

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра микробиологии

КРАСУЦКИЙ

Владимир Игоревич

***NEISSERIA MENINGITIDIS* КАК ВОЗБУДИТЕЛЬ МЕНИНГИТА**

Аннотация

к дипломной работе

Научный руководитель:
доктор медицинских наук,
профессор Титов Л.П.

Минск, 2015

АННОТАЦИЯ

В результате проведенного исследования все поступившие культуры менингококков (n=56) были определены как *Neisseria meningitidis* с помощью ряда классических микробиологических и молекулярных методов исследования. Также была определена их серогрупповая принадлежность (47 культур (84 %) – серогруппа B, 4 (7 %) – серогруппа C, 3 (5 %) – серогруппа A, 1 (2 %) – серогруппа Y, 1 (2 %) – серогруппа W135). Пополнена коллекция культур и ДНК бактерий *Neisseria meningitidis*. Проведено секвенирование 2 штаммов *Neisseria meningitidis* по схеме МЛСТ, в результате которого были определены сиквенс-типы каждого из них (СТ 3346 и СТ 5020). Установлен уровень связи с анцестральными сиквенс-типами каждого из штаммов, что дает представление об их адаптационном потенциале. Были проанализированы пробы СМЖ. Из них положительными оказались 5. По 19 пробам получен сомнительный результат. 166 проб дали отрицательный результат.

Была отработана методика Real – time ПЦР с использованием метода TaqMan PCR.

MINISTRY OF EDUCATION OF THE REPUBLIC OF BELARUS
BELARUSIAN STATE UNIVERSITY
THE FACULTY OF BIOLOGY
Department of Microbiology

ULADZIMIR KRASUTSKI
***NEISSERIA MENINGITIDIS* AS THE CAUSATIVE AGENT OF**
MENINGITIS

Annotation
to the thesis

Scientific supervisor:
Doctor of medical sciences,
Professor L.P. Titov

Minsk, 2015

ABSTRACT

As a result of the study all received meningococcal cultures (n = 56) were identified as *Neisseria meningitidis* using a number of classical microbiological and molecular methods. Also their belonging to serogroup was determined (47 plants (84%) - serogroup B, 4 (7%) - serogroup C, 3 (5%) - serogroup A, 1 (2%) - serogroup Y, 1 (2%) - serogroup W135). The collection of cultures and DNA of bacteria *Neisseria meningitidis* was refilled. Two strains of *Neisseria meningitidis* were sequenced MLST scheme, which resulted in the identified sequence-types of each of them (ST 3346 and ST 5020). The level of connection with the ancestral sequence-types of each of the strains was established, which gives an idea of their adaptive capacity. CSF samples were analyzed. 5 of them were positive. The doubtful result was obtained for 19 samples. 166 samples were negative.

The technique was Real - time PCR using the method TaqMan PCR.