

А.Е. Гончаров¹, Л.П. Зуева¹, А.Н. Суворов², Л.С. Глазовская³, Е.Б. Брусина³, И.С. Азизов⁴, А.В. Лавриненко⁴, Т.Н. Суборова⁵, Д.В. Разумова⁵, В.Ю. Хорошилов¹, Б.И. Асланов¹, А.А. Долгий¹

ПЦР-ИДЕНТИФИКАЦИЯ ФРАГМЕНТОВ ГЕНОВ ОСТРОВОВ ПАТОГЕННОСТИ В МЕТИЦИЛЛИНРЕЗИСТЕНТНЫХ ШТАММАХ STAPHYLOCOCCUS AUREUS

¹ГБОУ ВПО Северо-западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова Минздрава России, 191015, Санкт-Петербург, ул. Кирочная, 41; ²ФГБУ НИИ экспериментальной медицины Северо-Западного отделения РАМН, 197376, Санкт-Петербург, ул. Акад. Павлова, 12; ³ГБОУ ВПО Кемеровская государственная медицинская академия Минздрава России, 650029, Кемерово, ул. Ворошилова, 22а; ⁴РГП Карагандинский государственный медицинский университет МЗ РК, Республика Казахстан, 100008, Караганда, ул. Гоголя, 40; ⁵ФГКВБОУ ВПО Военно-медицинская академия им. С.М. Кирова МО РФ, 194044, Санкт-Петербург, ул. Акад. Лебедева, 6

Проведена идентификация фрагментов островов патогенности (SAPII, vSaa и vSaβ) в 11 клинических штаммах MRSA, отнесенных на основании spa-сиквенсирования и рестрикционно-модификационного теста к различным генотипам.

Показано, что набор изученных островов патогенности является штаммоспецифичным и может быть использован в качестве эпидемиологического маркера госпитальных штаммов золотистого стафилококка.

Ключевые слова: MRSA, spa-сиквенсирование, рестрикционно-модификационный тест, острова патогенности

A.E. Goncharov¹, L.P. Zueva¹, A. E. Suvorov², L.S. Glazovskaya³, E .B. Brusina³, I. S. Azizov⁴, A.V. Lavrinenko⁴, T.N. Suborova⁵, V.Yu. Khoroshilov¹, B.I. Aslanov¹, A.A. Dolgiy¹

PCR IDENTIFICATION OF FRAGMENTS OF GENES FOR PATHOGENICITY ISLANDS IN METHICILLIN-RESISTANT STAPHYLOCOCCUS AUREUS STRAINS

¹Federal State Budgetary Institution of Higher Professional Education "The St. Petersburg I. I. Mechnikov State Medical Academy " 47, Piskarevskiy prospekt, St. Petersburg, Russian Federation, 195067; ²State Budgetary Institution "Institute of Experimental Medicine of the North West Branch of the Russian Academy of Medical Sciences", 12, Akad.Pavlov Str., St.Petersburg, Russian Federation, 197376; ³State Budgetary Educational Institution of Higher Professional Education "Kemerovo state medical academy" of the Ministry of Health care, 22a, Voroshilova Str., Kemerovo, 650029; ⁴The Republican State Enterprise "Karaganda State Medical University", 40, Gogolya Str., Karaganda, The Republic of Kazakhstan, 100008; ⁵ The Federal State Treasury Military Educational Institution of Higher Professional Education "Military-medical Academy named after S. M. Kirov" of the Ministry of Defense, 6-Zh, Akademika Lebedeva Str., St.- Petersburg, Russian Federation, 194044

The identification of fragments of pathogenicity islands (SAPII, vSaa and vSaβ) in 11 clinical strains of Methicillin-resistant Staphylococcus aureus (MRSA), referred on the basis of spa- sequence typing and the restriction-modification test to different genotypes, has been performed. A set of studied pathogenicity islands was shown to be strain-specific and be available for usage as an epidemiological marker of hospital strains of Staphylococcus aureus.

Key words: Methicillin-resistant Staphylococcus aureus (MRSA), spa- sequence typing, restriction-modification test, pathogenicity islands

Введение

В настоящее время Staphylococcus aureus является одним из наиболее распространенных возбудителей инфекций, связанных медицинскими вмешательствами. Наибольшую опасность в клиническом и эпидемиологическом отношении представляют метициллинрезистентные штаммы золотистого стафилококка (MRSA), причем доля нозокомиальных инфекций, вызванных MRSA, ежегодно увеличивается. По данным национальной системы мониторинга за нозокомиальными инфекциями (NNIS), доля MRSA в структуре внутрибольничных инфекций в США составила 2,4% в 1975 г., 30% в 1989 г., 36% в 1996 г. и возросла до 40% в 1997 г. [5].

Использование метода мультилокусного секвенирования-типирования позволило установить при-

надлежность многочисленных госпитальных штаммов MRSA всего лишь к шести филогенетическим линиям, или клональным комплексам: CC1, CC5, CC8/239, CC22, CC30, CC45. Наиболее диверсифицированными и многочисленными являются клональные комплексы CC5 и CC8/239, которые содержат различные эпидемические штаммы и клоны, такие как EMRSA 1, 4, 7, 9, 11, Бразильский, Иберийский. В стационарах России выявлено эпидемическое распространение штаммов MRSA, генетически родственных EMRSA-1 (Бразильскому клону) и Иберийскому клону [3].

К основным факторам патогенности золотистого стафилококка относят белок А, различные экстрацеллюлярные белковые продукты (эксфолиативные токсины А и В, гемолизины, лейкоцидины, энтеротоксины – суперантигены, хлопьеобразующие факторы А и В).

Установлено, что гены ряда факторов патогенности золотистого стафилококка (энтеротоксины, гемолизины, лейкоцидины) находятся в составе мобильных

Для корреспонденции: Гончаров Артемий Евгеньевич, канд. мед. наук, доцент каф. эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии СЗГМУ им. И.И. Мечникова, 195067, Санкт-Петербург, Пискаревский пр., 47, e-mail: phage1@yandex.ru

генетических элементов, в частности входят в состав разнообразных "островов патогенности" [8].

В то же время вопрос о патогенном потенциале госпитальных штаммов MRSA, циркулирующих на территории России, включая международные эпидемические клоны, остается недостаточно изученным. В частности, нет сведений о распространенности и эпидемиологическом значении штаммов, несущих отдельные "острова патогенности" в российских госпитальных популяциях MRSA.

В связи с этим целью настоящего исследования явилось изучение фрагментов генов, ассоциируемых с островами патогенности, в коллекции штаммов различных генотипов, типичных для госпитальных популяций MRSA.

Материалы и методы

В исследование включено 11 штаммов MRSA, 8 из которых выделены в 2007–2010 г. в лечебно-профилактических учреждениях России и Казахстана, в том числе 3 культуры эпидемического штамма BT2007, получившего распространение в стационарах экстренной помощи Санкт-Петербурга [2]. В качестве культур сравнения были использованы 3 штамма из коллекции шведского института инфекционного контроля (SMI, Solna), представлявшие собой европейские эпидемические клоны EMRSA-3, EMRSA-15, EMRSA-16 (табл. 1).

Клональную принадлежность культур определяли с использованием двух методов генетического типирования – метода рестрикционно-модификационного теста (restriction-modification test – RM-test), согласно [4] и методом *sra*-сиквенстипирования.

Метод рестрикционно-модификационного теста основан на определении полиморфизма стафило-

кокковых генов *hsdS1-hsdS2*, имеющих различные аллели у штаммов разных клональных комплексов (CC30, CC22, CC45, CC1, CC8, CC5).

В методе использовано 3 набора из 8 праймеров для амплификации переменных участков генов *hsdS1-hsdS2*. Последовательности праймеров представлены в табл. 2.

Принципиально, что использование данного метода позволяет избежать дорогостоящей процедуры мультилокусного секвенирования – типирования, для отнесения изучаемой культуры к тому или иному клональному комплексу.

Бактериальную ДНК получали методом горячего лизиса (при 95°C) клеточной суспензии в виде биомассы 2–3 колоний, выросших на 5% кровяном агаре (объем пробы 100 мкл, время обработки 15 мин) с очисткой центрифугированием. Амплификацию проводили в 25 мкл смеси, содержащей следующие реагенты (расчет приведен на одну пробу):

10-кратный ПЦР-буфер с MgCl₂ – 2,5 мкл

20 мМ смесь из четырех дезоксирибонуклеотидтрифосфатов dNTP – 2,5 мкл – по 40 pкМ на 1 мкл каждого из праймеров в сочетаниях: AF+AR30+AR22 (набор 1), AF+AR45+AR1 (набор 2), BF+BR8+BR5 (набор 3)

Taq-полимераза (5 ед/мкл) – 0,5 мкл

дистиллированная вода – 8,5 мкл

геномная ДНК – 3 мкл

ПЦР проводили в амплификаторе Mastercycler personal (Eppendorf) по следующей программе:

денатурация при 95°C (5 мин) с последующими 35 циклами амплификации (30 с денатурации при 94°C, 30 с отжига при 55°C, 120 с удлинения при 72°C) и финальным удлинением при 72°C в течении 5 мин.

Амплификацию гена *sra* проводили с использованием праймеров и условий реакции, предложенных

Таблица 1

Характеристика изученных культур MRSA и результаты их молекулярно-генетического типирования

№ культуры	Место выделения	Характеристика штамма	<i>sra</i> -тип	Клональный комплекс	Наименование эпидемического (госпитального) штамма	Наличие острова патогенности				
						SAPI1	SAPIbov1	SAPI2	vSaa	vSaβ
23	РФ, Москва	Эпидемический	t037	CC8/239	b2009Mos	-	-	-	-	-
101	РФ, Москва	Эпидемический	t037	CC8/239	b2009Mos	-	-	-	-	-
54	РФ, Кемерово	Госпитальный неэпидемический	t008	CC8/239	-	+	-	-	+	+
58	РФ, Кемерово	Госпитальный неэпидемический	t037	CC8/239	-	-	-	-	+	+
Sa775	Швеция	Эпидемический	t001	CC5	EMRSA-3	-	-	-	+	+
Sa776	Швеция	Эпидемический	t022	CC22	EMRSA-15	-	-	-	-	-
Sa778	Швеция	Эпидемический	t018	CC30	EMRSA-16	+	-	-	+	-
830d	Казахстан, Караганда	Амбулаторный неэпидемический	t008	CC8/239	-	-	-	-	-	+
256	Россия, СПб, стационар I	Эпидемический	t008	CC8/239	BT2007	-	-	-	-	-
1110	Россия, СПб, стационар I	Эпидемический	t008	CC8/239	BT2007	-	-	-	-	-
72ns	Россия, СПб, стационар II	Эпидемический	t008	CC8/239	BT2007	-	-	-	+	-

Примечание: «Эпидемический» в столбце «характеристика штамма» обозначает штамм, выделенный при вспышке или отнесенный к международным эпидемическим клоном, «госпитальный неэпидемический» – штамм выделен в условиях стационара при отсутствии доказанной вспышки внутрибольничной инфекции, «амбулаторный» – штамм выделен у пациента в амбулаторных условиях.

Таблица 2

Последовательности праймеров для амплификации фрагментов генов hsdS1-hsdS2

Наименование праймера	Последовательность 5'-3'	Используется в наборе
AF	AGGGTTTGAAGGCGAATGGG	1,2
AR30	CAACAGAATAATTTTGTAGTC	1
AR22	TCAGAGCTCAACAATGATGC	1
AR45	GGAGCATTAATCTGGTGTTTTCC	2
AR1	GGGTTGCTCCTTGCATCATA	2
BF	CCCAAAGGTGGAAGTGA AAA	3
BR8	CCAGTTGCACCATAGTAAGGGTA	3
BR5	TCGTCCGACTTTTGAAGATTG	3

D. Harmsen [6]. Секвенирование осуществляли в автоматической капиллярной системе MegaBACE 1000 DNA Analysis System (GE Healthcare, США).

Результаты секвенирования гена *sra* обрабатывали, используя данные web-сайта <http://www.ridom.de/spaserver/>.

Последовательности пяти островов патогенности (SAPI1, SAPI2, SAPIbov1 vSaα, vSaβ), представленные в базе данных GenBank на сайте National Center for Biotechnology Information (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>), были использованы для дизайна праймеров к фрагментам генов вирулентности, входящих в состав этих островов патогенности (табл. 3).

При этом для идентификации острова патогенности SAPI1 была использована следующая стратегия. В первую очередь была поставлена ПЦР с праймерами, комплементарными участкам гена токсина синдрома токсического шока-1 *tst* и гена фаговой терминазы *ter*. Поскольку данным сочетанием генов помимо SAPI1обладают два других острова патогенности (SAPI2, SAPIbov1), штаммы, позитивные на эти гены, были также проверены на наличие последовательностей, специфичных островам патогенности SAPI2, SAPIbov1 (гены энтеротоксинов L и C, ген эксфолиативного токсина A). При отсутствии соответствующих продуктов амплификации результат интерпретировали как соответствующий обнаружению острова патогенности SAPI1.

Результаты и обсуждение

Проведенное молекулярно-генетическое типирование показало, что все выделенные в стационарах России и Казахстана культуры могут быть отнесены на основании рестрикционно-модификационного теста к клональному комплексу CC8/239, что согласуется с ранее полученными данными о преобладании в российских стационарах этого клонального комплекса [1]. Данная филогенетическая линия *S. aureus* включает в числе прочих и *sra*-генотипы t008 и t037, к которым были отнесены изученные нами культуры (табл. 1). Обнаружение данных *sra*-генотипов в российских и казахстанских стационарах не является неожиданным, учитывая, что по данным,

представленным в международной базе данных по *sra*-типированию на web-сайте <http://www.ridom.de/spaserver/>, они являются одними из наиболее распространенных генотипов MRSA в мире.

Исходя из данных, представленных в табл. 1, видно, что три острова патогенности из пяти изученных (SAPI1, vSaα и vSaβ) были представлены в изученных культурах, в то же время набор островов патогенности для штаммов, выделенных в различных стационарах, был разным даже в пределах одного *sra*-генотипа. Так, например, широко распространенный *sra*-тип t008, представленный культурами санкт-петербургского эпидемического штамма BT2007, а также штаммами из стационаров Кемерово и Караганды, обнаружил значительную вариабельность по наличию изученных фрагментов островов патогенности: в частности, были идентифицированы как варианты, содержащие фрагменты одного из островов патогенности (SAPI1, vSaα, vSaβ), так и культуры, в которых не выявлен ни один из фрагментов этих генетических элементов.

Можно предположить, что набор изученных островов патогенности отражает локальные и/или региональные генетические особенности MRSA, циркулирующих в стационарах географического региона.

Присутствие в госпитальных популяциях MRSA штаммов, обладающих структурами, несущими гены факторов патогенности, наводит на мысль о том, что широкое распространение этих штаммов определяется не только их устойчивостью к антибактериальным препаратам, но и их вирулентными свойствами. Острова патогенности, фрагменты которых обнаруживались в изученных штаммах, содержат гены разнообразных белков, способных взаимодействовать с клетками иммунной системы хозяина, в частности гены таких суперантигенов, как энтеротоксины O, T и белка токсического шока. Сериновые протеазы, кодируемые кластером генов в составе острова патогенности vSaβ, являются внеклеточными протеазами, способными оказывать прямое повреждающее воздействие на клетки хозяина. Данные ферменты широко распространены у грамположительных микроорганизмов – возбудителей нозокомиальных инфекций, в частности энтерококков [9].

Заключение

Широкая представленность островов патогенности vSaα и vSaβ среди изучаемых культур является ожидаемой и соответствует данным об их обнаружении в геномах всех полностью секвенированных в настоящее время геномах MRSA [7]. В то же время на основании выявленного полиморфизма по изученным фрагментам островов патогенности можно заключить, что набор изученных островов патогенности отражает локальные и/или региональные генетические варианты MRSA, в том числе характеризует госпитальные или вспышечные штаммы, сформировавшиеся в том или ином лечебно-профилактическом учреждении.

В связи с данным обстоятельством стратегия молекулярно-генетического мониторинга за эпиде-

Исследуемые острова патогенности и последовательности праймеров для амплификации фрагментов генов, ассоциированных с ними

Остров патогенности	Номер последовательности острова патогенности или содержащего его штамма в GenBank	Локализация праймеров в острове патогенности	Праймеры (5'→3')	Расположение сайтов связывания праймеров в последовательности, представленной в	Температура отжига праймеров, °С
SaPI1	U93688.2	Между геном токсина синдрома токсического шока-1 (tst) и геном фаговой терминазы <i>ter</i>	ACACAGATGGCAGCATCAGCC TGCGGCAGTCGGTGATGAAACA	2347–2367 3319–3298	60
SaPIbov1	NC007622.1	Ген энтеротоксина <i>sec-bov</i>	TGAAGGAAACCACCTTTGATAATGGGAA CAACCGTTTTATTGTCTGTTGTACATCA	403101–403127 403417–403391	57
		Между <i>sec-bov</i> и <i>orf3</i>	CCATCTTTGTTGTAAGGTGGACTT TGGAAAAACGTCAAAAAGTGATGCCA	403463–403439 401601–401625	55
		Между генами энтеротоксинов <i>sel</i> и <i>sec</i>	AGCGGTTTTGATAAGGGGAGTGT AGTCCACCTTACAACAAAGAATGGA	403807–403785 403440–403464	56
SaPI2	M17357.1	Ген эксфолиативного токсина <i>eta</i>	GCAGGTGTTGATTTAGCATT AGATGTCCTATTTTTGCTG	775–794 867–848	55
vSaα	NC_002745.2	Между генами энтеротоксинов <i>set8</i> и <i>set9</i>	TCAGCAACGCCAGCGCCTAA CCGTTGTGCTTCACACCCGA	443378–443397 445558–445539	60
vSaβ	NC_002745.2	Между геном <i>tRNA-Glu</i> и геном энтеротоксина <i>seo</i>	TTGATGCTCACCATGACAATGTGCT AGACACCGCCCTTTCACGGC	1881241–1881265 1882040–1882021	60
		Между генами сериновых протеаз <i>spIC</i> и <i>spIB</i>	CCGCCATACACCACACCTATGACC TGCGGCAGGGGCTAAAGCTG	1862874–1862897 1863860–1863841	63

мическими штаммами *S. aureus* должна включать в себя наряду с использованием методов, характеризующих клональную принадлежность, и филогенетическое родство штаммов (*spa*-типирование, MLST) также идентификацию мобильных генетических элементов, в частности островов патогенности.

Необходимо отметить, что использованный нами рестрикционно-модификационный тест для идентификации основных клональных комплексов золотистого стафилококка является быстрой и удобной альтернативой методу мультилокусного секвенирования – типирования. Мы полагаем, что в сочетании с ПЦР-идентификацией фрагментов островов патогенности данный метод может быть использован в практике эпидемиологического надзора за MRSA-инфекцией, например при доказательстве наличия эпидемиологических связей между случаями внутрибольничных инфекций.

ЛИТЕРАТУРА

1. Афанасьев М.В., Каракашев С.В., Ильина Е.Н., Салем А.-С.-А.-М., Сидоренко С.В., Говорун В.М. Молекулярно-генетическая характеристика метициллинустойчивых штаммов *Staphylococcus aureus*, выделенных в стационарах г. Москвы. Молекулярная генетика, микробиология и вирусология. 2010; 2: 20–4.
2. Гончаров А.Е., Olsson-Liljequist В., Зуева Л.П. и др. Эпидемический штамм метициллинрезистентного *Staphylococcus aureus* в стационарах Санкт-Петербурга. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2010; 5: 24–9.
3. Дмитренко О.А., Шагинян И.А., Прохоров В.Я., Матвеев

С.М., Гинцбург А.Л. Молекулярно-генетическое типирование метициллинрезистентных штаммов *Staphylococcus aureus*, выделенных в разных регионах Российской Федерации, на основании изучения размеров продукта амплификации и последующего рестрикционного анализа коагулазного гена. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2005; 4: 46–52

4. Cockfield J.D., Pathak S., Edgeworth J.D., Lindsay J.A. Rapid determination of hospital-acquired methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* lineages. J. Med. Microbiol. 2007; 56(Pt 5): 614–9.
5. Emori T.G., Gaynes R.P. An overview of nosocomial infections, including the role of the microbiology laboratory. Clin. Microbiol. Rev. 1993; 6(4): 428–42.
6. Harmsen D., Claus H., Witte W. et al. Typing of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in a university hospital setting by using novel software for *spa* repeat determination and database management. J. Clin. Microbiol. 2003; 41: 5442–8.
7. Kuroda M. et al. Whole genome sequencing of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. Lancet. 2001; 357: 1225–40.
8. Malachowa N., DeLeo F.R. Mobile genetic elements of *Staphylococcus aureus*. Cell. Mol. Life Sci. 2010; 67: 3057–71.
9. Tendolkar P.M., Baghdayan A.S., Shankar N. Pathogenic enterococci: new developments in the 21-st century. Cell. Mol. Life Sci. 2003; 60: 3–15.

Поступила 25.07.12

Сведения об авторах:

Зуева Людмила Павловна, доктор мед. наук, проф., зав. каф. эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии СЗГМУ им. И.И. Мечникова. 195067, Санкт-Петербург, Пискаревский пр., 47, e-mail: uzueva@mail.ru; **Суворов Александр Николаевич**, доктор мед. наук, проф., зав. отд. молекулярной генетики патогенных микроорганизмов, 197376, Санкт-Петербург, ул. Акад. Павлова, 12, e-mail: alexander_

suvorov1@hotmail.com; **Глазовская Лариса Станиславовна**, канд. мед. наук, доцент каф. эпидемиологии Кемеровской государственной медицинской академии, 650025, Кемерово, ул. Дарвина, 2-9; **Брусина Елена Борисовна**, доктор мед. наук, проф., зав. каф. эпидемиологии ГОУ ВПО Кемеровская государственная медицинская академия, 650025, Кемерово, ул. Дарвина, 2-9, e-mail: brusina@mail.ru; **Азизов Илья Сулейманович**, доктор мед. наук, гл. науч. сотр., зав. микробиологической лабораторией НИЦ Карагандинского государственного медицинского университета, Казахстан, Караганда, ул. Гоголя, 40, e-mail: antibiotic@mail.kz; **Лавриненко Алена Владимировна**, канд. мед. наук, ассистент каф. микробиологии Карагандинского государственного медицинского университета, Казахстан, Караганда, ул. Гоголя, 40, e-mail: lavrinenko.alena@gmail.com; **Суборова Татьяна Николаевна**, доктор мед. наук, ст. на-

уч. сотр. научно-исследовательской лаб. военно-полевой хирургии каф. военно-полевой хирургии ВМА им. С.М. Кирова МО РФ, 194044, Санкт-Петербург, ул. Академика Лебедева; **Разумова Дина Владимировна**, мл. науч. сотр. научно-исследовательской лаб. военно-полевой хирургии каф. военно-полевой хирургии ВМА им. С.М. Кирова МО РФ, 194044, Санкт-Петербург, ул. Академика Лебедева; **Хорошилов Владимир Юрьевич**, канд. мед. наук, доцент каф. эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии СЗГМУ им. И.И. Мечникова, e-mail: khoroshiloff@rambler.ru; **Долгий Алексей Алексеевич**, очный аспирант каф. эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии СЗГМУ им. И.И. Мечникова, e-mail: zoy4@yandex.ru; **Асланов Батырбек Исмедович**, канд. мед. наук, доцент каф. эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии СЗГМУ им. И.И. Мечникова, e-mail: batyra@mail.ru

© КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2013

УДК 616.98:579.861.1]:312.6(470.22)

Т.Г. Филатова¹, А.И. Коваленко², М.М. Лери³

ДИНАМИКА ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ МЕНИНГОКОККОВОЙ ИНФЕКЦИЕЙ В РЕСПУБЛИКЕ КАРЕЛИЯ

¹Петрозаводский государственный университет, 185910, Петрозаводск, пр. Ленина, 33; ²Управление Роспотребнадзора по Республике Карелия, 185003, Петрозаводск, ул. Володарского, 26; ³Институт прикладных математических исследований Карельского научного центра РАН, Петрозаводск, ул. Пушкинская, 11

Представлены результаты эпидемиологического анализа заболеваемости менингококковой инфекцией в Республике Карелия в эпидемический и межэпидемический периоды. Показатель заболеваемости менингококковой инфекцией в республике ежегодно превышал аналогичные данные по Российской Федерации. В годы эпидемического подъема увеличиваются число пораженных административных территорий и заболеваемость детей в возрасте до 14 лет. Наибольшая летальность наблюдалась в годы начала эпидемиологического подъема заболеваемости. Результаты исследования свидетельствуют о смене лидера менингококка серогруппы В на серогруппы С и А.

Ключевые слова: менингококковая инфекция, эпидемиология, дети, летальность

T. G. Filatova¹, A. I. Kovalenko², M. M. Leri³

DYNAMICS OF MENINGOCOCCAL INFECTION RATE IN THE REPUBLIC OF KARELIA

¹ Federal State budgetary Institution of Higher professional education "Petrozavodsk State University", 33, Prosp. Lenina, Petrozavodsk, the Republic of Karelia, Russian Federation, 185910; ² The Directorate of the Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare in the Republic of Karelia, 12, Pirogova Str., the Republic of Karelia, Russian Federation, 185002; ³ Federal State budgetary Institution of Science "Institute of Applied Mathematical Research" of the Karelian Research Centre of the Russian Academy of Sciences, 11, Pushkinskaya Str., Petrozavodsk, the Republic of Karelia, Russia, 185910

The paper presents the results of an epidemiological analysis of the incidence of meningococcal infection in the Republic of Karelia over epidemic and interepidemic periods. Year over year meningococcal infection rate in the Republic has been remaining to be higher than similar data in Russian Federation. In the years of epidemiological outbreak the number of regions being affected and the disease incidence in children under 14 increases. The largest lethality has been observed in the beginning of epidemiological outbreak. The results of the study indicate the exchange of the leader of meningococcus of serogroup B by meningococcus of serogroup C and A. In the absence of planned vaccinal prevention there remains the threat for the rise of meningococcal infection rate.

Key words: meningococcal infection, epidemiology, children, lethality

Инфекционные болезни по-прежнему играют существенную роль в патологии человека, наносят огромный экономический ущерб обществу. В связи с высокой эпидемиологической и социальной зна-

чимостью, клинико-эпидемиологическими особенностями, большой частотой генерализованных форм и высокой летальностью менингококковая инфекция (МИ) остается одним из актуальных вопросов здравоохранения [8, 10].

В мире МИ распространена повсеместно. Ежегодно, по оценкам ВОЗ, регистрируется более 300 тыс. случаев МИ в мире с 30 тыс. летальных исходов (во время эпидемий эти цифры значительно возраста-

Для корреспонденции: Филатова Тамара Георгиевна, доцент, канд. мед. наук, зав. каф. инфекционных болезней с курсом эпидемиологии, ПГУ, e-mail: filatova.karelia@mail.ru