchuk[1,3*]

[1]Almaty Branch of the National Center for Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[2]Department of Sanitary and Epidemiological Control of the Turkistan Region
of the Republic of Kazakhstan, Turkistan, Kazakhstan
[3]ECO-Consulting LLC, Almaty, Kazakhstan
*e-mail: katyostapchuk@gmail.com

Cutaneous leishmaniasis in Kazakhstan: a historical and epidemiological overview and molecular genetic framework

Cutaneous leishmaniasis (CL) is a vector-borne parasitic disease that remains relevant both globally and in regional settings. This article presents an analysis of the current epidemiological situation regarding CL in the Republic of Kazakhstan, with a focus on the endemic areas of the Turkestan and Kyzylorda Regions. The study provides data on the prevalence of CL and trends in incidence over 2018-

 © 2026 Al-Farabi Kazakh National University

2025, examines the characteristics of natural foci, the role of reservoir animals and vectors, as well as the impact of climatic and anthropogenic factors on the expansion of the pathogen's range. Particular attention is given to the challenges of early diagnosis of CL in the country, the insufficient sensitivity of traditional diagnostic methods, and the pressing need to introduce molecular genetic approaches. The review includes a historical overview of CL foci formation, an assessment of the effectiveness of existing epidemiological surveillance methods, and substantiates the need for comprehensive monitoring using modern biomedical and sanitary tools. The sustained reporting of CL cases in endemic areas, the absence of updated national epidemiological data, the persistence of natural foci, the limited sensitivity of conventional diagnostics, and the lack of a unified genetic database on CL pathogens in Kazakhstan highlight the relevance of this article. These factors emphasize the importance of comprehensive epidemiological analysis, elimination of informational gaps, and the implementation of modern diagnostic and monitoring tools into national public health practice. The review is based on literature indexed in PubMed/MEDLINE, Scopus and eLIBRARY.RU, with priority given to publications of the past decade, and covers the biology of reservoir hosts and vectors, the influence of climatic and anthropogenic drivers, current methods of molecular identification and typing of the pathogen, and the relevance of species-level diagnosis for treatment decisions and the planning of preventive measures. Epidemiological indicators for the Republic of Kazakhstan for 2018-2025 are reported from the official statistics of the Committee for Sanitary and Epidemiological Control of the Ministry of Health of the Republic of Kazakhstan and the routine records of the Department of Sanitary and Epidemiological Control of the Turkestan Region.

Keywords: cutaneous leishmaniasis, Leishmania major, epidemiology, molecular diagnostic techniques, genotyping techniques, natural foci.

Е.М. Рыбина[1], А.Р. Кузьмина[2], А.С. Машжан[1], Е.О. Остапчук[1,3*]

[1]"Ұлттық биотехнология орталығы" ЖШС Алматы филиалы, Алматы, Қазақстан
[2]Түркістан облысының санитариялық-эпидемиологиялық бақылау департаменті, Түркістан, Қазақстан
[3]ECO-Consulting ЖШС, Алматы, Қазақстан
*e-mail: katyostapchuk@gmail.com

Қазақстандағы тері лейшманиозы: тарихи-эпидемиологиялық шолу және молекулалық-генетикалық бағыттар

Тері лейшманиозы (ТЛ) – жаһандық деңгейде де, өңірлік деңгейде де өзекті болып отырған трансмиссивті паразиттік ауру. Осы мақалада Қазақстан Республикасындағы, әсіресе Түркістан және Қызылорда облыстарының эндемиялық аумақтарындағы ТЛ бойынша қазіргі эпидемиологиялық жағдайға талдау ұсынылған. Зерттеуде ТЛ таралуы мен 2018-2025 жж. сырқаттанушылық динамикасы туралы деректер келтіріліп, табиғи ошақтардың ерекшеліктері, резервуар жануарлар мен тасымалдаушылардың рөлі, сондай-ақ қоздырғыш ареалының кеңеюіне климаттық және антропогендік факторлардың әсері қарастырылады. Елдегі ТЛ-ды ерте диагностикалаудағы қиындықтарға, дәстүрлі диагностикалық әдістердің жеткіліксіз сезімталдығына және молекулалық-генетикалық тәсілдерді енгізудің өзектілігіне ерекше назар аударылған. Шолуда ТЛ ошақтарының қалыптасу тарихына шолу, қолданыстағы эпидемиологиялық қадағалау әдістерінің тиімділігін бағалау беріліп, заманауи биомедициналық және санитариялық құралдарды пайдалана отырып кешенді мониторинг жүргізу қажеттілігі негізделеді. Эндемиялық аумақтарда ТЛ жағдайларының тұрақты тіркелуі, жаңартылған ұлттық эпидемиологиялық деректердің болмауы, табиғи ошақтардың сақталуы, дәстүрлі диагностиканың шектеулі сезімталдығы және Қазақстандағы ТЛ қоздырғыштары бойынша бірыңғай генетикалық дерекқордың жоқтығы осы мақаланың өзектілігін айқындайды. Бұл факторлар кешенді эпидемиологиялық талдау жүргізудің, ақпараттық олқылықтарды жоюдың және заманауи диагностика мен мониторинг құралдарын ұлттық қоғамдық денсаулық сақтау практикасына енгізудің маңыздылығын көрсетеді. Шолу PubMed/MEDLINE, Scopus және eLIBRARY.RU дерекқорларында индекстелген әдебиеттерді талдауға негізделген және соңғы онжылдықтағы жарияланымдарға басымдық берілген; онда резервуар жануарлар мен тасымалдаушылардың биологиясы, климаттық және антропогендік факторлардың әсері, қоздырғышты молекулалық сәйкестендіру мен типтеудің заманауи әдістері, сондай-ақ емдеу тактикасын таңдау мен профилактикалық іс-шараларды жоспарлау үшін түрлік диагностиканың маңызы қарастырылады. Қазақстан Республикасы бойынша 2018-2025 жж. эпидемиологиялық көрсеткіштер Қазақстан Республикасы Денсаулық сақтау министрлігі Санитариялық-эпидемиологиялық бақылау комитетінің ресми статистикалық деректері және Түркістан облысының санитариялық-эпидемиологиялық бақылау департаментінің есептік материалдары негізінде келтірілген.

Түйін сөздер: тері лейшманиозы, Leishmania major, эпидемиология, молекулалық диагностикалық әдістер, генотиптеу әдістері, табиғи ошақтар.

Введение

Лейшманиоз – группа трансмиссивных заболеваний, вызываемых облигатными внутриклеточными простейшими рода *Leishmania* (Kinetoplastida: Trypanosomatidae), включающего около 30 морфологически сходных видов, из которых порядка 20 патогенны для человека (World Health Organization [WHO], 2010; Pareyn et al., 2025). Заражение происходит при укусе инфицированной самки москита подсемейства Phlebotominae. В зависимости от вида возбудителя и особенностей иммунного ответа хозяина поражаются различные популяции фагоцитарных клеток, что определяет клиническую форму заболевания: кожную, слизисто-кожную или висцеральную (Pareyn et al., 2025). При кожной форме паразиты размножаются в макрофагах дермы, вызывая формирование папул, бугорков и последующих язвенных поражений, тогда как при висцеральной форме происходит системная диссеминация амастигот с вовлечением селезёнки, печени и костного мозга.

Кожный лейшманиоз (КЛ) – наиболее распространённая клиническая форма заболевания, диагностируемая преимущественно в странах Средиземноморья, Центральной Азии, на Ближнем Востоке и в Южной Америке. Высокая заболеваемость зафиксирована в Таджикистане, Узбекистане, Иране, Афганистане, Индии, Ираке и Казахстане (Dujardin et al., 2008; WHO, 2023). В зависимости от ареала возбудителей различают КЛ Старого и Нового Света: в Старом Свете ведущими этиологическими агентами выступают *Leishmania major*, *L. tropica* и *L. aethiopica*, в Новом Свете – представители комплексов *L. mexicana* и *L. (Viannia) braziliensis* (Aronson et al., 2016). Каждый вид имеет характерные резервуары и специфическую географическую распространённость. Заражение осуществляется при кровососании самки москита, инфицирующейся от заражённого позвоночного хозяина; в кишечнике насекомого промастиготы размножаются и мигрируют в передние отделы пищеварительного тракта, обеспечивая дальнейшую передачу (Frolov et al., 2015). По современным оценкам, в мире ежегодно возникает от 600 тыс. до 1 млн новых случаев КЛ, однако в системы эпидемиологического надзора попадает лишь около 200 тыс. из них, что свидетельствует о значительной недорегистрации заболевания (Alvar et al., 2012; WHO, 2023).

КЛ может клинически имитировать бактериальные, микобактериальные, грибковые и неопластические поражения кожи, что существенно затрудняет своевременную диагностику и нередко приводит к диагностическим ошибкам (Barkati et al., 2019). Наибольшему риску инфицирования подвержены социально уязвимые группы. Факторами, способствующими распространению лейшманиоза, являются миграции, бедность, ослабленный иммунитет, дефицит медицинской помощи и изменение климата (WHO, 2010). Помимо непосредственного медицинского значения, КЛ сопряжён с существенным психосоциальным бременем: длительно незаживающие язвы и формирующиеся на их месте обезображивающие рубцы, локализованные преимущественно на открытых участках тела, ассоциированы со стигматизацией, тревожно-депрессивными расстройствами и снижением качества жизни, что особенно выражено у женщин и детей (Bennis et al., 2018).

В большинстве эндемичных стран диагностика КЛ основывается на микроскопическом исследовании кожных соскобов, мазков-отпечатков или биопсийного материала. Однако этот метод обладает низкой и вариабельной чувствительностью, особенно при хронических формах и низкой паразитарной нагрузке, и не позволяет установить видовую принадлежность паразита, что ограничивает возможность выбора адекватной и видоспецифичной терапии, особенно в условиях лекарственной устойчивости и различий в чувствительности к препаратам между видами *Leishmania* (Barkati et al., 2019). В связи с этим особую значимость приобретают молекулярно-генетические методы, такие как полимеразная цепная реакция (ПЦР) и секвенирование нуклеотидных последовательностей. Эти технологии обеспечивают высокую специфичность и позволяют проводить точную идентификацию возбудителя на уровне вида и штамма (Van der Auwera et al., 2015; Downing et al., 2011).

Отдельного внимания заслуживает то обстоятельство, что молекулярное типирование выполняет не только диагностическую, но и эпидемиологическую функцию: оно позволяет соотносить изоляты, выделенные от человека, резервуарных животных и переносчиков, реконструировать пути циркуляции возбудителя и выявлять заносы штаммов с сопредельных территорий (Schönian et.al., 2011). Именно отсутствие такой информации по Казахстану определяет один из ключевых информационных пробелов, рассматриваемых в настоящем обзоре.

Целью настоящей обзорной статьи является обобщение и анализ данных по заболеваемости

КЛ в эндемичных районах Республики Казахстан за 2018-2025 гг. для оценки эпидемиологических тенденций, выявления территорий с устойчивой активностью природных очагов и определения приоритетов в профилактике и санитарном надзоре, а также обоснование направлений внедрения молекулярно-генетических методов идентификации и типирования *Leishmania* spp. в национальную практику здравоохранения.

Поиск литературы проводился в базах данных PubMed/MEDLINE, Scopus и eLIBRARY.RU по ключевым словам «cutaneous leishmaniasis», «*Leishmania major*», «*Phlebotomus papatasi*», «*Rhombomys opimus*», «Central Asia», «Kazakhstan», «molecular typing», «кожный лейшманиоз», «природный очаг», «москиты», «большая песчанка» без языковых ограничений. Приоритет отдавался публикациям 2015-2026 гг., классические работы, сохраняющие методологическое значение, включались независимо от года издания. Эпидемиологические данные по Республике Казахстан за 2018-2025 гг. приведены по официальной статистической отчётности Комитета санитарно-эпидемиологического контроля Министерства здравоохранения Республики Казахстан; сведения по Туркестанской области получены от Департамента санитарно-эпидемиологического контроля Туркестанской области.

1. История исследования

Научные представления о *Leishmania* spp. эволюционировали от первых описаний паразита в 1903 году до комплексных молекулярно-генетических исследований конца XX – начала XXI века. Систематическое изучение лейшманиозов на территории Средней Азии и Казахстана было развёрнуто в советский период и включало масштабные работы по картированию природных очагов, инвентаризации фауны москитов и оценке роли грызунов-резервуаров (Sergiev et al., 2018). В 1980-х годах была предпринята одна из первых значимых работ по изучению КЛ на территории Казахстана. В ней акцент был сделан на трансмиссивных факторах и предложено разграничение природных очагов по структуре резервуарных животных и видов переносчиков (Saf'yanova, 1974). Этот подход стал основой эпидемиологической типологии заболевания в регионе.

Обобщающие обзоры последних лет показывают, что после распада СССР единая для всего региона система изучения природных очагов лейшманиозов, опиравшаяся на сеть профильных научно-исследовательских институтов, сменилась национальными системами надзора, при этом объём академических энтомологических и зоологических исследований и число публикаций в международной печати заметно сократились, что затрудняет сопоставление данных о состоянии очагов между странами Центральной Азии (Sergiev et al., 2018; Strelkova et al., 2015). Ревизия эпидемиологической ситуации в регионе, выполненная с привлечением современных молекулярных подходов, показала, что видовой состав возбудителей и структура очагов изучены неравномерно и нуждаются в уточнении на основе генетических, а не только морфологических и клинико-эпидемиологических критериев (Yurchenko et al., 2023).

Циркуляция *Leishmania* spp. в природных очагах определяется устойчивыми трофическими связями москитов с позвоночными-хозяевами. В южных регионах Казахстана, особенно в Туркестанской области, наличие стабильных очагов связано с биологией переносчиков и резервуаров. Основным природным хозяином *Leishmania major* в регионе является большая песчанка (*Rhombomys opimus*), а основным доказанным переносчиком – антропофильный москит *Phlebotomus papatasi*, что подчёркивает значение зоонозных связей и поведенческих особенностей векторов в эпидемиологии заболевания (Saf'yanova 1974; Baranets et al., 2015). Фаунистические сводки по москитам Средней Азии фиксируют присутствие в аридной зоне ряда сопутствующих видов рода *Phlebotomus*, роль которых в поддержании циркуляции возбудителя на территории Казахстана остаётся недостаточно изученной (Baranets et al., 2015).

2. Резервуарные животные и переносчики

Большая песчанка R. opimus представляет собой ключевое звено в поддержании очагов зоонозного кожного лейшманиоза (ЗКЛ): колониальный образ жизни, высокая плотность нор и продолжительность жизни зверьков обеспечивают длительное сохранение возбудителя в популяции, а сами норы служат местом дневного укрытия и выплода москитов (Asl et al., 2022). Исследования в аридных ландшафтах показали, что пространственное распределение колоний *R. opimus* в значительной степени предсказуемо по совокупности климатических и почвенно-растительных переменных, что делает возможным построение прогностических карт риска

и планирование адресных профилактических мероприятий (Sofizadeh et al., 2018). Наряду с большой песчанкой в поддержании циркуляции *L. major* могут участвовать другие виды грызунов, в частности представители рода *Meriones*; спектр инфицированных резервуаров в конкретном очаге во многом определяет интенсивность трансмиссии (Asl et al., 2022).

Основным переносчиком *L. major* в очагах Старого Света признан *P. papatasi* – выраженно антропофильный вид, экологически тесно связанный с норами грызунов. Полевые и экспериментальные данные свидетельствуют, что человек в очагах ЗКЛ выступает преимущественно как «тупиковый» хозяин, однако при высокой паразитарной нагрузке в язвенных поражениях не исключается его участие в заражении москитов, что имеет значение для оценки риска в населённых пунктах, расположенных вблизи природных очагов (Fatemi et al., 2018). Существенным элементом экологии переносчиков является растительное питание: анализ содержимого пищеварительного тракта москитов методами секвенирования показал избирательность в отношении определённых видов растений, что открывает перспективы для разработки приманочных методов контроля численности векторов (Abbasi et al., 2018).

Для условий Казахстана особую ценность представляют полевые исследования, выполненные непосредственно в очагах республики. Так, испытание пероральной приманки, содержащей 0,005 % фипронила и скармливаемой большой песчанке, продемонстрировало возможность одновременного снижения численности блох и москитов в колониях грызунов, что рассматривается как перспективный элемент интегрированного контроля природных очагов трансмиссивных инфекций на территории страны (Poché et al., 2018). Подобные подходы, направленные одновременно на резервуар и переносчика, согласуются с современной концепцией управления природно-очаговыми заболеваниями (Feiz-Haddad & Khorami, 2025).

3. Эпидемиология

Эпидемиологическое значение КЛ обусловлено его широкой географической распространённостью. По данным ВОЗ, заболевание регистрируется более чем в 90 странах мира (WHO, 2023). Согласно последним сводкам глобального надзора, несмотря на достигнутый прогресс в ряде стран, кожная форма продолжает демонстрировать устойчивую регистрацию случаев, а полнота отчётности остаётся неравномерной между регионами ВОЗ (Jain et al., 2025).

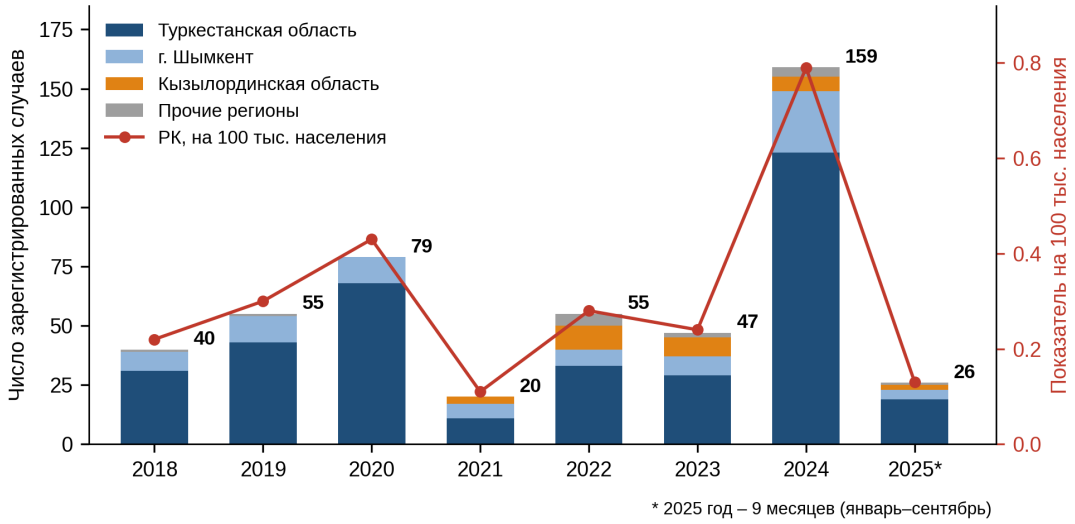
На территории Казахстана циркулирует преимущественно зоонозная форма КЛ, обусловленная *L. major*. В отличие от антропонозной формы, где передача может происходить от человека к человеку, ЗКЛ имеет выраженную природно-очаговую специфику и поддерживается в экосистеме за счёт взаимодействия между дикими грызунами и москитами-переносчиками (Asl et al., 2022). Такая форма требует особого эпидемиологического контроля, включая мониторинг популяций резервуарных животных и векторов. Факторы урбанизации, изменение климата и увеличение масштабов внутреннего и международного туризма способствуют расширению ареала лейшманий, что, в свою очередь, требует совершенствования систем эпидемиологического надзора и диагностики.

Хотя эндемичный статус Туркестанской области по ЗКЛ задокументирован (Dmitrovskiy et al., 2014), на сегодняшний день отсутствуют систематические исследования, направленные на молекулярно-генетическое типирование штаммов *Leishmania* spp. и анализ их географического распространения. В условиях изменения климата, расширения ареала переносчиков и роста мобильности населения эпидемиологическая информация о циркуляции возбудителя остаётся крайне ограниченной. Диагностические мероприятия в основном опираются на морфологические методы, обладающие низкой чувствительностью и не позволяющие проводить видовую дифференциацию паразита, что может способствовать недооценке реального уровня заболеваемости. Для сравнения, в сопредельном Иране планомерное внедрение молекулярных методов позволило уточнить видовую структуру возбудителей КЛ, выявить сосуществование зоонозных и антропонозных очагов на одной территории и скорректировать региональные программы контроля (Nasiri et al., 2022).

Природные очаги с официально признанным эндемичным статусом расположены в пяти административных единицах юга Казахстана: в Туркестанской области это Отырарский, Арысский и Шардаринский районы, в Кызылординской области – Шиелийский и Жанакорганский районы. Территории Туркестанской области приурочены к среднему течению реки Сырдарья, преимущественно к её левому берегу; эндемичные районы Кызылординской области продолжают эту оча-

говую полосу ниже по течению. Эндемичность этих территорий обусловлена сочетанием экологических и климатических факторов. Аридные условия, наличие песчаных массивов и полупустынных участков создают благоприятную среду для обитания резервуарных животных и москитов-переносчиков (Sofizadeh et al., 2018). Прибрежные и старичные биотопы вдоль р. Сырдарья служат устойчивыми природными очагами инфекции. Кроме того, высокая плотность сельского населения и близость жилых построек к естественным местам обитания векторов способствуют передаче паразита человеку. Таким образом, геоэкологические особенности и биологические характеристики циркуляции патогена определяют эпидемиологическую ситуацию в данных районах. По данным официальной статистики за 2018-2025 гг. (данные 2025 года – за 9 месяцев), в Республике Казахстан был зарегистрирован 481 случай КЛ (рисунок 1). Основная часть случаев приходится на Туркестанскую область – 357 (74,2 %); ещё 81 случай (16,8 %) зарегистрирован в г. Шымкент, эпидемиологически связанном с теми же природными очагами. В Кызылординской области случаи регистрируются ежегодно начиная с 2021 года – всего 29 (6,0 %), с максимумом в 2022 году (10 случаев; 1,18 на 100 тыс. населения), что свидетельствует об активизации очагов нижней Сырдарьи. Единичные случаи в остальных регионах (14, или 2,9 %), в том числе в г. Астана и Алматы, по-видимому, связаны с заражением при посещении эндемичных территорий. Наибольшее число случаев по республике отмечено в 2020 году (79; 0,43 на 100 тыс.) и особенно в 2024 году (159; 0,79 на 100 тыс.), когда заболеваемость в Туркестанской области достигла 5,89 на 100 тыс. (123 случая), а в г. Шымкент – 2,13 (26 случаев). Синхронность подъёмов в Туркестанской области и по республике в целом указывает на определяющее влияние очагов в данной области на общереспубликанскую ситуацию.

Рисунок 1
Заболеваемость КЛ в Республике Казахстан по регионам в 2018-2025 гг.



Обозначения: столбцы – число зарегистрированных случаев по регионам; линия – показатель заболеваемости по республике на 100 тыс. населения. Данные за 2025 год приведены за 9 месяцев (январь–сентябрь).

По данным регионального эпидемиологического надзора, внутри Туркестанской области случаи на протяжении всего периода наблюдения концентрировались в трёх эндемичных районах – Отырарском, Арысском и Шардаринском, с чередованием ведущей территории в отдельные годы. В 2024 году основной вклад в областную заболеваемость внёс Отырарский район, где наиболее выраженный рост заражений отмечен в зоне населённого пункта Коксарай. Отдельные случаи регистрировались и у жителей территорий, не имеющих эндемичного статуса, как пра-

вило, в связи с посещением природных очагов, причём география мест заражения в последние годы расширяется за счёт населённых пунктов, ранее не входивших в стабильную очаговую зону. О вероятном существовании природных очагов за пределами официально эндемичных районов, в частности в Мактааральском, сообщалось и ранее (Dmitrovskiy et al., 2014). Разграничить местную передачу и заражение при посещении очагов по данным официальной регистрации невозможно, что дополнительно подчёркивает необходимость молекулярно-эпидемиологического типирования.

Описанная динамика может быть связана с сезонной активностью переносчиков, колебаниями климатических условий и возможным расширением ареала *Leishmania* spp. в благоприятные годы, поскольку известно, что межгодовая динамика заболеваемости ЗКЛ в аридных очагах закономерно связана с численностью популяций резервуарных животных и продолжительностью сезона активности москитов, которые, в свою очередь, определяются температурным режимом и режимом увлажнения предшествующих летс (Feiz-Haddad & Khorami 2025).

Таким образом, данные надзора демонстрируют не только устойчивость традиционных очагов в Шардаринском и Арысском районах, но и нарастающую эпидемиологическую значимость Отырарского района. Отсутствие тенденции к снижению заболеваемости, а также значительные межгодовые колебания подчёркивают необходимость усиления молекулярного эпидемиологического надзора, проведения скрининговых исследований в уязвимых популяциях и локального анализа факторов риска в сельских территориях (Yurchenko et al., 2023).

Регистрация случаев среди жителей формально неэндемичных территорий отражает общую тенденцию, характерную и для стран за пределами очаговых зон: рост мобильности населения приводит к появлению завозных случаев в регионах, где КЛ не является эндемичным, и создаёт диагностические трудности для врачей, не имеющих опыта работы с данной патологией (Lindner et al., 2024). Сопоставительные данные по странам Европы, Африки и Азии показывают, что бремя трансмиссивных и зоонозных инфекций тесно связано с региональными и социально-экономическими характеристиками территорий, что необходимо учитывать при планировании надзора (Saydam et al., 2021).

5. Климатические и антропогенные факторы расширения ареала

Изменение климата рассматривается сегодня как один из ведущих факторов, определяющих перспективную географию лейшманиозов. Моделирование климатической пригодности территорий для видов-переносчиков показало, что при реализации сценариев потепления зона, пригодная для существования москитов, смещается к северу и вглубь континента, охватывая районы, ранее считавшиеся свободными от передачи (Koch et al., 2017). Аналогичные расчёты для *P. sergenti* в Северной Африке продемонстрировали существенное расширение потенциального ареала переносчика к середине текущего столетия (Daoudi et al., 2022).

Прогностические модели, объединяющие ретроспективные ряды заболеваемости с климатическими сценариями, позволяют оценивать ожидаемую динамику КЛ на десятилетия вперёд. Так, для восточного Средиземноморья построен прогноз до 2060 года, показавший вероятное увеличение числа случаев и сдвиг сезона передачи (Amro et al., 2022). Для аридных территорий Центральной Азии подобные модели до настоящего времени не разработаны, хотя необходимые предпосылки для их построения – длинные ряды регистрации случаев, доступность климатических реанализов и возможность картирования колоний грызунов – в целом имеются.

Наряду с климатическими существенную роль играют и антропогенные факторы: освоение залежных земель, ирригационное строительство, расширение орошаемого земледелия и отгонного животноводства, прокладка дорог и рост сезонной трудовой миграции. Каждый из этих процессов изменяет структуру биотопов, приближает человека к колониям грызунов и влияет на численность переносчиков (Feiz-Haddad & Khorami 2025). В логике концепции «Единого здоровья» (One Health) контроль природно-очаговых инфекций в таких условиях требует согласованных действий медицинской, ветеринарной и природоохранной служб, а также интеграции данных о состоянии популяций резервуарных животных, переносчиков и заболеваемости человека в единую информационную систему (Zhang et al., 2024).

Применительно к Туркестанской области значимыми представляются регулирование стока и колебания уровня р. Сырдарья, эксплуатация Коксарайского контррегулятора и связанные с ними изменения прибрежных и

старичных биотопов. Резкий рост числа заражений в зоне населённого пункта Коксарай в 2024 году (37 случаев против не более трёх в год в 2018-2023 гг., по данным регионального эпидемиологического надзора) косвенно указывает на возможную связь между гидротехническими преобразованиями ландшафта и формированием новых участков трансмиссии. Проверка этой гипотезы требует целенаправленного энтомологического и зоологического обследования с молекулярной оценкой заражённости переносчиков и резервуаров (Asl et al., 2022; Sofizadeh, 2018).

6. Выявление и идентификация

До внедрения молекулярных методов идентификация *Leishmania* spp. основывалась на изоферментном анализе (мультилокусном электрофорезе ферментов, MLEE), требующем получения жизнеспособных культур и обладающем низкой чувствительностью при работе с клиническим материалом (Schallig & Oskam, 2002). Этот метод сохраняет значение исторического «золотого стандарта» типирования, однако его трудоёмкость, длительность и потребность в специализированных лабораториях ограничивают применение в рутинной практике (Schönian et al., 2011). Во многих регионах диагностика до сих пор ограничивается микроскопическим выявлением амастигот в кожных мазках, окрашенных по Романовскому-Гимзе; чувствительность метода существенно снижается при давности поражения свыше нескольких месяцев и при малом числе паразитов в очаге (Mehrotra et al., 2025).

Клиническая диагностика КЛ дополнительно осложняется полиморфизмом поражений. Атипичные формы могут расцениваться как базальноклеточный или плоскоклеточный рак, саркоидоз, туберкулёз кожи, глубокие микозы или пиодермия; в отсутствие настороженности и лабораторного подтверждения это приводит к необоснованным хирургическим вмешательствам и к задержке специфического лечения (Barkati et al., 2019; Ekemen et al., 2024). Случай КЛ с поражением лица и шеи, потребовавший длительного дифференциально-диагностического поиска, описан и в Казахстане – у жителя неэндемичного северного региона (Zatonskikh et al., 2013).

Серологические методы, такие как иммуноферментный анализ и тесты на антитела к рекомбинантному антигену rK39, улучшили диагностику висцерального лейшманиоза в условиях ограниченной лабораторной базы (Hagos et al., 2021), однако при кожной форме они малоэффективны из-за слабого и непостоянного антительного ответа и не позволяют дифференцировать текущую инфекцию от перенесённой (Mehrotra et al., 2025).

В отличие от этих подходов, молекулярно-генетические методы, основанные на амплификации специфических фрагментов ДНК с помощью ПЦР, обеспечивают высокую чувствительность и видоспецифичность, особенно при низкой паразитарной нагрузке и в случаях хронических или атипичных форм заболевания (Aronson & Joya, 2019). В качестве мишеней наиболее широко используются многокопийные последовательности кинетопластной ДНК (кпДНК, миникольца) и участок внутреннего транскрибируемого спейсера рибосомального оперона (ITS1): первые обеспечивают максимальную аналитическую чувствительность, второй – возможность видовой дифференциации при последующем рестрикционном анализе или секвенировании (Mehrotra et al., 2025). Использование праймеров к вариабельным участкам позволяет не только обнаружить наличие патогена, но и провести его видовую идентификацию и генотипирование.

Для видовой идентификации хорошо зарекомендовал себя анализ полиморфизма длин рестрикционных фрагментов гена белка теплового шока hsp70 (ПЦР-ПДРФ, hsp70 PCR-RFLP), позволяющий различать большинство видов *Leishmania* Старого и Нового Света в едином формате (Montalvo et al., 2010). Дальнейшее развитие технологий связано с методами, не требующими электрофоретического разделения продуктов: высокоразрешающий анализ кривых плавления (HRM) обеспечивает детекцию и одновременную идентификацию видов Старого Света в закрытой пробирке (Saadi-Ben Aoun et al., 2024), а петлевая изотермическая амплификация (LAMP) благодаря простоте визуальной детекции и невысоким требованиям к оборудованию рассматривается как перспективный инструмент для лабораторий базового уровня и полевых условий (Ruang-Areerate et al., 2021).

ПЦР-диагностика не требует жизнеспособных паразитов, позволяет работать с минимальным количеством биоматериала, включая соскобы, мазки-отпечатки и образцы, высушенные на фильтровальной бумаге, и обеспечивает возможность дальнейшего секвенирования для уточнения филогенетических связей. Это делает молекулярные методы приоритетными инструментами в системах эпидемиологического над-

зора, в программах контроля и в научных исследованиях (Mehrotra et al., 2025; Aronson & Joya 2019).

За пределами видовой идентификации задачи молекулярной эпидемиологии решаются методами внутривидового типирования. Мультилокусное микросателлитное типирование (MLMT) и мультилокусное типирование последовательностей (MLST) позволяют оценивать структуру популяций возбудителя, выявлять географически ассоциированные генетические группы и прослеживать заносы штаммов (Schönian et al., 2011; Banu et al., 2019). Применение этих подходов к изолятам *L. major*, полученным от пустынных грызунов в очагах Ирана, показало наличие выраженной внутривидовой гетерогенности и позволило соотнести штаммы, циркулирующие в популяциях резервуаров и у человека (Mirzaei et al., 2014). Внедрение полногеномного секвенирования дополнительно расширяет разрешающую способность анализа, обеспечивая выявление вариаций числа копий хромосом, гибридизационных событий и маркеров, ассоциированных с фенотипом, включая лекарственную чувствительность (Downing et al., 2011; Llanes et al., 2025).

Несмотря на очевидные преимущества, в Казахстане, включая эндемичные регионы, диагностика преимущественно опирается на микроскопию кожных соскобов, окрашенных по Романовскому-Гимзе (Dmitrovskiy et al., 2014; Ministry of Health and Social Development of the Republic of Kazakhstan [MHSD RK], 2016). Метод остаётся доступным, но малоинформативным при хронических формах и не позволяет определить вид паразита, что затрудняет эпидемиологический анализ и выбор адекватной терапии, особенно при возможном сосуществовании разных видов рода *Leishmania*, отличающихся по вирулентности и лекарственной чувствительности (Nasiri et al., 2022). На вероятную недодиагностику ЗКЛ в южном регионе, связанную с ограниченностью применяемых лабораторных методов, указывалось и ранее (Dmitrovskiy et al., 2014). Формирование национальной коллекции изолятов и депонирование полученных нуклеотидных последовательностей в международные базы данных позволили бы включить казахстанские штаммы в глобальный контекст филогеографических исследований (Schönian et al., 2011).

7. Лечение и профилактика: значение видовой идентификации

Практическая ценность видовой диагностики определяется тем, что тактика ведения пациентов при КЛ существенно различается в зависимости от возбудителя. Действующие клинические рекомендации предполагают дифференцированный подход: при неосложнённых поражениях, вызванных *L. major*, во многих случаях допустима выжидательная тактика с местным лечением, тогда как при риске слизистого распространения или при инфекции видами с известной сниженной чувствительностью требуется системная терапия (Aronson et al., 2016).

Арсенал системных средств включает препараты пятивалентной сурьмы, липосомальный амфотерицин B, милтефозин и азолы; выбор определяется видом возбудителя, распространённостью и локализацией поражений, а также сопутствующей патологией (Aronson & Joya 2019). Обзоры клинического опыта применения липосомального амфотерицина B при КЛ Старого Света демонстрируют приемлемую эффективность при ограниченном числе контролируемых исследований, что подчёркивает дефицит доказательной базы для отдельных схем (Mosimann et al., 2018). Актуальность видовой диагностики усиливается расширением географии лекарственной устойчивости: молекулярные маркеры резистентности к препаратам сурьмы описаны в различных регионах мира, а их распределение неоднородно и связано как с видовой принадлежностью возбудителя, так и с локальной историей применения препаратов (Salari et al., 2022).

Опыт стран региона показывает, что в отсутствие системной молекулярной диагностики оценка бремени болезни и планирование лекарственного обеспечения оказываются существенно затруднены. Так, анализ ситуации в Афганистане – стране со сходными природно-климатическими условиями и высокой заболеваемостью – указывает на сочетание высокого уровня недорегистрации, ограниченной доступности терапии и недостаточной видовой характеристики возбудителя (Rahimi et al., 2025).

Профилактика ЗКЛ включает три основных направления: снижение численности резервуарных животных, контроль численности переносчиков и индивидуальную защиту населения. Программы дератизации в очагах ЗКЛ

при условии достаточного охвата и регулярности сопровождаются статистически значимым снижением заболеваемости (Abdoli et al., 2024); применение приманочных инсектицидных препаратов, скармливаемых грызунам, позволяет воздействовать одновременно на резервуар и переносчика (Poché et al., 2018). Индивидуальные меры – использование репеллентов, обработанных инсектицидами пологов и одежды, ограничение пребывания на открытом воздухе в часы сумеречной активности москитов – сохраняют значение прежде всего для лиц, временно посещающих очаги: пастухов, сельскохозяйственных рабочих и сезонных мигрантов (Feiz-Haddad & Khorami 2025; Irum et al., 2020).

Существенным барьером для раннего выявления и эффективной профилактики остаётся позднее обращение пациентов за медицинской помощью: популяционные исследования в Пакистане и Йемене показали, что значительная часть населения не связывает язвенные поражения кожи с укусами москитов, обращается в первую очередь к традиционным целителям и не осведомлена о мерах индивидуальной защиты (Irum et al., 2020; Al-Ashwal et al., 2024). Это указывает на необходимость систематической санитарно-просветительной работы как обязательного компонента программ контроля ЗКЛ, включая целевые вмешательства в школах эндемичных районов.

Заключение

КЛ остаётся актуальной паразитарной инфекцией с выраженной природно-очаговой спецификой, особенно в условиях Центральной Азии и южных регионов Казахстана. Проведённый анализ литературных источников, а также ретроспективных и эпидемиологических данных указывает на устойчивое сохранение природных очагов ЗКЛ в Туркестанской и Кызылординской областях. Несмотря на стабильную регистрацию случаев заболевания, выявлены значительные пробелы в систематическом эпидемиологическом надзоре, молекулярной идентификации возбудителей и дифференциации возбудителя на уровне видов и штаммов (Strelkova et al., 2015; Yurchenko et al., 2023).

Климатические изменения, рост внутренней мобильности населения, сельскохозяйственная активность и миграционные процессы способствуют увеличению риска расширения ареала циркуляции *Leishmania* spp. (Koch et al., 2017; Amro et al., 2022). В этих условиях традиционные морфологические методы обладают ограниченной диагностической ценностью и не позволяют проводить эпидемиологическое типирование, тогда как молекулярно-генетические подходы обеспечивают как надёжную видовую идентификацию, так и возможность популяционно-генетического анализа (Schönian et al., 2011; Mehrotra et al., 2025).

Настоящий обзор имеет ряд ограничений. Анализ основан преимущественно на данных официальной регистрации, которые в силу позднего обращения пациентов и преобладания клинико-микроскопической диагностики могут занижать истинный уровень заболеваемости. Видовая принадлежность возбудителя в рассмотренных случаях лабораторно не подтверждалась, а результаты энтомологических и зоологических наблюдений в исследуемых районах за анализируемый период в настоящий обзор не включены. Указанные ограничения не влияют на основной вывод о сохранении активности природных очагов, однако определяют направления дальнейших исследований.

На основании проведённого анализа могут быть сформулированы следующие приоритетные направления: 1) внедрение ПЦР-диагностики КЛ с видовой идентификацией возбудителя в лабораториях эндемичных районов и в референс-лаборатории национального уровня; 2) формирование национальной коллекции изолятов и базы нуклеотидных последовательностей *Leishmania* spp. с депонированием данных в международные репозитории; 3) возобновление регулярных энтомологических и зоологических обследований с оценкой заражённости *P. papatasi* и *R. opimus* молекулярно-генетическими методами; 4) расширение зоны надзора за счёт формально неэндемичных территорий, прилегающих к очагам; 5) проведение адресной санитарно-просветительной работы среди групп повышенного риска.

Обобщение и систематизация полученных данных указывают на необходимость внедрения и стандартизации протоколов молекулярной диагностики и комплексного подхода к эпидемиологическому надзору, реализуемого в логике концепции «Единого здоровья» (Zhang et al., 2024). Это обеспечит повышение эффективности мониторинга, раннего выявления и профилактики КЛ в Республике Казахстан и позволит мини-

мизировать последствия возможных вспышек на уязвимых территориях.

Источник финансирования

Работа выполнена в рамках проекта AP32321291 «Изучение распространенности кожного лейшманиоза в южном регионе Казахстане», финансируемого Комитетом науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан.

Вклад авторов

Рыбина Е.М.: Анализ и интерпретация эпидемиологических данных, написание рукописи, проверка критически важного содержания; Кузьмина А.Р.: Сбор и предоставление статистических и справочных материалов, использованных при подготовке обзора; Машжан А.С.: Получение финансирования; Остапчук Е.О.: Формирование ключевых положений статьи, редактура и форматирование рукописи.

Литература

Abbasi, I., Trancoso Lopo de Queiroz, A., Kirstein, O. D., Nasereddin, A., Horwitz, B. Z., Hailu, A., Salah, I., Mota, T. F., Mothé Fraga, D. B., Tavares Veras, P. S., Poché, D. M., Poché, R. M., Yeszhanov, A., Brodskyn, C., Torres-Poché, Z., & Warburg, A. (2018). Plant-feeding phlebotomine sand flies, vectors of leishmaniasis, prefer *Cannabis sativa*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 115*(46), 11790–11795. https://doi.org/10.1073/pnas.1810435115

Abdoli, A., Mazaherifar, S., Solhjoo, K., Farhang Zargar, M., Parvin Jahromi, H., Taghipour, A., Darayesh, M., Badri, M., Pirestani, M., Falahi, S., & Kenarkoohi, A. (2024). Effect of rodent control program on incidence of zoonotic cutaneous leishmaniasis, Iran. *Emerging Infectious Diseases, 30*(7), 1447–1449. https://doi.org/10.3201/eid3007.231404

Al-Ashwal, M. A., Al-Adhroey, A. H., Atroosh, W. M., Alshoteri, S. A., Al-Subbary, A. A., Alharazi, T. H., Sady, H., Azzani, M., Lau, Y.-L., & Al-Mekhlafi, H. M. (2024). Knowledge, attitude, practices and treatment-seeking behaviour concerning cutaneous leishmaniasis among rural hyperendemic communities in western Yemen. *Scientific Reports, 14*, 12662. https://doi.org/10.1038/s41598-024-63526-6

Alvar, J., Vélez, I. D., Bern, C., Herrero, M., Desjeux, P., Cano, J., Jannin, J., & den Boer, M. (2012). Leishmaniasis worldwide and global estimates of its incidence. *PLoS ONE, 7*(5), e35671. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0035671

Amro, A., Moskalenko, O., Hamarsheh, O., & Frohme, M. (2022). Spatiotemporal analysis of cutaneous leishmaniasis in Palestine and foresight study by projections modelling until 2060 based on climate change prediction. *PLoS ONE, 17*(6), e0268264. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0268264

Aronson, N. E., Herwaldt, B. L., Libman, M., Pearson, R., Lopez-Velez, R., Weina, P., Carvalho, E. M., Ephros, M., Jeronimo, S., & Magill, A. (2016). Diagnosis and treatment of leishmaniasis: Clinical practice guidelines by the Infectious Diseases Society of America (IDSA) and the American Society of Tropical Medicine and Hygiene (ASTMH). *Clinical Infectious Diseases, 63*(12), e202–e264. https://doi.org/10.1093/cid/ciw670

Aronson, N. E., & Joya, C. A. (2019). Cutaneous leishmaniasis: Updates in diagnosis and management. *Infectious Disease Clinics of North America, 33*(1), 101–117. https://doi.org/10.1016/j.idc.2018.10.004

Aronson, N. E., Musa, A. M., & Satoskar, A. R. (2026). Leishmaniasis. *New England Journal of Medicine, 394*(20), 2026–2039. https://doi.org/10.1056/NEJMra2403309

Asl, F. G., Mohebali, M., Jafari, R., Akhavan, A. A., Shirzadi, M. R., Zarei, Z., Fadaei, R., Ramezanpour, J., Hassanpour, G., Izadi, S., Hajjaran, H., & Elikaee, S. (2022). *Leishmania* spp. infection in *Rhombomys opimus* and *Meriones libycus* as main reservoirs of zoonotic cutaneous leishmaniasis in central parts of Iran: Progress and implications in health policy. *Acta Tropica, 226*, 106267. https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2021.106267

Banu, S. S., Meyer, W., Ferreira-Paim, K., Wang, Q., Kuhls, K., Cupolillo, E., Schönian, G., & Lee, R. (2019). A novel multilocus sequence typing scheme identifying genetic diversity amongst *Leishmania donovani* isolates from a genetically homogeneous population in the Indian subcontinent. *International Journal for Parasitology, 49*(7), 555–567. https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2019.02.010

Baranets, M. S., Ponirovsky, E. N., & Kadamov, D. S. (2015). Sand flies (Diptera, Psychodidae, Phlebotominae) in Central Asia: Species composition and spread. *Meditsinskaya Parazitologiya i Parazitarnye Bolezni*, (4), 10–18. [In Russian]

Barkati, S., Ndao, M., & Libman, M. (2019). Cutaneous leishmaniasis in the 21st century: From the laboratory to the bedside. *Current Opinion in Infectious Diseases, 32*(5), 419–425. https://doi.org/10.1097/QCO.0000000000000579

Bennis, I., De Brouwere, V., Belrhiti, Z., Sahibi, H., & Boelaert, M. (2018). Psychosocial burden of localised cutaneous leishmaniasis: A scoping review. *BMC Public Health, 18*, 358. https://doi.org/10.1186/s12889-018-5260-9

Daoudi, M., Outammassine, A., Amane, M., Hafidi, M., Boussaa, S., & Boumezzough, A. (2022). Climate change influences on the potential distribution of the sand fly *Phlebotomus sergenti*, vector of *Leishmania tropica* in Morocco. *Acta Parasitologica, 67*(2), 858–866. https://doi.org/10.1007/s11686-022-00533-5

Dmitrovskiy, A. M., Utepbergenova, G. A., Mamykova, K. U., & Zubova, N. V. (2014). Cutaneous zoonotic leishmaniasis in South Kazakhstan. *Problemy Biologii i Meditsiny, 3*(79), 24–25. [In Russian]. https://inlibrary.uz/index.php/problems_biology/article/view/4841

Downing, T., Imamura, H., Decuypere, S., Clark, T. G., Coombs, G. H., Cotton, J. A., Hilley, J. D., de Doncker, S., Maes, I., Mottram, J. C., Quail, M. A., Rijal, S., Sanders, M., Schönian, G., Stark, O., Sundar, S., Vanaerschot, M., Hertz-Fowler, C., Dujardin, J.-C., & Berriman, M. (2011). Whole genome sequencing of multiple *Leishmania donovani* clinical isolates provides insights into population structure and mechanisms of drug resistance. *Genome Research, 21*(12), 2143–2156. https://doi.org/10.1101/gr.123430.111

Dujardin, J.-C., Campino, L., Cañavate, C., Dedet, J.-P., Gradoni, L., Soteriadou, K., Mazeris, A., Ozbel, Y., & Boelaert, M. (2008). Spread of vector-borne diseases and neglect of leishmaniasis, Europe. *Emerging Infectious Diseases, 14*(7), 1012–1018. https://doi.org/10.3201/eid1407.071589

Ekemen, S., Nalcaci, M., Toz, S., Sanjoba, C., Demirkesen, C., Cetin, E. D., Tecimer, T., Yildiz, P., Gursel, M., Ince, U., Ozbel, Y., & Coban, C. (2024). Diagnostic challenges in cutaneous leishmaniasis due to atypical *Leishmania infantum*: Pathologists' insights from re-emergence zones. *Frontiers in Medicine, 11*, 1453211. https://doi.org/10.3389/fmed.2024.1453211

Fatemi, M., Yaghoobi-Ershadi, M. R., Mohebali, M., Saeidi, Z., Veysi, A., Gholampour, F., Akhondi, B., Karimi, A., Arandian, M. H., Mohammadi, A. M. A., Rassi, Y., Zahraei-Ramazani, A., Khamesipour, A., & Akhavan, A. A. (2018). The potential role of humans in the transmission cycle of *Leishmania major* (Kinetoplastida: Trypanosomatidae), the causative agent of the Old World zoonotic cutaneous leishmaniasis. *Journal of Medical Entomology, 55*(6), 1588–1593. https://doi.org/10.1093/jme/tjy110

Feiz-Haddad, M. H., & Khorami, S. (2025). A comprehensive review of epidemiology, environmental factors, and control strategies for zoonotic cutaneous leishmaniasis in Iran: Challenges and prospects. *Advanced Biomedical Research, 14*, 90. https://doi.org/10.4103/abr.abr_598_24

Frolov, A. O., Malysheva, M. N., & Kostygov, A. Y. (2015). Transformations of life cycles in the evolutionary history of trypanosomatids: Macrotransformations. *Parazitologiya, 49*(4), 233–256. [In Russian]

Hagos, D. G., Schallig, H. D. F. H., Kiros, Y. K., Abdulkadir, M., & Wolday, D. (2021). Performance of rapid rK39 tests for the diagnosis of visceral leishmaniasis in Ethiopia: A systematic review and meta-analysis. *BMC Infectious Diseases, 21*, Article 1166. https://doi.org/10.1186/s12879-021-06826-w

Irum, S., Aftab, M., Khan, A., Naz, S., Simsek, S., Habib, A., Afzal, M. S., Nadeem, M. A., Qasim, M., & Ahmed, H. (2020). Cutaneous leishmaniasis (CL): A cross-sectional community-based survey on knowledge, attitude and practices in a highly endemic area of Waziristan (KPK Province), Pakistan. *Acta Tropica, 213*, 105746. https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2020.105746

Jain, S., Agua, J. F. V., Ruiz-Postigo, J. A., Maia-Elkhoury, A. N., Valadas, S., Zamani, G., Osman, M., Yajima, A., & Beshah, A. (2025). Global leishmaniasis surveillance updates 2024: Consolidating gains and new initiatives. *Weekly Epidemiological Record, 100*(45), 535–552. https://www.who.int/publications/i/item/who-wer10045-535-552

Koch, L. K., Kochmann, J., Klimpel, S., & Cunze, S. (2017). Modeling the climatic suitability of leishmaniasis vector species in Europe. *Scientific Reports, 7*, 13325. https://doi.org/10.1038/s41598-017-13822-1

Leishmaniasis: Clinical protocol for diagnosis and treatment. (2016). Approved by the Joint Commission on the Quality of Medical Services of the Ministry of Health and Social Development of the Republic of Kazakhstan, Protocol No. 9 of 25 August 2016. Astana. [In Russian]

Lindner, A. K., Moreno-Del Castillo, M. C., Wintel, M., Equihua Martinez, G., Richter, J., Kurth, F., Pfäfflin, F., Zoller, T., Gertler, M., Georgi, S., Nürnberg, M., Hülso, C., Bernhard, J., Konopelska Kotsias, S., Seigerschmidt, A., van Loon, W., Mockenhaupt, F., Kampmann, B., & Harms, G. (2024). American cutaneous leishmaniasis: Imported cases in Berlin 2000–2023. *PLoS Neglected Tropical Diseases, 18*(7), e0012323. https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0012323

Llanes, A., Restrepo, C. M., & Lleonart, R. (2025). Unraveling the genome diversity of *Leishmania* parasites using next-generation DNA sequencing strategies. *Life, 15*(10), 1590. https://doi.org/10.3390/life15101590

Mehrotra, S., Tiwari, R., Kumar, R., & Sundar, S. (2025). Advances and challenges in the diagnosis of leishmaniasis. *Molecular Diagnosis & Therapy, 29*(2), 195–212. https://doi.org/10.1007/s40291-024-00762-6

Mirzaei, A., Schweynoch, C., Rouhani, S., Parvizi, P., & Schönian, G. (2014). Diversity of *Leishmania* species and of strains of *Leishmania major* isolated from desert rodents in different foci of cutaneous leishmaniasis in Iran. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene, 108*(8), 502–512. https://doi.org/10.1093/trstmh/tru085

Montalvo, A. M., Fraga, J., Monzote, L., Montano, I., de Doncker, S., Dujardin, J.-C., & Van der Auwera, G. (2010). Heat-shock protein 70 PCR-RFLP: A universal simple tool for *Leishmania* species discrimination in the New and Old World. *Parasitology, 137*(8), 1159–1168. https://doi.org/10.1017/S0031182010000089

Mosimann, V., Neumayr, A., Paris, D. H., & Blum, J. (2018). Liposomal amphotericin B treatment of Old World cutaneous and mucosal leishmaniasis: A literature review. *Acta Tropica, 182*, 246–250. https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2018.03.016

Nasiri, Z., Kalantari, M., Mohammadi, J., Daliri, S., Mehrabani, D., & Azizi, K. (2022). Cutaneous leishmaniasis in Iran: A review of epidemiological aspects, with emphasis on molecular findings. *Parasite, 29*, 47. https://doi.org/10.1051/parasite/2022047

Pareyn, M., Alves, F., Burza, S., Chakravarty, J., Alvar, J., Diro, E., Kaye, P. M., & van Griensven, J. (2025). Leishmaniasis. *Nature Reviews Disease Primers, 11*(1), 81. https://doi.org/10.1038/s41572-025-00663-w

Poché, D. M., Torres-Poché, Z., Yeszhanov, A., Poché, R. M., Belyaev, A., Dvořák, V., Sayakova, Z., Polyakova, L., & Aimakhanov, B. (2018). Field evaluation of a 0.005% fipronil bait, orally administered to *Rhombomys opimus*, for control of fleas (Siphonaptera: Pulicidae) and phlebotomine sand flies (Diptera: Psychodidae) in the Central Asian Republic of Kazakhstan. *PLoS Neglected Tropical Diseases, 12*(7), e0006630. https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006630

Rahimi, B. A., Ghatee, M. A., Habib, M. N., Farooqi, K., Ritmeijer, K., Hussain, H. S., Beg, M. A., & Taylor, W. R. (2025). Cutaneous leishmaniasis in Afghanistan. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene, 119*(8), 848–864. https://doi.org/10.1093/trstmh/traf028

Ruang-areerate, T., Sukphattanaudomchoke, C., Thita, T., Leelayoova, S., Piyaraj, P., Mungthin, M., Suwannin, P., Polpanich, D., Tangchaikeeree, T., Jangpatarapongsa, K., Choowongkomon, K., & Siripattanapipong, S. (2021). Development of loop-mediated isothermal amplification (LAMP) assay using SYBR Safe and gold-nanoparticle probe for detection of *Leishmania* in HIV patients. *Scientific Reports, 11*, 12152. https://doi.org/10.1038/s41598-021-91540-5

Saadi-Ben Aoun, Y., Souguir, H., Chouaieb, H., Kraiem, M., Bel Hadj Ali, I., Chakroun, A. S., Noguier, F., Fathallah-Mili, A., Piquemal, D., & Guizani, I. (2024). A high resolution melting analysis (HRM) PCR assay for the detection and identification of Old World *Leishmania* species. *PLoS Neglected Tropical Diseases, 18*(12), e0012762. https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0012762

Saf'yanova, V. M. (1974). Typology of leishmaniasis foci based on the transmissive factor. In *Conference materials* (pp. 336–347). [In Russian]

Salari, S., Bamorovat, M., Sharifi, I., & Almani, P. G. N. (2022). Global distribution of treatment resistance gene markers for leishmaniasis. *Journal of Clinical Laboratory Analysis, 36*(8), e24599. https://doi.org/10.1002/jcla.24599

Saydam, F. N., Erdem, H., Ankarali, H., El-Arab Ramadan, M. E., El-Sayed, N. M., Civljak, R., Pshenichnaya, N., Moroti, R. V., Mahmuodabad, F. M., Maduka, A. V., Mahboob, A., Prakash Kumari, P. H., Stebel, R., Cernat, R., Fasanekova, L., Uysal, S., Tasbakan, M., Arapović, J., Magdalena, D. I., & Rodriguez-Morales, A. J. (2021). Vector-borne and zoonotic infections and their relationships with regional and socioeconomic statuses: An ID-IRI survey in 24 countries of Europe, Africa and Asia. *Travel Medicine and Infectious Disease, 44*, 102174. https://doi.org/10.1016/j.tmaid.2021.102174

Schallig, H. D. F. H., & Oskam, L. (2002). Molecular biological applications in the diagnosis and control of leishmaniasis and parasite identification. *Tropical Medicine & International Health, 7*(8), 641–651. https://doi.org/10.1046/j.1365-3156.2002.00911.x

Schönian, G., Kuhls, K., & Mauricio, I. L. (2011). Molecular approaches for a better understanding of the epidemiology and population genetics of *Leishmania*. *Parasitology, 138*(4), 405–425. https://doi.org/10.1017/S0031182010001538

Sergiev, V., Kondrashin, A., Litvinov, S., & Morozova, L. (2018). Epidemiology and control of leishmaniasis in the former USSR: A review article. *Iranian Journal of Parasitology, 13*(3), 342–350.

Sofizadeh, A., Hanafi-Bojd, A. A., & Shoraka, H. R. (2018). Modeling spatial distribution of *Rhombomys opimus* as the main reservoir host of zoonotic cutaneous leishmaniasis in northeastern Iran. *Journal of Vector Borne Diseases, 55*(4), 297–304. https://doi.org/10.4103/0972-9062.256565

Strelkova, M. V., Ponirovsky, E. N., Morozov, E. N., Zhirenkina, E. N., Razakov, S. A., Kovalenko, D. A., Schnur, L. F., & Schönian, G. (2015). A narrative review of visceral leishmaniasis in Armenia, Azerbaijan, Georgia, Kazakhstan, Kyrgyzstan, Tajikistan, Turkmenistan, Uzbekistan, the Crimean Peninsula and Southern Russia. *Parasites & Vectors, 8*, 330. https://doi.org/10.1186/s13071-015-0925-z

Van der Auwera, G., & Dujardin, J.-C. (2015). Species typing in dermal leishmaniasis. *Clinical Microbiology Reviews, 28*(2), 265–294. https://doi.org/10.1128/CMR.00104-14

World Health Organization. (2010). *Control of the leishmaniases: Report of a meeting of the WHO Expert Committee on the Control of Leishmaniases* (Technical Report Series No. 949). WHO Press.

World Health Organization. (2023, January 12). *Leishmaniasis*. https://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/leishmaniasis

Yurchenko, V., Chistyakov, D. S., Akhmadishina, L. V., Lukashev, A. N., & Strelkova, M. V. (2023). Revisiting epidemiology of leishmaniasis in Central Asia: Lessons learnt. *Parasitology, 150*(2), 129–136. https://doi.org/10.1017/S0031182022001640

Zatonskikh, V., Venglovskiy, A., Zhumambaeva, S., Zhussupov, B., Dakenov, B., Toulebaev, R., & Shaidarov, M. (2013). Evolution of clinical manifestations of neck and face due to cutaneous leishmaniasis resulting in diagnostic errors. *Iranian Journal of Public Health, 42*(12), 1472–1475.

Zhang, G., Qiu, Y., Boireau, P., Zhang, Y., Ma, X., Jiang, H., Xin, T., Zhang, M., Tadesse, Z., Wani, N. A., Song, J., & Ding, J. (2024). Modern agriculture and One Health. *Infectious Diseases of Poverty, 13*, 74. https://doi.org/10.1186/s40249-024-01240-1

Сведения об авторах:

Елена Рыбина – магистр, лаборант лаборатории иммунологии и иммунобиотехнологии, Филиал ТОО «Национальный центр биотехнологии» в городе Алматы (Алматы, Казахстан, e-mail: elle.rybina@gmail.com).

Александра Кузьмина – главный специалист отдела эпидемиологического контроля за инфекционными и паразитарными задолеваниями, Департамент санитарно-эпидемиологического контроля Туркестанской области Республики Казахстан (Туркестан, Казахстан, e-mail: a.kuzmina@dsm.gov.kz).

Акжигит Машжан – PhD, ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярной биологий, Филиал ТОО «Национальный центр биотехнологии» в городе Алматы (Алматы, Казахстан, e-mail: aj.akzhigit@gmail.com).

Екатерина Остапчук (автор для корреспонденции) – PhD, ассоциированный профессор, и. о. директора Филиала ТОО «Национальный центр биотехнологии» в городе Алматы (Алматы, Казахстан, e-mail: katyostapchuk@gmail.com).

Information about the authors:

Elena Rybina, MSc, Laboratory Assistant, Laboratory of Immunology and Immunobiotechnology, Almaty Branch of the National Center for Biotechnology (Almaty, Kazakhstan, e-mail: elle.rybina@gmail.com).

Alexandra Kuzmina, Chief Specialist, Department of Epidemiological Control of Infectious and Parasitic Diseases, Department of Sanitary and Epidemiological Control of Turkistan Region of the Republic of Kazakhstan (Turkistan, Kazakhstan, e-mail: a.kuzmina@dsm.gov.kz).

Akzhigit Mashzhan – Ph.D., leading researcher at the laboratory of molecular biology, Almaty branch of the "National Center for Biotechnology" (Almaty, Kazakhstan, e-mail: aj.akzhigit@gmail.com).

Yekaterina Ostapchuk (corresponding author) – PhD, Associate Professor, Acting Director, Almaty Branch of the "National Center for Biotechnology" (Almaty, Kazakhstan, e-mail: katyostapchuk@gmail.com).

Авторлар туралы мәлімет:

Елена Рыбина, магистр, «Ұлттық биотехнология орталығы» ЖШС Алматы қаласындағы филиалының иммунология және иммунобиотехнология зертханасының зертханашысы (Алматы, Қазақстан, e-mail: elle.rybina@gmail.com).

Александра Кузьмина, Қазақстан Республикасы Түркістан облысының санитариялық-эпидемиологиялық бақылау департаментінің инфекциялық және паразиттік ауруларды эпидемиологиялық бақылау бөлімінің бас маманы (Түркістан, Қазақстан, e-mail: a.kuzmina@dsm.gov.kz).

Ақжігіт Машжан – Ph.D., "Ұлттық биотехнология орталығының" Алматы филиалының молекулалық биология зертханасының жетекші ғылыми қызметкері (Алматы, Қазақстан, электрондық пошта: aj.akzhigit@gmail.com).

Екатерина Остапчук (хат-хабарға жауапты автор), PhD, қауымдастырылған профессор, «Ұлттық биотехнология орталығы» ЖШС Алматы қаласындағы филиалы директорының м.а. (Алматы, Қазақстан, e-mail: katyostapchuk@gmail.com).

Поступило 11 января 2026 года
Повторно загружено 1 сентября 2026 года
Принято 15 сентября 2026 года