

Материалы и методы. Были исследованы 97 культур менингококков (83 культуры за 2010 год и 14 культур за 2011 год) с использованием классических микробиологических методов, биологического автоматического анализатора Vitek 2 (BioMerieux), метода ПЦР.

Результаты. Все культуры менингококков, поступившие в РНПЦЭМ, были определены как *N. meningitidis*. Была определена серогрупповая принадлежность всех штаммов методом ПЦР. Среди всех исследованных изолятов менингококков серогруппы А выявлено не было, менингококки серогруппы В выявлены в 55,7% (n=54) случаев, С – в 13,4% (n=13) случаев, У в 3,1% (n=3) случаев, нетипируемые формы менингококков составили 27,8% (n=27). Анализ возрастного распределения среди штаммов, выделенных от больных МИ, показал, что преобладали штаммы, выделенные от детей (74,1%). Количество штаммов, выделенных от взрослого населения, составило 25,9%. Распределение штаммов, выделенных от детского населения, по возрастной структуре выглядело следующим образом: от детей в возрасте 0–2 года – 46,3%, в возрасте 3–6 – 18,5%, в возрасте 7–14 лет – 9,3%. Эпидемиологические данные о 46 изолятах, выделенных в республике, были внесены в базу данных EMERT – European Meningococcal Epidemiology in Real Time – Европейская Эпидемиология Менингококков в реальном времени. Всем им присвоены идентификационные номера.

Выводы. Проведен молекулярно-биологический мониторинг *N. meningitidis*, циркулирующих среди населения республики (2010–2011 гг.). Среди исследованных менингококков преобладали менингококки серогруппы В (55,7%). Проведено депонирование эпидемиологических и молекулярно-генетических данных об исследованных изолятах в мировую базу EMERT.

С.Э. Глазкова, Л.П. Титов

СЕКВЕНИРОВАНИЕ ХАУСКИПИНГ ГЕНОВ *N. MENINGITIDIS* В БЕЛАРУСИ

ГУ «РНПЦ эпидемиологии и микробиологии»

Введение. *Neisseria meningitidis* – грамотрицательные диплококки, обладающие высокой вирулентностью и вызывающие у человека системную гнойно-воспалительную инфекцию. Геном *N. meningitidis* состоит из 2,3 млн пар оснований и содержит около 2160 генов. Среди множества важных для жизнеобеспечения патогена генов выделяют гены «домашнего хозяйства» (хаускипинг гены), отвечающие за внутриклеточный метаболизм. Изменения в структуре хаускипинг генов приводят к появлению более высокоинвазивных и вирулентных клональных вариантов патогена.

Материалы и методы. Было проведено секвенирование хаускипинг генов 24 менингококков, выделенных от больных менингококковой инфекцией и от контактных лиц согласно рекомендациям базы данных

МЛСТ – Multilocus Sequence Typing – Международная база данных по мультилокусному секвенс-типированию (<http://pubmlst.org/neisseria/>).

Результаты. На основании проведенного секвенирования 7 хаускипинг генов менингококков было определено 22 секвенс – типа (СТ), 18 из которых ранее описаны не были. В мировую базу МЛСТ внесены данные об изученных изолятах, представлены новые последовательности хаускипинг генов и секвенс – типов. Среди всех полученных СТ восемь распределены среди следующих клональных комплексов: ST 41/44 complex Lineage3 (СТ 3346, СТ 8542 и СТ 8543), ST-18 complex (СТ 18, СТ 6347 и СТ 8545), ST 103 (СТ 8576) и ST 174 (СТ 8577). Остальные определенные СТ не относились к клональным комплексам.

Последовательное и широкое применение генотипирования представляет принципиально новый метод в эпидемиологии, поскольку морфологические, биохимические и серологические методы типирования дают недостаточно детализированные и трудно поддающиеся стандартизации результаты. Так, применение генотипирования способно помочь как непосредственно проследить эпидемическую цепочку, так и решать общие задачи эпидемиологии и молекулярной эволюции патогенных микроорганизмов.

Выводы. Проведено секвенирование хаускипинг генов менингококков, получены новые аллели некоторых из генов и определено 22 СТ менингококков, 18 из которых ранее описаны не были. Все новые данные опубликованы в международной базе МЛСТ.

Н.В. Глуткина, В.М. Пырочкин

КИСЛОРОДТРАНСПОРТНАЯ ФУНКЦИЯ КРОВИ У БОЛЬНЫХ С ПЕРЕНЕСЕННЫМ ИНФАРКТОМ МИОКАРДА

УО «Гродненский государственный медицинский университет»

Заболевания сердечно-сосудистой системы являются ведущей причиной смертности в мире (в частности, 7,6 млн чел. ежегодно умирают от инфаркта миокарда). Количественная оценка функциональной способности системы транспорта кислорода и выявление факторов, ответственных за ее ограничение, является важным для понимания основных механизмов адаптации и резервных возможностей сердечно-сосудистой системы, особенно при инфаркте миокарда. Известно, что при этой патологии снижаются такие параметры венозной крови, как p_{50} , pO_2 , насыщение крови кислородом, деформируемость эритроцитов, что важно для оценки эффективности проводимой патогенетической терапии.

Цель исследования: изучить кислородтранспортную функцию крови у больных с перенесенным инфарктом миокарда в подострый период.

Обследовано 13 пациентов с инфарктом миокарда на 25-е и 60-е сутки от начала заболевания, обоих полов, в возрасте от 47 до 61 года, кото-