

© Савельева И.В., Ковалев Д.А., Савельев В.Н., Васильева О.В., Кузнецова И.В., Соломашенко Н.И., Кириллова О.Г., Куличенко А.Н., 2018

УДК 579.61:579.843.1:575 (479+479.2)

MLVA-ТИПИРОВАНИЕ ШТАММОВ *VIBRIO CHOLERA* O1 И *VIBRIO CHOLERA* NON O1/O139, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ ОБЪЕКТОВ ОКРУЖАЮЩЕЙ СРЕДЫ И ОТ ЧЕЛОВЕКА НА РАЗЛИЧНЫХ ТЕРРИТОРИЯХ КАВКАЗА И ЗАКАВКАЗЬЯ

И.В. Савельева¹, Д.А. Ковалев¹, В.Н. Савельев¹, О.В. Васильева¹, И.В. Кузнецова¹,
Н.И. Соломашенко², О.Г. Кириллова², А.Н. Куличенко¹

¹ФКУЗ «Ставропольский противочумный институт» Роспотребнадзора,
ул. Советская, 13–15, г. Ставрополь, 355035, Россия

²ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии Роспотребнадзора в Ставропольском крае»,
пер. Фадеева, 4, г. Ставрополь, 355008, Россия

Определены MLVA-типы штаммов *Vibrio cholerae* O1 и *Vibrio cholerae* non O1/O139, выделенных при мониторинге объектов окружающей среды и больных ОКИ на различных территориях Северного Кавказа и Закавказья. Анализ дендрограммы на основе MLVA-типирования 25 нетоксигенных штаммов *Vibrio cholerae* O1 и *Vibrio cholerae* non O1/O139, выделенных из объектов окружающей среды, по 4 локусам и 3 штаммов токсигенных холерных вибрионов, выделенных от человека, по 5 локусам выявил различную степень филогенетического родства изучаемых штаммов, обособленных на различных территориях в разные годы, что необходимо учитывать при мониторинге за возбудителем холеры в объектах окружающей человека среды на конкретных территориях.

Ключевые слова: штаммы холерных вибрионов, MLVA-типирование, филогенетическое древо.

I.V. Savel'eva, D.A. Kovalev, V.N. Savel'ev, O.V. Vasilieva, I.V. Kuznetsova, N.I. Solomashchenko, O.G. Kirillova, A.N. Kulichenko □ MLVA-TYPING OF *VIBRIO CHOLERA* O1 AND *VIBRIO CHOLERA* NON O1/O139 STRAINS ISOLATED FROM ENVIRONMENTAL SAMPLES AND HUMANS WITHIN VARIOUS TERRITORY OF THE CAUCASUS AND TRANSCAUCASIA REGION □ Stavropol Anti plague Institute of Rospotrebnadzor, 13–15, Sovetskaya str., Stavropol, 355035, Russia; Center of Hygiene and Epidemiology of Rospotrebnadzor in the Stavropol Territory, 4, Fadeyev Lane, 355008, Stavropol, Russia.

During the research we identified the MLVA-types of *Vibrio cholerae* O1 and *Vibrio cholerae* non O1/O139 strains that were isolated during environmental monitoring and patients with acute intestinal infections (AII) at various territories of the Caucasus and Transcaucasian region. Analysis of the dendrograms based on the MLVA-typing of 25 non-toxigenic *Vibrio cholerae* O1 and *Vibrio cholerae* non O1/O139 strains on 4 loci isolated from environmental samples and 3 toxigenic of *V. cholerae* isolated from humans on 5 loci has revealed various degree of phylogenetic relations strains isolated within various territories in different taking into account during the cholera agents monitoring in environmental samples at a certain territory.

Key words: cholera vibrio strains, MLVA-typing, phylogenetic tree.

Геномная идентификация и типирование бактерий используются для решения задач в области таксономии, эпидемиологии, установления филогенетического родства, исследования механизмов эволюции. В настоящее время разработаны многочисленные методы типирования микроорганизмов, в том числе и *Vibrio cholerae*, отличающиеся по чувствительности, скорости проведения, сложности, воспроизводимости, трудоемкости и стоимости. Для типирования *V. cholerae* широко используется метод MLVA (*multilocus variable tandem repeat analysis*), предусматривающий сравнительный анализ количества вариабельных тандемных повторов в определенных локусах, расположенных на I и II хромосомах холерного вибриона [1, 4, 5].

Цель исследования – определить MLVA-типы *Vibrio cholerae* O1 и *Vibrio cholerae* non O1/O139, выделенных при мониторинге объектов окружающей среды и больных ОКИ на различных территориях Северного Кавказа и Закавказья; установить филогенетические связи

между штаммами холерных вибрионов, изолированными в разные годы на данных территориях.

Материалы и методы. В работе использованы 25 нетоксигенных штаммов *V. cholerae* O1 и *V. cholerae* non O1/O139, выделенных из объектов окружающей среды в Азербайджане, Ставропольском и Краснодарском краях, и 3 штамма токсигенных холерных вибрионов, выделенных от человека в Республике Дагестан и Украине (г. Мариуполь). Штаммы хранились в 0,4%-м полужидком агаре под стерильным вазелиновым маслом.

Выделение бактериальной ДНК осуществляли в соответствии с инструкцией к комплекту реагентов для выделения ДНК из клинического материала «ДНК-сорб-В» (ООО «ИнтерЛабСервис», Россия). Полученную тотальную ДНК использовали для амплификации фрагментов генома изучаемых штаммов холерных вибрионов.

MLVA-типирование. В качестве вариабельных участков генома *V. cholerae* использованы

5 локусов: VC0147, VC0436-7, VC01650 (I хромосома); VCA0171, VCA0283 (II хромосома) [2–4]. В ПЦР-амплификации использовали праймеры к указанным локусам в соответствии с описанием в статье Choi S.Y. et al. [3] (табл. 1). Получали по 5 ампликонов для каждого из 28 штаммов *V. cholerae*. Амплификацию ДНК проводили в термоциклере «Терцик» («ДНК-Технология», Россия). Полученные ампликоны изучали в системе автоматического капиллярного электрофореза «Experion» («Bio Rad Laboratories», США). Вариабельность VNTR-локусов оценивали по индексу разнообразия Хантера-Гастона (*Hunter-Gaston discrimination, HGDI*) [6]. Для построения филогенетического древа применяли метод *UPGMA* в программе *Start v 2.0*.

Результаты исследования. Результаты изучения вариабельных участков генома нетоксигенных штаммов *V. cholerae* O1 (10 штаммов), *V. cholerae non O1/O139* (15 штаммов) и 3 токсигенных штаммов *V. cholerae* O1 по 5 локусам: VC0147, VC0436-7, VC01650 (I хромосома); VCA0171, VCA0283 (II хромосома) представлены в табл. 2, из данных которой следует, что 28 изученных штаммов холерных вибрионов представлены 24 MLVA-типами. При этом штаммы *V. cholerae non O1/O139*, выделенные в Азербайджане от больных ОКИ (кроме штамма 2680) и в Ставропольском крае из воды поверхностных водоемов, отнесены к первым 14 MLVA-типам, каждый из которых представлен четырьмя локусами с уникальным числом повторов.

Таблица 1. VNTR-локусы и последовательности праймеров, использованные в работе
Table 1. VNTR loci and the sequences of primers used in work

№ п/п	Локус	Нуклеотидная последовательность мотивов	Праймеры (5' – 3')
1	VC0147 (белок FtsY)	AACAGA	F: CCAAACCACTGCAACGGATA R: GCTGCTCGACCTGAGAGAGA
2	VC0436-7 (межгенная область)	GACCCTA	F: CGTGGTACTAAGTTCC ACGC R: CGTTTTTACCACGCTCCGCTTC
3	VC01650 (коллагеназа)	GATAATCCA	F: CTACCAAGCGGCGGTTAAGCTG R: TGGGCAACCTGCTGGTAGC
4	VCA0171 (гипотетический белок)	TGCTGT	F: GCATCATCCACAGCGTTTGG R: GCTGAAGCCTTTCGCGATCC
5	VCA0283 (гипотетический белок)	ACCAGA	F: CTTTCATCGGCAAACAAGACA R: TTGCGCACAATTCTCTTTGA

Таблица 2. MLVA-профили штаммов *V. cholerae* O1, *V. cholerae non O1/O139*
Table 2. MLVA-profiles of strains *V. cholerae* O1, *V. cholerae non O1/O139*

№ п/п	Штамм	Место, источник, год выделения	Аллельные профили VC0147, VC0436-7, VC01650, VCA0171, VCA0283	MLVA-тип
1	1775	Республика Азербайджан, человек, 1986 г.	11, 5, 2, 14, 0	1
2	2286	Республика Азербайджан, человек, 1987 г.	11, 8, 3, 14, 0	2
3	2680	Республика Азербайджан, человек, 1988 г.	10, 5, 7, 19, 0	3
4	2944	Республика Азербайджан, человек, 1989 г.	10, 5, 6, 15, 0	4
5	2960	Республика Азербайджан, человек, 1989 г.	11, 5, 2, 16, 0	5
6	3099	Республика Азербайджан, человек, 1989 г.	13, 5, 7, 14, 0	6
7	5278	Республика Азербайджан, человек, 1990 г.	11, 8, 2, 26, 0	7
8	5321	Республика Азербайджан, человек, 1990 г.	14, 12, 5, 13, 0	8
9	63Н	г. Невинномысск, вода поверхн. водоемов, 2017 г.	15, 6, 6, 21, 0	9
10	78Н	г. Невинномысск, вода поверхн. водоемов, 2017 г.	9, 8, 5, 13, 0	10
11	94Н	г. Невинномысск, вода поверхн. водоемов, 2017 г.	13, 5, 12, 20, 0	11
12	95Н	г. Невинномысск, вода поверхн. водоемов, 2017 г.	13, 6, 8, 16, 0	12
13	99И	г. Изобильный, вода поверхн. водоемов, 2017 г.	4, 4, 5, 14, 0	13
14	116П	Петровский район Ставропольского края, вода, 2017 г.	11, 5, 10, 18, 0	14
15	292Ст	г. Ставрополь, вода поверхн. водоемов, 2017 г.	17, 5, 7, 18, 0	15
16	548СА	г. Сочи, р. Агура, 2015 г.	10, 5, 2, 19, 0	16
17	647СА	г. Сочи, р. Агура, 2015 г.	10, 5, 2, 19, 0	16
18	664СА	г. Сочи, р. Агура, 2015 г.	10, 5, 2, 19, 0	16
19	755СА	г. Сочи, р. Агура, 2015 г.	9, 5, 3, 19, 0	17
20	831СА	г. Сочи, р. Агура, 2015 г.	10, 6, 5, 21, 0	18
21	911СА	г. Сочи, р. Агура, 2015 г.	10, 12, 5, 25, 0	19
22	945СА	г. Сочи, р. Агура, 2015 г.	9, 4, 4, 19, 0	20
23	589СА	г. Сочи, р. Агура, 2015 г.	9, 4, 4, 19, 0	20
24	1013СА	г. Сочи, р. Агура, 2015 г.	10, 5, 7, 19, 0	3
25	С615	г. Железноводск, озеро, 2016 г.	17, 5, 7, 19, 25	21
26	13Д	Республика Дагестан, человек, 1993 г.	8, 7, 8, 12, 22	22
27	39К	г. Мариуполь, Украина, сточные воды, 2011 г.	9, 3, 6, 13, 19	23
28	1726Д	Республика Дагестан, человек, 1994 г.	8, 8, 8, 14, 20	24

Три непатогенных штамма *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор, выделенные из воды реки Агура (г. Сочи), отнесены к MLVA-типам 16 (1 штамм) и 20 (2 штамма). Еще три штамма *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор, выделенные из данной реки, имели соответственно MLVA-типы 17, 18 и 19. Следует отметить, что штамм *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор № 1013 из реки Агура (выделен в 2015 г.) и штамм *V. cholerae non O1/O139* № 2680, выделенный от человека в Азербайджане (1988 г.), имели один и тот же 3-й MLVA-тип. Кроме того, вариабельные участки генома нетоксигенных штаммов *V. cholerae* O1, *V. cholerae non O1/O139* включали 4 локуса (VC0147, VC0436-7, VC01650 (I хромосома); VCA0171 (II хромосома). Пятый VNTR-локус (VCA0283 на II хромосоме) отсутствовал. Вариабельные участки генома токсигенных штаммов *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор

(штаммы № 13Д, 39К, 1726Д) и штамма *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор № C615/141, содержащего ген *tcpA*, включают все 5 локусов (VC0147, VC0436-7, VC01650 (I хромосома); VCA0171, VCA0283 (II хромосома)).

Для локусов I хромосомы HGDI составил 0,88–0,89, а для локусов II хромосомы – 0,27–0,87, что означает более высокий уровень стабильности первых трех хромосомных локусов по сравнению с двумя другими, локализованными на II хромосоме.

Анализ построенного филогенетического древа на основе MLVA-типирования по 5 вышеуказанным локусам (рис. 1) выявил 5 групп (I, II, III, IV, V), каждая из которых содержала близкородственные штаммы *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор и/или *V. cholerae non O1/O139*, имеющие идентичный или близкий генотип.

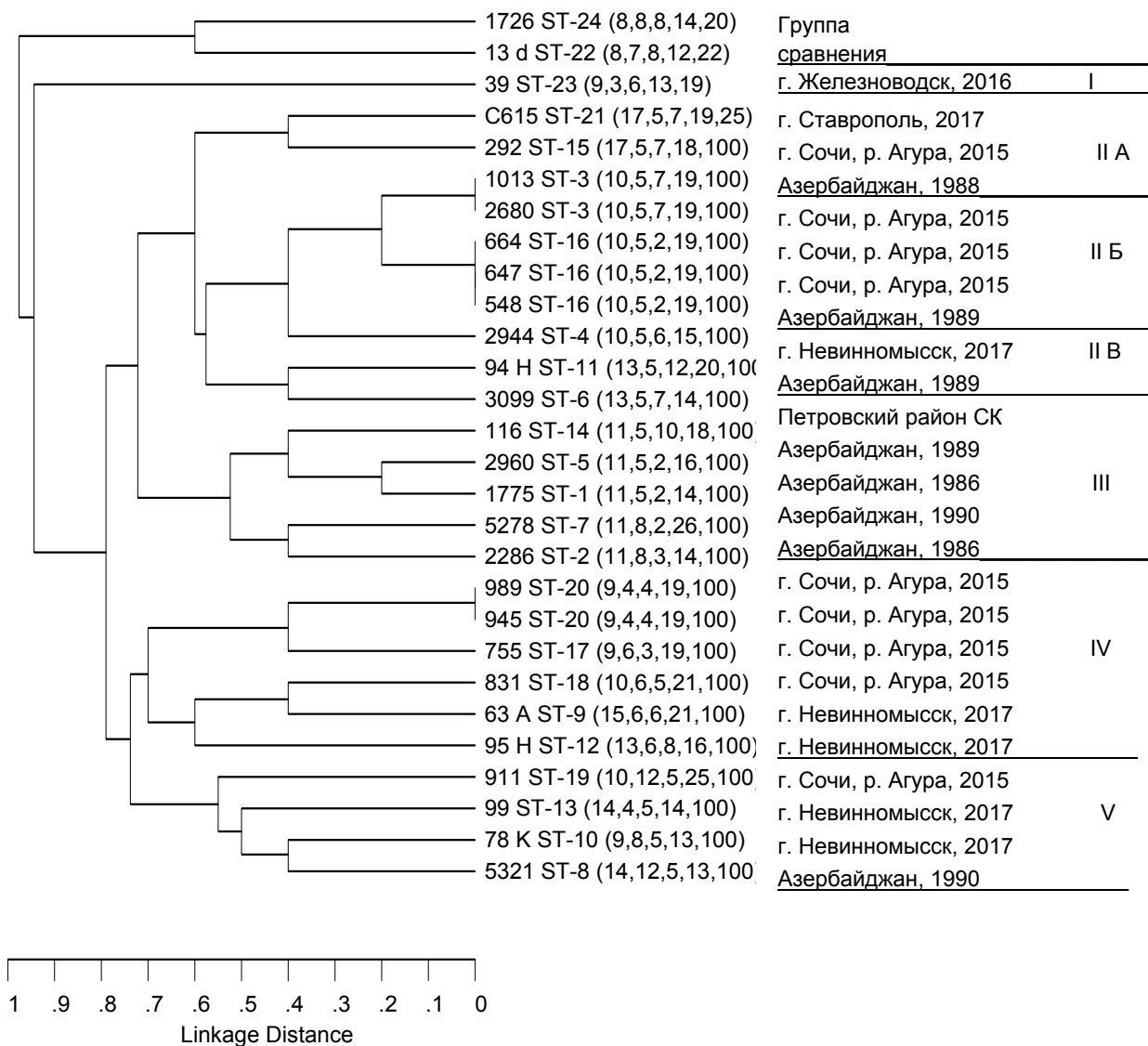


Рис. 1. Филогенетическое древо на основе MLVA-типирования штаммов *V. cholerae* O1 и *Vibrio cholerae non O1/O139*, выделенных на Кавказе

Fig. 1. A phylogenetic tree on the basis of MLVA typing of strains of *V. cholerae* O1 and *Vibrio cholerae non O1/O139* identified in the Caucasus

При этом токсигенные штаммы холерного вибриона биовара Эль Тор (1726Д, MLVA-тип 24 – 8, 8, 8, 14, 20; 39К, MLVA-тип 23 – 9, 3, 6, 13, 19; 13Д, MLVA-тип 22 – 8, 7, 8, 12, 22) составили группу сравнения по отношению к нетоксигенным штаммам *V. cholerae* O1 и *V. cholerae non O1/O139*.

Группа I содержала всего один кластер с двумя штаммами (*V. cholerae* O1 биовара Эль Тор С615/141, г. Железноводск и *V. cholerae non O1/O139* № 292, г. Ставрополь), аллельные профили которых были идентичными (выделены полужирным шрифтом) по локусам первой хромосомы (17, 5, 7, 19, 25 и 17, 5, 7, 18, 0 соответственно).

Группа II представлена тремя кластерами: А (штаммы 1013СА, 1986 г. и 2680АЗ, 1989 г., принадлежащие 3-му MLVA-типу); Б (664СА, 647СА, 548СА с MLVA-типом 16 и 2944АЗ с MLVA-типом 4, аллельный профиль которых лишь частично совпадает (10, 5, 6, 15, 0) с профилем других штаммов кластера Б, что может говорить о дальнем родстве); В (94Н, MLVA-тип 11 и 3099АЗ, MLVA-тип 6, аллельный профиль которых частично совпадает (13, 5, 12, 20, 0 и 13, 5, 7, 14, 0), что свидетельствует о родстве данных штаммов).

Группа III включает четыре штамма, выделенные от человека в Азербайджане в 1986, 1987, 1989 и 1990 гг., и один штамм тех же микроорганизмов, выделенный в Петровском районе Ставропольского края. Аллельный профиль их частично совпадает, в основном, по локусам первой хромосомы (1775АЗ MLVA-тип 1 – 11, 5, 2, 14, 0; 2286АЗ MLVA-тип 2 – 11, 8, 3, 14, 0; 5278АЗ MLVA-тип 7 – 11, 8, 2, 26, 0; 2960АЗ, MLVA-тип 3 – 11, 5, 2, 16, 0; 116ПС MLVA-тип 14 – 11, 5, 10, 18, 0).

Группа IV состоит из четырех штаммов *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор, выделенных из реки Агура (г. Сочи) в 2015 г. Два штамма (945СА и 989СА) принадлежат к одному и тому же MLVA-типу – 20 с аллельным профилем 9, 4, 4, 19, 0. Два других штамма *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор (755СА MLVA-тип 17 – 9, 6, 3, 19, 0 и 831СА MLVA-тип 18 – 10, 6, 5, 21, 0), выделенных из реки Агура, имеют отдаленное сходство, судя по VNTR-генотипам этих штаммов. Штаммы *V. cholerae non O1/O139* 63Н MLVA-тип 9 – 15, 6, 6, 21, 0 и 95Н MLVA-тип 12 – 13, 6, 8, 16, 0, выделенные в Невинномыске в 2017 г., по аллельным профилям отдаленно сходны между собой и штаммами *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор из р. Агура (г. Сочи).

Группа V образована одним нетоксигенным штаммом *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор 911СА, MLVA-тип 19 (10, 12, 5, 25, 0) из р. Агура в 2015 г., двумя штаммами *V. cholerae non O1/O139* (99Н, MLVA-тип 13 (14, 4, 5, 14, 0) и 78Н, MLVA-тип 10 (9, 8, 5, 13, 0) из проб воды поверхностных водоемов в г. Невинномыске Ставропольского края в 2017 г. и одного клинического штамма *V. cholerae non*

O1/O139 5321АЗ, MLVA-тип 8 (14, 12, 5, 13, 0), выделенного в Азербайджане в 1990 г. Аллельные профили штаммов V группы идентичны лишь по одному локусу на первой и второй хромосомах, что свидетельствует об отдаленном родстве данных штаммов.

Заключение. Результаты изучения вариабельных участков генома нетоксигенных штаммов *V. cholerae* O1 (10 штаммов), *V. cholerae non O1/O139* (15 штаммов) и 3 токсигенных штаммов *V. cholerae* O1 по 5 локусам: VC0147, VC0436-7, VC01650 (I хромосома); VCA0171, VCA0283 (II хромосома) показали, что 28 изученных штаммов холерных вибрионов представлены 24 MLVA-типами. При этом штаммы *V. cholerae non O1/O139*, выделенные в Азербайджане от больных ОКИ и в Ставропольском крае из воды поверхностных водоемов, отнесены к первым 15 MLVA-типам, каждый из которых представлен четырьмя локусами с уникальным числом повторов. Три непатогенных штамма *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор, выделенные из воды реки Агура (г. Сочи), отнесены к MLVA-типам 16 и 20. Еще три штамма *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор, выделенные из данной реки, имели соответственно MLVA-типы 17, 18 и 19. Следует отметить, что штамм *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор 1013 из р. Агура (2015 г.) и штамм *V. cholerae non O1/O139* 2680, выделенный от человека в Азербайджане (1988 г.), имели один и тот же 3-й MLVA-тип. Кроме того, вариабельные участки генома нетоксигенных штаммов *V. cholerae* O1, *V. cholerae non O1/O139* включали 4 локуса (VC0147, VC0436-7, VC01650 (I хромосома); VCA0171 (II хромосома). Пятый локус (VCA0283 на II хромосоме) отсутствовал. В целях MLVA-типирования токсигенных штаммов *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор (штаммы 13Д, 39К, 1726Д) и нетоксигенного штамма *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор С615/141, содержащего ген *tcpA*, использовали 5 локусов (VC0147, VC0436-7, VC01650 (I хромосома); VCA0171, VCA0283 (II хромосома)).

Анализ дендрограммы на основе MLVA-типирования 25 нетоксигенных штаммов *V. cholerae* O1 и *V. cholerae non O1/O139*, выделенных из объектов окружающей среды, по 4 локусам и 3 штаммов токсигенных холерных вибрионов, выделенных от человека, по 5 локусам выявил различную степень филогенетического родства изучаемых штаммов, выделенных на различных территориях в разные годы, что необходимо учитывать при мониторинге за возбудителем холеры в объектах окружающей человека среды на конкретных территориях.

ЛИТЕРАТУРА (п. 3–6 см. References)

1. Водопьянов А.С., Водопьянов С.О., Мишанькин М.Б., Сучков И.Ю. Вариабельные тандемные повторы, выявленные при компьютерном анализе генома *Vibrio cholerae* // Биотехнология, 2001. 6. С. 85–88.

2. Смирнова Н.И., Кульшань Т.А., Краснов Я.М. MLVA-типирование клинических штаммов *Vibrio cholerae*, изолированных в разные периоды текущей пандемии холеры // Молекулярная генетика, микробиология и вирусология. 2015. Т. 33. № 1. С. 15–22.

REFERENCES

1. Vodopyanov A.S., Vodopyanov S.O., Mishankin M.B., Suchkov I.Yu. Variabelnye tandemnye povtory, vyyavlenyye pri kompyuternom analize genoma *Vibrio cholera* [The variable tandem repetitions revealed in the computer analysis of a genome of *Vibrio cholera*] *Biotehnologiya*, 2001, no. 6, pp. 85–88. (In Russ.)
2. Smirnova N.I., Kulshan T.A., Krasnov Ya.M. MLVA-tipirovanie klinicheskikh shtammov *Vibrio cholerae*, izolirovannykh v raznye periody tekushej pandemii holery [MLVA typing of clinical strains of *Vibrio cholerae* isolated during the different periods of the current pandemic of cholera]. *Molekulyarnaya genetika, mikrobiologiya i virusologiya*. 2015. vol. 33, no. 1, pp. 15–22. (In Russ.)
3. Choi S.U., Lee J.H., Jeon Y.S., Lee H.R., Kim E.J., Anssaruzzaman M., Bhuiyan N., Endtz H., Niyogi S., Sarkar B., Nair G., Nguyen B., Hien N., Czerkinsky C., Cltmens J., Chun J., and Kim D.W. Multilocus variable-number tandem repeat analysis of *Vibrio cholerae* O1 El Tor strains harbouring classical toxin B // *J. Med. Microbiol.* 2010, vol. 59, no. 3, pp. 763–769.
4. Danin-Poleg Y., Cohen L.A., Gancz H., Broza Y. *Vibrio cholerae* Strain Typing and Phylogene Stady Based on Simple Sequence Repeats // *J. Clin. Microbiol.* 2007, vol. 45, no. 3, pp. 736–746.
5. Heidelberg J.F., Eisen J.A., Nelson W.C. et al. DNA sequence of both chromosomes of the cholera pathogen *Vibrio cholera* // *Nature*. 2000, vol. 406, pp. 477–483.
6. Hunter P.R., Huston M.A. Numerical index of the Discriminatory Ability of Typing Systems: an Application of Simpson's index of Diversity // *J. of Clinical Microbiology*. Nov. 1988, vol. 26, no. 11, pp. 2465–2466.

Контактная информация:

Савельева Ирина Вилориевна, кандидат медицинских наук, врач-бактериолог ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора
e-mail: savelev39@inbox.ru

Contact information:

Savelyeva Irina, Candidate of medical sciences, bacteriologist of FKUZ Stavropol protivochumny institute of Rospotrebnadzor
e-mail: savelev39@inbox.ru

НА ПРАВАХ РЕКЛАМЫ

**ФБУЗ ФЦГиЭ РОСПОТРЕБНАДЗОРА – АККРЕДИТОВАННЫЙ
ПРОВАЙДЕР МЕЖЛАБОРАТОРНЫХ СЛИЧИТЕЛЬНЫХ ИСПЫТАНИЙ**

Провайдер межлабораторных сличительных испытаний ФБУЗ ФЦГиЭ Роспотребнадзора приглашает лаборатории к участию в программах проверки квалификации посредством межлабораторных сличительных испытаний.



Межлабораторные сличения широко применяются на международном уровне.

Участие лабораторий в межлабораторных сличительных (сравнительных) испытаниях (МСИ) – требование национального органа по аккредитации (Росаккредитация).

Принимая участие в раундах МСИ с провайдером в ФБУЗ ФЦГиЭ Роспотребнадзора, лаборатории решают следующие задачи:

- оценивание характеристик функционирования лаборатории по проведению определенных испытаний или выполнению измерений и постоянный мониторинг за ними;
- выявление проблем в лаборатории, связанных, например, с применением неправильных процедур измерений или испытаний, недостаточной эффективностью обучения и управления персоналом или некорректной калибровкой оборудования, и их устранение;
- установление эффективности и сравнимости методов исследований, испытаний или измерений;
- обеспечение дополнительного доверия у заказчиков лаборатории;
- выявление различий между лабораториями;
- оценивание характеристик метода (часто описываемое как совместные испытания).

В программы проверки квалификации лабораторий провайдер МСИ ФБУЗ ФЦГиЭ Роспотребнадзора включает раунды по всем основным направлениям деятельности испытательных лабораторий (центров). В программы включены физико-химические, токсикологические, бактериологические, паразитологические, молекулярно-генетические исследования (испытания), а также радиологические измерения и измерения физических факторов, в т. ч. на натуральных матрицах.

В качестве объектов исследования используются смывы с объектов окружающей среды и образцы для контроля: вода, пищевые продукты, изделия медицинского назначения, клинический материал, парфюмерно-косметическая продукция и другие.

Таким образом, широкий спектр услуг, который предлагает провайдер МСИ ФБУЗ ФЦГиЭ Роспотребнадзора, позволяет испытательной лаборатории (центру) участвовать в МСИ по значительному количеству методов и испытаний, указанных в области аккредитации.

Все сведения об участии испытательной лаборатории (центра) строго конфиденциальны.

По результатам участия в МСИ лаборатория (центр) получает отчет – документ, в котором наглядно представлено сличение результатов, полученных всеми участниками раунда. Каждая лаборатория-участник получает также документ (установленного образца) с индивидуальными итогами участия в раунде МСИ.

~ Подробно ознакомиться с деятельностью провайдера МСИ и подать заявку на участие в МСИ на 2019 г. можно на сайте ФБУЗ ФЦГиЭ Роспотребнадзора www.fcgie.ru.