

8. Ковалев Владимир Анатольевич, Филатов Николай Николаевич, Алешина Елена Николаевна, Симонова Елена Геннадиевна Заболеваемость листериозом в Российской Федерации // Наука молодых – Eruditio Juvenium. vol. 7, no. 4, 2019, pp. 509–517. Kovaliev Vladimir Anatolyevich, Filatov Nikolay Nikolaevich, Alezhina Elena Nikolaevna, Simonova Elena Gennadiyevna Incidence of listeriosis in the Russian Federation // Science of the Young – Eruditio Juvenium. vol. 7, no. 4, 2019, pp. 509–517.
9. Costa J. C. P. et al. Listeria monocytogenes in aquatic food products: Spotlight on epidemiological information, bio-based mitigation strategies and predictive approaches // Microbial Pathogenesis. 2024. C. 106981.
10. Tola E. H. Prevalence, antimicrobial resistance, and characterization of Listeria spp. isolated from various sources in Ethiopia: a comprehensive review // Veterinary Medicine: Research and Reports. 2024. C. 109–116.
11. Končurat A., Sukalić T. Listeriosis: Characteristics, Occurrence in Domestic Animals, Public Health Significance, Surveillance and Control // Microorganisms. 2024. T. 12. №. 10. C. 2055.
12. Li H. et al. Emerging threats: Listeria monocytogenes with acquired multidrug resistance from food in China, 2012–2022 // International Journal of Food Microbiology. – 2025. – C. 111236.
13. Zahid R, Arbab Z, Tahir Z, Tehseen U, Ali S, Bukhsh SK, Javaid A and Khan A, 2023. Global prevalence of listeriosis. In: Altaf S, Khan A and Abbas RZ (eds), Zoonosis, Unique Scientific Publishers, Faisalabad, Pakistan, Vol 4: 319–328. <https://doi.org/10.47278/book.zoon/2023.158>
14. Dhama K. et al. Listeriosis in animals, its public health significance (food-borne zoonosis) and advances in diagnosis and control: a comprehensive review // Veterinary Quarterly. 2015. T. 35. №. 4. C. 211–235.
15. Schuchat A., Swaminathan B., Broome C. V. Epidemiology of human listeriosis // Clinical microbiology reviews. 1991. T. 4. №. 2. C. 169–183.

Статья поступила / Received 09.06.2025

Получена после рецензирования / Revised 20.06.2025

Принята в печать / Accepted 22.07.2025

Сведения об авторах

Хорева Виктория Витальевна, ординатор кафедры инфекционных болезней¹. E-mail: vika2092000@mail.ru. ORCID: 0009-0008-7642-9264

Пшеничная Наталья Юрьевна, д.м.н., профессор, зав. кафедрой инфекционных болезней¹, заместитель директора по клинико-аналитической работе², профессор кафедры инфекционных болезней³. ORCID: 0000-0003-2570-711X

Гопаца Галина Витальевна, к.м.н., доцент кафедры инфекционных болезней¹, старший научный сотрудник клинического отдела инфекционной патологии², зав. 7-м инфекционным отделением⁴. ORCID: 0000-0001-8703-7671

Ляпейкова Екатерина Александровна, зав. 10-м инфекционным отделением⁴. E-mail: Poleama@yandex.ru. ORCID: 0000-0002-5071-6328

Коннова Юлия Александровна, к.м.н., зав. 14-м инфекционным отделением⁵. E-mail: ikb2@zdrav.mos.ru. ORCID: 0000-0003-3091-2433

About authors

Khoreva Victoria V., resident at Dept of Infectious Diseases¹. E-mail: vika2092000@mail.ru. ORCID: 0009-0008-7642-9264

Pshenichnaya Natalya Yu., DM Sci (habil.), professor, head of Dept of Infectious Diseases¹, deputy director for Clinical and Analytical Work², professor at Dept of Infectious Diseases³. ORCID: 0000-0003-2570-711X

Gopatsa Galina V., PhD Med, associate professor at Dept of Infectious Diseases¹, senior researcher at Clinical Dept of Infectious Pathology², head of the 7th Infectious Diseases Dept⁴. ORCID: 0000-0001-8703-7671

Lyapeykova Ekaterina A., head of the 10th Infectious Diseases Dept⁴. E-mail: Poleama@yandex.ru. ORCID: 0000-0002-5071-6328

Konnova Yulia A., PhD Med, head of the 14th Infectious Diseases Dept⁵. E-mail: ikb2@zdrav.mos.ru. ORCID: 0000-0003-3091-2433

¹ Central Research Institute of Epidemiology of, Moscow, Russia

² Russian Medical Academy of Continuing Professional Education, Moscow, Russia

³ M.F. Vladimirovsky Moscow Regional Research Clinical Institute, Moscow, Russia

⁴ Infectious Diseases Clinical Hospital No. 1, Moscow, Russia

⁵ Infectious Diseases Clinical Hospital No. 2, Moscow, Russia

Автор для переписки: Хорева Виктория Витальевна. E-mail: vika2092000@mail.ru

Correspondence author: Khoreva Victoria V. E-mail: vika2092000@mail.ru

Для цитирования: Хорева В.В., Пшеничная Н.Ю., Гопаца Г.В., Ляпейкова Е.А., Коннова Ю.А. Клинико-эпидемиологическая характеристика листериоза в г. Москве. Медицинский алфавит. 2025; (16): 34–39. <https://doi.org/10.33667/2078-5631-2025-16-34-39>

For citation: Khoreva V. V., Pshenichnaya N. Yu., Gopatsa G. V., Lyapeykova E. A., Konnova Yu. A. Clinical and epidemiological features of listeriosis in Moscow. Medical alphabet. 2025; (16): 34–39. <https://doi.org/10.33667/2078-5631-2025-16-34-39>

DOI: 10.33667/2078-5631-2025-16-39-42

Атипичные клинические проявления летального случая генерализованной формы менингококковой инфекции, обусловленной *Neisseria meningitidis* серогруппы W, входящей в клональный комплекс cc11

К. О. Миронов, Н. С. Чурилова, И. С. Королева

ФБУН «Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия

РЕЗЮМЕ

Доля генерализованных форм менингококковой инфекции (ГФМИ), вызванных *Neisseria meningitidis* серогруппы W (NmW), в последние годы имеет тенденцию к увеличению, при этом данные возбудители вносят наибольшую долю в летальность по сравнению с возбудителями других серогрупп, которая достигает 29 %. Особую эпидемиологическую настороженность вызывают случаи, обусловленные возбудителями с сиквенс-типом ST-11, выявление которых было ассоциировано с многократными причинами случаев эпидемиологического неблагополучия за рубежом.

Цель исследования – описание летального случая ГФМИ, обусловленного NmW с анализом антигенных и генетических свойств возбудителя.

Материал и методы. При описании клинической картины использована информация из донесения о регистрации летального исхода от ГФМИ, поступившего в Референс-центр по мониторингу за бактериями менингитами. Использованы общепринятые микробиологические и молекулярно-биологические методы исследования возбудителя с применением программных и информационных ресурсов базы данных PubMLST.

Результаты и обсуждение. Описана клиническая картина летального случая ГФМИ у пациентки, госпитализированной в крайне тяжелом состоянии с диагнозом «Острый гастроэнтероколит, гиповолемический шок II степени», у которой прижизненно в ликворе определена NmW. При типировании возбудителя определен не описанный ранее сиквенс-тип ST-18929, входящий в клональный комплекс «ST-11 complex» (cc11), и характерный для этого клонального комплекса антигенный профиль – W: P1.5.2: F1–1. Анализ полногеномной последовательности возбудителя продемонстрировал незначительные отличия от штаммов клонального комплекса cc11, циркулирующих на территории Москвы в 2013–2020 годах.

Заключение. Описанный случай является ярким примером атипичной картины ГФМИ, вызванной штаммом Nm W. Наиболее генетически близкие возбудители ГФМИ той же серогруппы неоднократно выделялись на территории Москвы в предыдущие годы, что не позволяет с уверенностью говорить об импорте на территорию России возбудителей с повышенными вирулентными свойствами.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: высокопроизводительное секвенирование, клональный комплекс cc11, менингококковая инфекция, мультилокусное секвенирование-типирование, серогруппа W

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ. Авторы заявляют об отсутствии конфликтов интересов.

Финансирование. Исследование проведено без внешнего финансирования.

Atypical clinical manifestations of a fatal case of generalized meningococcal infection caused by *Neisseria meningitidis* serogroup W, part of the clonal complex cc11

K. O. Mironov, N. S. Churilova, I. S. Koroleva

Central Research Institute of Epidemiology, Moscow, Russia

SUMMARY

The proportion of invasive meningococcal disease (IMD) caused by *Neisseria meningitidis* serogroup W (NmW) has increase in recent years. NmW contribute the largest mortality ratio (up to 29%) compared to other serogroups. IMD caused by NmW with the sequence type ST-11 has been associated with multiple causes of epidemiological problems abroad, are of particular epidemiological concern.

The aim of the study was to describe a fatal case of IMD caused by NmW with an analysis of the antigenic and genetic pathogen's features.

Materials and methods. The description of clinical manifestations was taken from the GMI registration report form received by the Reference Center for Monitoring Bacterial Meningitis. The microbiological and molecular biological methods for the pathogen investigation were performed by generally accepted once using the plugins and information of the PubMLST database.

Results and discussion. The clinical manifestations of IMD fatal case with a diagnosis of «acute gastroenterocolitis, grade II hypovolemic shock» was described. The IMD was caused by NmW extracted from the cerebrospinal fluid. Pathogen typing detects the previously undescribed sequence type ST-18929 from the ST-11 complex (cc11), and the antigenic profile characteristic of this clonal complex, W: P1.5.2: F1–1. Whole genome analysis of the pathogen demonstrated minor differences from the cc11 clonal complex strains circulating in Moscow in 2013–2020.

Conclusion. The described case is a striking example of the atypical clinics of IMD caused by the NmW. The most genetically similar IMD pathogens of W serogroup have been repeatedly isolated in Moscow in previous years, which does not allow us to speak with confidence about the import of increased virulence pathogens into Russia.

KEYWORDS: invasive meningococcal disease, multilocus sequence typing, ST-11 complex (cc11), whole genome sequencing

CONFLICT OF INTEREST. All authors report no conflicts of interest relevant to this article.

Funding. No external funding was received.

Введение

Генерализованная форма менингококковой инфекции (ГФМИ) – опасное жизнеугрожающее инфекционное заболевание. На территории России ГФМИ наиболее часто вызывается *N. meningitidis* серогрупп А, В, С и W. Следует отметить, что эпидемиологические проявления ГФМИ, вызванные *N. meningitidis* разных серогрупп имеют свои характерные особенности, которые неоднократно были описаны в предыдущих исследованиях [1, 2].

Важным инструментом микробиологического мониторинга возбудителей, проводимого в рамках эпидемиологического надзора за ГФМИ, является применение основанных на ПЦР и секвенировании молекулярно-биологических методов внутривидовой характеристики возбудителей. Ранее с использованием мультилокусного секвенирования-типирования (МЛСТ) [3] были определены клональные комплексы возбудителей разных серогрупп и охарактеризованы особенности их циркуляции. Применение МЛСТ позволяет идентифицировать циркулирующие возбудители, определять их клональную структуру и особенности циркуляции, а также выявить импортированные на наблюдаемую территорию штаммы, обладающие повышенными вирулентными свойствами [4].

Случаи ГФМИ, обусловленные NmW, за 14-летний период наблюдения составляют не более 6%, при этом данные возбудители вносят наибольшую долю в летальность

по сравнению с возбудителями других серогрупп, которая достигает 29% [1, 2]. Особую эпидемиологическую настороженность вызывают случаи, обусловленные возбудителями с сиквенс-типом ST-11, которые начиная с 2000 года, были многократной причиной случаев эпидемиологического неблагополучия за рубежом, а также причиной возникновения нескольких пандемических волн [2, 5]. В связи с этим цель данного сообщения – описание летального случая генерализованной формы менингококковой инфекции, обусловленного NmW, с определением антигенных и генетических свойств возбудителя.

Материалы и методы

При описании клинической картины использована информация из донесения о регистрации летального исхода от ГФМИ, которое в соответствии с Постановлением главного государственного санитарного врача Российской Федерации № 11 от 04.02.2016 года «О предоставлении внеочередных донесений о чрезвычайных ситуациях санитарно-эпидемиологического характера», поступило в Референс-центр по мониторингу за бактериальными менингитами [6].

Выделение культуры и другие бактериологические исследования выполнены согласно МУК 4.2.4067–24 «Лабораторная диагностика менингококковой инфекции и гнойных бактериальных менингитов».

Исследования методом ПЦР проведены с использованием наборов реагентов «АмплиСенс® *N. meningitidis* / *H. influenzae* / *S. pneumoniae*-FL» (регистрационное удостоверение № ФСР 2011/12380) и «АмплиСенс® NmABCW-FL» (№ РЗН 2020/9659).

Фрагментное секвенирование проведено с использованием реагентов и оборудования фирмы «Applied Biosystems» (США). Проведение высокопроизводительного секвенирования и процедура сборки геномов выполнены с использованием методик и подходов, описанных в [7].

Для характеристики генетических взаимоотношений возбудителей использованы результаты секвенирования, депонированные в базу данных PubMLST, а также проведено полногеномное секвенирование трех московских штаммов, вызвавших ГФМИ в 2024 году. При обработке результатов секвенирования использован программный модуль Интернет-ресурса PubMLST Genome Comparator (схема «*N. meningitidis* cgMLST v3») для анализа данных по «основному геному» (core genome), включающему 1329 генетических локусов [8].

Результаты

Описание случая

Гражданка Т. (52 года) Демократической Социалистической Республики Шри-Ланка прибыла в Санкт-Петербург с целью трудовой деятельности в октябре 2022 года. Специальность – швея, последнее посещение работы 25.11.2024, проживала в хостеле. Заболела 26.11.2024; жалобы на боли в животе, жидкий стул, многократную рвоту. В тот же день бригадой скорой помощи госпитализирована в стационар с диагнозом «Острый гастроэнтероколит, гиповолемический шок II степени» в крайне тяжелом состоянии. Прижизненно 27.11.2024 в ликворе методом ПЦР определена NmW и в реакции латекс-агглютинации определен антиген Y/W135.

С момента поступления в стационар у пациентки отмечалось нарастание симптомов полиорганной недостаточности на фоне гемодинамической нестабильности, развитие септического шока. Через 30 минут после начала реанимационных мероприятий констатирована биологическая смерть 27.11.2024.

Эпидемиологический анамнез установить не удалось из-за тяжести состояния и языкового барьера. На 02.12.2024 силами городской поликлиники освидетельствовано 146 контактных лиц (124 в хостеле и 22 по месту работы), среди которых, на основании Санитарных правил и норм (СанПиН 3.3686–21) «Санитарно-эпидемиологические требования по профилактике инфекционных болезней», проведены противоэпидемические мероприятия (химпрофилактика и вакцинация) и установлено медицинское наблюдение с ежедневной термометрией, осмотром носоглотки и кожных покровов. О случаях ГФМИ среди контактных лиц информация на момент окончания исследования возбудителя (декабрь 2024 года) не поступала.

Исследование возбудителя

При исследовании бактериальной культуры (штамм «МНтх»), выделенной из сыворотки крови, а также при

исследовании секционного материала и ликвора методом ПЦР определен вид микроорганизма – *N. meningitidis* и серогруппа – W.

В соответствии с международными стандартами внутривидовой характеристики (типирования) изолятов *N. meningitidis* и руководствуясь положениями информационно-методического письма Роспотребнадзора № 2/12355–2022–27 от 10.06.2022 «О результатах мониторинга за заболеваемостью менингококковой инфекцией и бактериальными менингитами в Российской Федерации» (пункт 3.3), касающихся молекулярно-биологического мониторинга возбудителей гнойного бактериального менингита, проведено исследование антигенных и генетических свойств обнаруженного патогена.

С использованием основанной на фрагментном секвенировании «классической» 7-локусной схемы МЛСТ [3, 4] определен не встречавшийся ранее аллельный профиль «2, 3, 4, 3, 8, 1310, 6», которому присвоен сиквенс-тип ST-18929, входящий в клональный комплекс «ST-11 complex» (cc11), и характерный для этого клонального комплекса антигенный профиль – W: P1.5,2: F1–1. Аллельный профиль сиквенс-типа ST-18929 имеет отличие от сиквенс-типа ST-11 по одному локусу – *pdhC*-1310.

Штаммы, секвенированные в данном исследовании, депонированы в базы данных PubMLST и VGArus, им присвоены идентификационные номера id161810–161813 и crie079742–079745 соответственно.

Обсуждение

На момент подготовки публикации (май 2025 года) база данных PubMLST содержала информацию о 84 российских NmW (включая штаммы, типированные в данном исследовании), из них 76 были ассоциированы с ГФМИ. Подавляющее большинство российских NmW от больных ГФМИ входили в клональный комплекс cc11 (61 или 84%), из них (58 или 79%) имели сиквенс-тип ST-11.

Штаммы клонального комплекса cc11 неоднократно выделялись во многих странах, включая Россию, с 1980-х годов. В разные периоды времени штаммы клонального комплекса cc11 были ассоциированы со случаями повышения заболеваемости ГФМИ в зарубежных странах, начиная с 2000 года было описано несколько генетических линий (lineage, обозначаемых также как «подсемейства»), ассоциированных с пандемическим распространением возбудителей этого клонального комплекса [2, 5], которые также неоднократно выделялись на территории России в текущий межэпидемический период [1, 4].

Поскольку основанная на фрагментном секвенировании схема МЛСТ не обладает достаточной дискриминирующей способностью для идентификации генетических линий внутри клонального комплекса cc11, и не позволяет проводить характеристику штаммов для описания эпидемиологически связанных случаев ГФМИ, был проведен анализ полногеномных данных по «основному геному». При анализе использованы данные о 31 российском штамме NmW, полногеномные последовательности которых были получены ранее и трех штаммов, секвенированных в данном исследовании.

Анализ генетических взаимоотношений штамма «МНтх» демонстрирует минимальные отличия от штаммов клонального комплекса cc11, циркулирующих на территории Москвы в 2013–2020 годах, выделенных как от больных ГФМИ, так и от носителей (очаги ГФМИ среди мигрантов в Москве), которые составляют от 9 (0,68%) до 57 (4,2%) несовпадений по cgMLST. Отличия от московских штаммов, вызвавших ГФМИ в 2024 году, не ассоциированными с выездом на территории других стран: количество несовпадений в аллельном профиле, составляют 13, 35 и 38.

Заключение

Представленный случай является ярким примером атипичной картины заболевания. Атипичное клиническое течение ГФМИ не является редкостью. Подобные случаи были описаны в литературе неоднократно и их обзор с эпидемиологических позиций в отношении NmW приведен в работе [2]. В связи с этим, требуется повышение осведомленности медицинского персонала о симптомах ГФМИ, их дифференциальной диагностики, а также атипичном течении заболевания. Описанный летальный случай от ГФМИ вызван штаммом, сиквенс-тип которого ранее не был описан; полное обозначение штамма – W: P1.5,2: F1–1: ST-18929 (cc11). Несмотря на это наиболее генетически близкие возбудители ГФМИ той же серогруппы неоднократно выделялись на территории Москвы в предыдущие годы, также были определены незначительные генетические отличия от штаммов, выделенных в том же году, что не позволяет с уверенностью говорить об импорте на территорию России возбудителя с повышенными вирулентными свойствами.

Список литературы / References

1. Давыденко М. А., Чурилова Н. С., Королева И. С. Эпидемиологические проявления гнойного бактериального менингита в Российской Федерации // Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2024. Т. 23, № 5. С. 33–41. DOI: <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2024-23-5-33-41>
Davydenko M. A., Churilova N. S., Koroleva I. S. Epidemiological manifestations of purulent bacterial meningitis in the Russian Federation [Epidemiology and Vaccinal Prevention]. 2024; 23 (5): 33–41. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2024-23-5-33-41>
2. Королева М. А., Миронов К. О., Королева И. С. Эпидемиологические особенности генерализованной формы менингококковой инфекции, обусловлен-

ной *Neisseria meningitidis* серогруппы W, в мире и в Российской Федерации. Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. 2018. № 3. С. 16–23. DOI: <https://dx.doi.org/10.18565/epidem.2018.3.16-23>

- Koroleva M. A., Mironov K. O., Koroleva I. S. Epidemiological characteristics of generalized meningococcal infection caused by *Neisseria meningitidis* serogroup W in the world and in the Russian Federation [Epidemiologiia i infektsionnye bolezni. Aktual'nye voprosy]. 2018; (3): 16–23. (In Russ.). DOI: <https://dx.doi.org/10.18565/epidem.2018.3.16-23>
3. Maiden M. C., Bygraves J. A., Feil E., Morelli G., Russell J. E., Urwin R., Zhang Q., Zhou J., Zurth K., Caugant D. A., Feavers I. M., Achtman M., Spratt B. G. Multilocus sequence typing: a portable approach to the identification of clones within populations of pathogenic microorganisms. PNAS. 1998. № 95. P. 3140–3145. DOI: <https://dx.doi.org/10.1073/pnas.95.6.3140>
4. Миронов К. О. Опыт использования молекулярно-биологического мониторинга в эпидемиологическом надзоре за менингококковой инфекцией в России. Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. 2019. № 1. С. 93–99. DOI: <https://dx.doi.org/10.18565/epidem.2019.9.1.93-99>
Mironov K. O. Experience of the use of molecular and biological monitoring in the epidemiological surveillance of meningococcal infection in Russia [Epidemiologiia i infektsionnye bolezni. Aktual'nye voprosy]. 2019; 1: 93–99. (In Russ.). DOI: <https://dx.doi.org/10.18565/epidem.2019.9.1.93-99>
5. Lucidarme J., Hill D. M., Bratcher H. B., Gray S. J., du Plessis M., Tsang R. S., Vazquez J. A., Taha M. K., Ceyhan M., Efron A. M., Gorla M. C., Findlow J., Jolley K. A., Maiden M. C., Borrow R. Genomic resolution of an aggressive, widespread, diverse and expanding meningococcal serogroup B, C and W lineage. J. Infect. 2015. Vol. 71, № 5. P. 544–552. DOI: <https://dx.doi.org/doi:10.1016/j.jinf.2015.07.007>
6. Референс-центр по мониторингу за бактериальными менингитами. Available at: <https://www.crie.ru/scientific-work/referens-tsentry/referens-tsentry-rospotrebnadzora/referens-centr-po-monitoringu-za-bakterialnymi-meningitami/>
7. Миронов К. О., Корчагин В. И., Михайлова Ю. В., Янушевич Ю. Г., Шеленков А. А., Чагарян А. Н., Иванчик Н. В., Козлов Р. С., Акимкин В. Г. Характеристика штаммов *Streptococcus pneumoniae*, выделенных от больных инвазивными пневмококковыми инфекциями, с использованием высокопроизводительного секвенирования. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2020. Т. 97, № 2. С. 113–118. DOI: <https://dx.doi.org/10.36233/0372-9311-2020-97-2-113-118>
Mironov K. O., Korchagin V. I., Mikhailova Y. V., Yanushevich Y. G., Shelencov A. A., Chagaryan A. N., et al. Characterization of *Streptococcus pneumoniae* strains causing invasive infections using whole-genome sequencing. [Zhurnal mikrobiologii, epidemiologii i immunobiologii]. 2020; 97 (2): 113–118. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.36233/0372-9311-2020-97-2-113-118>
8. Jolley K. A., Bray J. E., Maiden M. C. J. Open-access bacterial population genomics: BIGSdb software, the PubMLST.org website and their applications. Wellcome Open Res. 2018. № 3. 124. DOI: <https://dx.doi.org/10.12688/wellcomeopenres.14826.1>

Вклад авторов. Сбор и анализ материала – Чурилова Н. С., Миронов К. О., Королева И. С.; написание текста – Миронов К. О.; редактирование – Королева И. С.

Authors' contribution. Aanalysis of the material and genetic investigation – Mironov K. O., Churilova N. S., Koroleva I. S.; text writing – Mironov K. O.; editing – Koroleva I. S.

Статья поступила / Received 22.05.2025

Получена после рецензирования / Revised 03.06.2025

Принята в печать / Accepted 22.07.2025

About authors

Миронов Константин Олегович, д.м.н., заведующий лабораторией молекулярных методов изучения генетических полиморфизмов. E-mail: mironov@pcr.ru. ORCID: 0000-0001-8207-9215

Чурилова Надежда Сергеевна, м.н.с. лаборатории эпидемиологии менингококковой инфекции и гнойных менингитов. E-mail: churilova@cmd.su. ORCID: 0000-0001-5344-5829

Королева Ирина Станиславовна, д.м.н., советник директора по аналитической работе в области гнойных бактериальных менингитов, заведующая лабораторией эпидемиологии менингококковой инфекции и гнойных менингитов. E-mail: irina-korol@yandex.ru. ORCID: 0000-0003-0578-146X

ФБУН «Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия

Автор для переписки: Миронов Константин Олегович. E-mail: mironov@pcr.ru

About authors

Mironov Konstantin O., DM Sci (habil.), head of the Laboratory of Molecular Methods for Studying Genetic Polymorphisms. E-mail: mironov@pcr.ru. ORCID: 0000-0001-8207-9215

Churilova Nadezhda S., junior researcher at the Laboratory of Epidemiology of Meningococcal Infection and Purulent Meningitis. E-mail: churilova@cmd.su. ORCID: 0000-0001-5344-5829

Koroleva Irina S., DM Sci (habil.), advisor to the Director for Analytical Work in the Field of Purulent Bacterial Meningitis, head of the Laboratory of Epidemiology of Meningococcal Infection and Purulent Meningitis. E-mail: irina-korol@yandex.ru. ORCID: 0000-0003-0578-146X

Central Research Institute of Epidemiology, Moscow, Russia

Corresponding author: Mironov Konstantin O. E-mail: mironov@pcr.ru

Для цитирования: Миронов К. О., Чурилова Н. С., Королева И. С. Атипичные клинические проявления летального случая генерализованной формы менингококковой инфекции, обусловленной *Neisseria meningitidis* серогруппы W, входящей в клональный комплекс cc11. Медицинский алфавит. 2025; (16): 39–42. <https://doi.org/10.33667/2078-5631-2025-16-39-42>

For citation: Mironov K. O., Churilova N. S., Koroleva I. S. Atypical clinical manifestations of a fatal case of generalized meningococcal infection caused by *Neisseria meningitidis* serogroup W, part of the clonal complex cc11. Medical alphabet. 2025; (16): 39–42. <https://doi.org/10.33667/2078-5631-2025-16-39-42>

