

Т.В.Припутневич¹, А.Р.Мелкумян¹, Л.А.Любасовская¹,
В.В.Муравьева¹, Е.Н.Ильина², Г.Т.Сухих¹

МАСС-СПЕКТРОМЕТРИЯ В МИКРОБИОЛОГИЧЕСКОЙ ПРАКТИКЕ НАУЧНОГО ЦЕНТРА АКУШЕРСТВА, ГИНЕКОЛОГИИ И ПЕРИНАТОЛОГИИ

¹Научный центр акушерства, гинекологии и перинатологии, ²НИИ физико-химической медицины, Москва

Цель. Сравнительная оценка видовой идентификации микроорганизмов методом MALDI-TOF масс-спектрометрии и с помощью автоматического биохимического анализатора VITEK2 Compact30. *Материал и методы.* Проведена видовая идентификация 18 400 изолятов микроорганизмов (стафилококки, стрептококки, энтерококки, энтеробактерии, неферментирующие грамотрицательные бактерии, лактобациллы, анаэробы, дрожжевые грибы, нейссерии), выделенных из влагалища беременных и небеременных женщин и от новорожденных детей. Идентификацию выделенных микроорганизмов проводили с помощью автоматического бактериологического анализатора VITEK2 Compact30 (BioMerieux, Франция) и методом MALDI-TOF-MS анализа на масс-спектрометре AutoflexIII (Bruker Daltonics, Германия). *Результаты.* Выполнена сравнительная оценка идентификации 2005 изолятов микроорганизмов. В качестве референс-метода использовано секвенирование рибосомальной РНК. Достоверность видовой идентификации методом MALDI-TOF-MS анализа составила для стафилококков (95,8%), энтерококков (97,5%), энтеробактерий (98,4%), неферментирующих грамотрицательных бактерий (93,6%), β-гемолитических стрептококков (93,8%), лактобацилл (92,8%), дрожжевых грибов (99,9%). *Заключение.* Внедрение технологии MALDI-TOF-MS анализа в практическую работу микробиологических лабораторий превосходит ранее использованные способы микробиологического тестирования с точки зрения скорости, стоимости и достоверности идентификации широкого спектра микроорганизмов.

Журн. микробиол., 2016, № 1, С. 52—58

Ключевые слова: масс-спектрометрия, MALDI-TOF-MS, VITEK2 Compact30, видовая идентификация, стафилококки, стрептококки, энтерококки, энтеробактерии, неферментирующие грамотрицательные бактерии, лактобациллы, анаэробы, дрожжевые грибы, нейссерии

Т.В.Припутневич¹, А.Р.Мелкумян¹, Л.А.Любасовская¹,
В.В.Муравьева¹, Е.Н.Ильина², Г.Т.Сухих¹

MASS-SPECTROMETRY IN MICROBIOLOGICAL PRACTICE OF SCIENTIFIC CENTRE OF OBSTETRICS, GYNECOLOGY AND PERINATOLOGY

¹Scientific Centre of Obstetrics, Gynecology and Perinatology, ²Research Institute of Physical-Chemical Medicine, Moscow, Russia

Aim. Comparative evaluation of species identification of microorganisms by MALDI-TOF mass-spectrometry and automatic biochemical analyzer VITEK2 Compact30. *Materials and methods.* Species identification of 18 400 isolates of microorganisms (staphylococci, streptococci, enterococci, enterobacteria, nonfermenting gram-negative bacteria, lactobacilli, anaerobes, yeast fungi, neisseriae), isolated from vagina of pregnant and non-pregnant women and from newborns, was carried out. Identification of the isolated microorganisms was carried out by automatic bacteriologic analyzer VITEK2 Compact30 (BioMerieux, France) and MALDI-TOF-MS analysis method on AutoflexIII (Bruker Daltonics, Germany) mass-spectrometer. *Results.* Comparative identification of 2005 isolates of microorganisms was carried out. Sequencing of ribosomal RNA was used as a reference method. Authenticity of species identification by MALDI-TOF-MS analysis method was: for staphylococci (95.8%), enterococci (97.5%), enterobacteria (98.4%), nonfermenting gram-negative bacteria (93.6%), β-hemolytic staphylococci (93.8%), lactobacilli

(92.8%), yeast fungi (99.9%). *Conclusion.* Introduction of MALDI-TOF-MS analysis technology into practical work of microbiological laboratories exceeds previously used methods of microbiological testing in terms of speed, cost and authenticity of identification of a wide spectrum of microorganisms.

Zh. Mikrobiol. (Moscow), 2016, No. 1, P. 52—58

Key words: mass-spectrometry, MALDI-TOF-MS, VITEK2 Compact30, species identification, staphylococci, streptococci, enterococci, enterobacteria, nonfermenting gram-negative bacteria, lactobacilli, anaerobes, yeast fungi, neisseria

ВВЕДЕНИЕ

Научно-технический прогресс последних десятилетий, приведший к методологическому и техническому развитию различных областей медицины и практической реализации новых технологий, в том числе и в практике акушерства, гинекологии и перинатологии, обуславливает необходимость модернизации и усовершенствования диагностического поиска. Удовлетворение возросших требований клиницистов к качеству и срокам выполнения микробиологических исследований реализуется путем внедрения измерительных приборов и тест-систем нового поколения с использованием методов молекулярного анализа и принципов быстрой бактериологии, способных в максимально короткие сроки решать широкий круг диагностических задач.

Для решения этих вопросов инструментом в руках микробиологов становятся методы масс-спектрометрии, в частности, времяпролетная масс-спектрометрия (MALDI-TOF-MS), ставшая абсолютной альтернативой классической биохимической и молекулярно-генетической диагностике [3, 5 — 7]. В настоящее время масс-спектрометрическая детекция позволяет проводить точную идентификацию более 4000 видов микроорганизмов, сокращать сроки идентификации на 24 — 72 часа.

С использованием методики масс-спектрометрии впервые появилась возможность видовой идентификации микроорганизмов (лактобациллы, облигатные анаэробы, гемофилы, нейссерии, коринебактерии, актиномицеты и др.), ранее требовавшая дорогих и длительных процедур [4, 8].

В акушерско-гинекологических и неонатальных отделениях НЦАГиП им. В.И. Кулакова уже более 20 лет ведется мониторинг за изменениями микрофлоры различных локусов пациенток и микробной колонизацией новорожденных. За последние годы внедрение методов масс-спектрометрической детекции в практику работы микробиологической службы Центра позволило в максимально короткие сроки определять возбудителей инфекционной патологии, прогнозировать развитие резистентности микроорганизмов к антибактериальным препаратам и проводить раннюю коррекцию антибиотикотерапии [1].

Целью данного исследования явилась сравнительная оценка идентификации микроорганизмов из выделенной культуры методом MALDI-TOF масс-спектрометрии и с помощью автоматического биохимического анализатора VITEK2 Compact30.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Проведена видовая идентификация 18 400 изолятов различных микроорганизмов: стафилококки, стрептококки, энтерококки, энтеробактерии, неферментирующие грамотрицательные бактерии (НГОб), лактобациллы, анаэробы, дрожжевые грибы, нейссерии, выделенных из влагалища беременных и небеременных женщин и различных локусов (зев, кал, конъюнктивы, раны, кровь и т.д.) новорожденных детей.

Посевы биологического материала (кал, мазки из зева, отделяемое конъюнктивы, уретры, цервикального канала, ран и др.) проводили на 5% кровяной агар, Шадлер агар, шоколадный агар, кандиселект агар (BioRad, Франция), маннит-солевой агар, среду Эндо (Conda, Испания), агар Сабуро, энтерококкагар (ГНЦ ПМБ, Оболенск). Количественный посев мочи производили на 5% кровяной агар и среду Сабуро с последующим учетом результатов по международной методике количественного бактериологического исследования мочи Clinical Microbiology Procedures (Ed. by H.D. Isenberg, 1992): 1.17.6 — 1.17.7. Культивирование осуществляли по стандартной методике. Идентификацию выделенных микроорганизмов проводили с использованием коммерческих тест-систем по биохимическим показателям с помощью автоматического бактериологического анализатора VITEK2 Compact30 (BioMerieux, Франция) и методом MALDI-TOF-MS анализа на масс-спектрометре AutoflexIII (Bruker Daltonics, Германия).

Для видовой идентификации выделенных микроорганизмов методом MALDI-TOF-MS анализа использовали изолированные колонии, полученные при первичном росте на плотных питательных средах. В большинстве измерений бактериальные культуры не подвергали предварительной пробоподготовке (экстракции) и использовали метод прямого нанесения материала на мишень тонким мазком [2]. Масс-спектрометрический анализ осуществляли с помощью времяпролетного масс-спектрометра AutoflexIII, оснащенного азотным лазером 337 нм.

Программное обеспечение аппарата позволяет проводить идентификацию микроорганизмов и расчет коэффициента достоверности (score) в автоматическом режиме и для каждого результата приводится ссылка на NCBI (National Center for Biotechnology Information). При этом достоверными считаются результаты, при score > 1,7. Уровень достоверности идентификации с полученным значением score 2,0 и выше свидетельствовал о точной видовой идентификации, score от 1,7 до 2,0 — об идентификации до рода, отрицательными считали результаты со score ниже 1,7.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Проведена сравнительная оценка видовой идентификации 2005 изолятов условно патогенных микроорганизмов (УПМ), выполненной с помощью бактериологического анализатора VITEK2 Compact30 и методом MALDI-TOF-MS анализа на масс-спектрометре AutoflexIII. Все случаи несовпадений проверяли дополнительными диагностическими тестами классической микробиологии и/или секвенированием генов 16S (или 18S) рРНК.

При идентификации 117 изолятов стафилококков в 115 случаях (98,3%) отмечено совпадение идентификации обоими методами. В отношении видов *Staphylococcus aureus*, *S. hominis*, *S. haemolyticus*, *S. epidermidis*, *S. lugdunensis* и *S. cohnii* получено полное совпадение результатов. Изоляты *S. pasteurii*, идентифицированные методом MALDI-TOF-MS анализа с высоким score, на VITEK2 Compact30 были ложно определены как *S. warneri* (с пометкой, что при наличии желтого пигмента штамм может быть отнесен к виду *S. pasteurii*) и вид *S. vitulinus* с вероятностью 97%. Секвенированием генов 16S рРНК подтверждена видовая принадлежность штаммов *S. pasteurii* и *S. warneri*. Подтверждена видовая принадлежность идентифицированных методом MALDI-TOF-MS анализа 76 штаммов различных видов коагулазонегативных стафилококков (CoNS) из них: 41 — *S. haemolyticus*; 28 — *S. epidermidis*; 4 — *S. hominis*, 3 — *S. warneri*, 1 — *S. lugdunensis*, 1 — *S. pasteurii*, 2 — *S. cohnii*.

При сопоставлении результатов идентификации 96 изолятов стрептококков получено совпадение результатов идентификации β-гемолитических стрептококков в 93,2% случаев, при этом полное совпадение отмечено при тестировании *Streptococcus agalactiae* и *S. pyogenes*. Виды *S. equinus* и *S. salivarius* расценены

VITEK2 Compact30 как различные виды микрококков. Наибольшие разночтения обнаружены при идентификации методом MALDI-TOF-MS анализа 37 изолятов *S. pneumoniae*, 15 из которых бактериологический анализатор с высокой степенью вероятности (более 80%) идентифицировал как *S. mitis/oralis*. При идентификации других видов α -гемолитических стрептококков (*sanguinis*, *parasanguinis*, *infantarius*) наблюдалось несоответствие биохимической и масс-спектрометрической идентификации.

Для определения достоверности идентификации стрептококков методом MALDI-TOF-MS анализа параллельно проводили реакцию латекс-агглютинации с сыворотками Pneumo-Kit (BioMerieux, Франция), Strepto-B, Strepto-A (тест-система Pastorex-Strepto (BioRad, Франция)) и тест с оптохином. Дополнительно учитывали морфологические свойства выросших колоний и микроскопическую картину.

При изучении 502 изолятов, идентифицированных методом MALDI-TOF-MS как *S. pneumoniae* и постановке тест-агглютинации, положительная реакция отмечена только у 6,0%. Зона задержки роста более 6 мм у диска с оптохином обнаружена у 4,5% изолятов, у которых морфологические свойства соответствовали виду *S. pneumoniae*. Остальные 95,5% α -гемолитических стрептококков в бульоне образовывали длинные цепочки, по морфологическим свойствам колонии походили на представителей видов *S. mitis/oralis*. Учитывая вышеизложенные данные 479 (95,4%) α -гемолитических стрептококков были отнесены к виду *S. mitis/oralis*.

В результате параллельного тестирования 155 изолятов энтерококков в 99,0% случаев получено полное совпадение идентификаций. В одном случае с помощью VITEK2 Compact30 *E. casseliflavus* идентифицирован с равной вероятностью 50,0% как *E. casseliflavus* и *E. gallinarum*. В результате секвенирования генов 16S рНК подтверждена правильность идентификации методом MALDI-TOF-MS анализа.

При оценке идентификации 145 изолятов наиболее часто встречающихся и клинически значимых энтеробактерий отмечено совпадение (97,9%) результатов обоих методов. Однако в базе данных VITEK2 Compact30 отсутствуют некоторые виды энтеробактерий. Так, отсутствующий вид *E. kobei* определялся как *Brevundimonas* spp. или *E. asburiae* (*ludwigii*), а *E. vulneris* как *Pantoea* spp. Результаты секвенирования генов 16S рНК десяти штаммов энтеробактерий: *K. pneumoniae* (n=5), *C. braakii* (n=1), *E. aerogenes* (n=1), *S. marcescens* (n=1) и *E. vulneris* (n=1) совпали с данными MALDI-TOF-MS идентификации. Для двух штаммов *E. kobei* (у MALDI-TOF-MS вероятность 99%) по результатам секвенирования получено *E. kobei/cloacae/ludwigii*, что говорит о близкородственном как генетическом, так и белковом профиле и невозможности на сегодняшнем этапе четкого разделения этих видов.

При тестировании 140 изолятов НГОБ с помощью обоих приборов получен низкий процент совпадений идентификаций — 53,6%. Расхождения в результатах касались нескольких видов (*Acinetobacter genomospecies*, *A. ursingii*, *Pseudomonas hibiscicola*, *Stenotrophomonas maltophilia*) и были обусловлены скудной базой данных VITEK2 Compact30, двойкой видовой идентификацией и/или низким score для некоторых видов НГОБ методом MALDI-TOF-MS. Секвенирование генов 16S рНК 15 штаммов НГОБ, определенных методом MALDI-TOF-MS как *S. maltophilia*/*P. hibiscicola*, получена *S. maltophilia*, также подтверждена идентификация MALDI-TOF-MS для *A. radioresistens* и *A. genomospecies*.

Неожиданными оказались результаты параллельной идентификации на двух приборах 30 изолятов лактобацилл. При идентификации штаммов лактобацилл на VITEK2 Compact30 во всех случаях получены ложные результаты: в 30,0% случаев идентификация была недостоверной, в 70,0% — получены ложные результаты идентификации, из которых в 60,0% лактобациллы с высокой вероятностью (96 — 98%) отнесены к роду *Clostridium* spp. По 1 изоляту (3,3%) лактобацилл с

высокой вероятностью (85 — 95%) отнесены к *Bifidobacterium* spp., *Actinomyces naeslundii* и *Corynebacterium jeikeium*. В исследовании показано, что несмотря на наличие лактобацилл в перечне микроорганизмов в базе данных VITEK2 Compact30, этот прибор не рекомендуется нами для идентификации лактобацилл, так как не способен корректно определить родовую принадлежность и ложно определяет лактобациллы как актиномицеты, коринебактерии и даже клостридии.

За период исследования методом MALDI-TOF-MS анализа проведена видовая идентификация 301 изолята 21 вида коринебактерий, выделенных из отделяемого влагалища женщин репродуктивного возраста. Основными видами были: *Corynebacterium amycolatum* — 36,0%, *C. aurimucosum* — 23,3% и *C. coyleae* — 13,3%.

Учитывая отсутствие разнообразия видов в базе данных VITEK2 Compact30, параллельные исследования нами не проводились.

Из отделяемого влагалища женщин репродуктивного возраста в облигатно-анаэробных условиях выделено и идентифицировано методом MALDI-TOF-MS анализа 166 изолятов строгих анаэробных бактерий 27 различных видов. По частоте встречаемости (%) это были: *Anaerococcus* spp. (10,9), *Bifidobacterium longum* (10,3), *Alloscardovia omnicolens* (9,1), *Propionibacterium acnes* (6,6), *Veillonella parvula* (5,4), *Weissella viridescens* (5,4), *Atopobium vaginae* (5,4), *Fingoldia magna* (4,2), *Peptoniphilus harei* (4,2), *Prevotella bivia* (29,5), другие (10,9).

В микроаэрофильных условиях от пациенток с бактериальным вагинозом выделено и идентифицировано 111 изолятов *Gardnerella vaginalis*. В нашем исследовании методом MALDI-TOF-MS анализа впервые идентифицированы не определяемые ранее традиционными бактериологическими методами многие виды строгих анаэробных бактерий и получено их широкое видовое разнообразие, что подчеркивает ценность данного метода при идентификации этой группы микроорганизмов.

Методом MALDI-TOF-MS анализа проведена идентификация 115 изолятов трудноидентифицируемых аэробных и факультативно-анаэробных грамотрицательных палочек 21 вида, 178 грамположительных кокков 20 видов, относящихся в основном к роду *Rothia* (46,6%) и *Micrococcus* (21,0%), и 156 изолятов грамположительных палочек 26 видов, среди которых *Bacillus* (79,4%), *Arthrobacter* (6,4%), *Actinomyces* (3,8%). Видовая идентификация этих микроорганизмов другими методами затруднена из-за отсутствия широкой видовой базы данных в существующих классических тест-системах и полу- и автоматических бактериологических анализаторах.

В работе изучено 2569 изолятов дрожжевых грибов, выделенных от беременных и небеременных женщин и новорожденных детей. Всего определен 21 вид.

Лидирующее место среди грибов, выделенных из вагинального отделяемого, занимает вид *Candida albicans* — 1762 штамма (76,5%), доля *C. non-albicans* видов (542 штамма) составила 23,5%. Наиболее часто среди *C. non-albicans* видов встречались *C. glabrata* (42,4%), *C. parapsilosis* (13,7%), *Saccharomyces cerevisiae* (11,8%), *C. krusei* (10,9%), *C. kefyr* (7,2%). Доля видов *C. tropicalis*, *C. lusitaniae*, *C. lambica*, *C. norvegensis*, *C. guilliermondii*, *C. dubliniensis*, *C. nivariensis*, *C. utilis*, *Trichosporon asahii*, *C. pelliculosa*, *C. famata*, *Rhodotorula rubra*, *Pichia fabianii* составила от 0,2 до 3,7%.

Выделенные от новорожденных дрожжевые грибы (n=265) отнесены к трем родам — *Candida* (99,2%), *Saccharomyces* (0,4%) и *Malasseziae* (0,4%). *C. albicans* составила 36,2%. Среди грибов *C. non-albicans* видов были *C. famata* (39,8%), *C. glabrata* (15,1%) и *C. parapsilosis* (8%). Определение видовой принадлежности 1294 дрожжевых изолятов (1009 — *C. albicans* и 285 — *C. non-albicans*), идентифицированных методом MALDI-TOF-MS анализа, проведено параллельно на VITEK2 Compact30.

Полное совпадение результатов отмечено у 1287 штаммов (99,4%), у всех штаммов *S. albicans* (100%) и у 278 (97,5%) *S. non-albicans*.

Сравнение результатов идентификации 285 штаммов *S. non-albicans* видов показывает идентичные результаты в 278 случаях (97,5%). Исключение составили 7 штаммов 4 видов: *S. nivariensis*, *S. lambica*, *S. famata* и *P. fabianii*.

По данным биохимического типирования видовая принадлежность грибов установлена в 98,6% случаев (281 штамм). Два штамма *S. nivariensis* не идентифицированы с помощью VITEK2 Compact30 из-за отсутствия этого вида в базе данных. Ложно идентифицированы виды *S. lambica* и *P. fabianii*.

ОБСУЖДЕНИЕ

Метод прямого MALDI-TOF-MS анализа микроорганизмов в клинической микробиологии является на сегодня самым перспективным направлением. В ходе настоящей работы возможности и ограничения метода MALDI-TOF-MS изучены на 18400 изолятах различных бактерий и дрожжевых грибов, из которых на 2005 изолятах проведена сравнительная оценка идентификаций методом MALDI-TOF масс-спектрометрии и с помощью автоматического биохимического анализатора VITEK2 Compact30.

В результате исследования нами сделаны следующие заключения.

Идентификация микроорганизмов рода *Staphylococcus* методом MALDI-TOF-MS анализа в 95,8% случаев получена с высокой степенью достоверности (score $\geq 2,0$) и в 99,0% случаев совпадает с результатами идентификации биохимическими способами.

Методом MALDI-TOF-MS анализа получена неоднозначная идентификация микроорганизмов рода *Streptococcus*, при которой α -гемолитические стрептококки в 90,0% случаев определяются как *S. pneumoniae*. Для подтверждения их видовой принадлежности необходимо использовать дополнительные биохимические и иммунологические тесты. Результаты тестирования методом MALDI-TOF-MS анализа β -гемолитических видов совпадают с биохимической и иммунологической идентификацией на 99,0%.

Определение энтерококков методом MALDI-TOF-MS показало высокую достоверность результатов (в 97,5% случаев score $\geq 2,0$) и высокую степень совпадений (99,0%) идентификации.

Методом MALDI-TOF-MS энтеробактерии в 98,4% случаев типированы с высокими значениями score (2,0 и выше), и в 99,0% случаев идентификация совпадает с результатами биохимического тестирования.

Большинство штаммов НГОБ идентифицируются методом MALDI-TOF-MS с высоким значением score (93,6%). В 53,6% случаев результаты масс-спектрометрической идентификации совпадали с биохимическим тестированием. Невысокий процент совпадений обусловлен отсутствием в базе данных VITEK2 Compact30 некоторых видов, а также близкородственностью как генетического, так и белкового профилей данной группы микроорганизмов.

Ввиду отсутствия возможности или некорректной идентификации на VITEK2 Compact30 лактобацилл, коринебактерий, актиномицетов, строгих анаэробных и редко встречающихся аэробных и факультативно-анаэробных бактерий метод MALDI-TOF-MS анализ может успешно использоваться для их видовой идентификации.

ЛИТЕРАТУРА

1. Зубков В.В., Любасовская Л.А., Рюмина И.И., Припутневич Т.В., Анкирская А.С., Тютюнник В.Л. Микробиологический мониторинг в системе инфекционного контроля неонатальных стационаров. Российский вестник перинатологии и педиатрии. 2014, 1: 51-56.

- Ильина Е.Н., Говорун В.М. Масс-спектрометрия нуклеиновых кислот в молекулярной медицине. Биоорганическая химия. 2009, 35 (2): 149-164.
- Лебедев А.Т., Артеменко К.А., Самгина Т.Ю. Основы масс-спектрометрии белков и пептидов. М., Техносфера, 2012.
- Мелкумян А.Р., Припутневич Т.В., Анкирская А.С., Трофимов Д.Ю., Муравьева В.В., Муллабаева С.М., Завьялова М.Г. Видовой состав лактобактерий при различном состоянии микробиоты влагалища у беременных. Клиническая микробиология и анти-микробная химиотерапия. 2013, 15 (1): 72 —79.
- Clark A.E., Kaleta E.J., Arora A., Donna M. Matrix-assisted laser desorption ionization time of flight mass spectrometry: a fundamental shift in the routine practice of clinical microbiology. Clin. Microbiol. Rev. 2013, 26 (3): 547.
- Fournier P. E., Drancourt M., Colson P. et al. Modern clinical microbiology: new challenges and solutions. Nature Rev. Microbiology. 2013, 11: 574-585.
- Seng P., Drancourt M., Gouriet F. et al. Ongoing revolution in bacteriology: routine identification of bacteria by matrix-assisted laser desorption ionization time of flight mass spectrometry. Clin. Infect. Dis. 2009, 49: 543-551.
- Theel E.S., Schmitt B.H., Hall L. et al. Formic acid-based direct, on-plate testing of yeast and Corynebacterium species by Bruker Biotyper matrix-assisted laser desorption ionization—time of flight mass spectrometry. J. Clin. Microbiol. 2012, 50: 3093-3095.

Поступила 10.06.15

Контактная информация: Припутневич Татьяна Валерьевна, д.м.н.,
117997, Москва, ул.Академика Опарина, 4, р.т. (495)531-44-44

КРАТКИЕ СООБЩЕНИЯ

© Т.А.ТРИФОНОВА, А.А.МАРЦЕВ, 2016

Т.А. Трифонова, А.А. Марцев

ОЦЕНКА И ПРОГНОЗИРОВАНИЕ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОЙ ОБСТАНОВКИ ПО ИКСОДОВОМУ КЛЕЩЕВОМУ БОРРЕЛИОЗУ ВО ВЛАДИМИРСКОЙ ОБЛАСТИ

Владимирский государственный университет

Цель. Оценка и прогнозирование эпидемиологического процесса по иксодовому клещевому боррелиозу (ИКБ) во Владимирской области. *Материалы и методы.* Отчетная форма № 2 «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях». Территориальная дифференциация заболеваемости проводилась в программе ArcView 3.1. Были использованы следующие климатические показатели: среднемесячная температура воздуха, количество дней в месяце с осадками, влажность воздуха, атмосферное давление, величина снежного покрова и содержание кислорода в воздухе в каждом месяце за период 2004 — 2012 гг. Статистическую обработку данных, корреляционно-регрессионный анализ проводили в программе Statistica. *Результаты.* За период с 2005 по 2012 гг. во Владимирской области было зарегистрировано 1211 случаев заболеваемости ИКБ, которая выросла на 46%. Отмечается территориальная дифференциация заболевания. Было установлено, что наиболее значимыми показателями, оказывающими влияние на эпидемиологический процесс, являются среднемесячная температура июля и сентября предыдущего года. Была построена математическая модель, которую можно использовать для прогнозирования эпидемиологической обстановки по ИКБ. *Заключение.* Математическая модель показывает, что повышенных значений заболеваемости можно ожидать, если июль предыдущего года был довольно жарким, а сентябрь, наоборот, отличался пониженными значениями температуры воздуха.

Журн. микробиол., 2016, № 1, С. 58—62