

осуществляется на основании изучения комплекса фенотипических и генотипических свойств микроорганизмов.

Организмы, обладающие одинаковыми генотипами, в разных условиях могут отличаться по фенотипу, т.е. может наблюдаться некоторое разнообразие фенотипов.

В ходе идентификации микроорганизмов определяют ряд фенотипических признаков: морфологические, тинкториальные, культуральные, ферментативные свойства, антигенная структура, спектр чувствительности к антибиотикам, бактериофагам и бактериоцинам, токсигенность; а также характеризуют их генотип – определяют нуклеотидный состав ДНК и содержание Г+Ц-пар в ДНК, степень гомологии ДНК, профиль плазмидной ДНК, электрофоретип, степень вирулентности.

Идентификацию штаммов по генотипическим признакам проводят по степени ДНК – ДНК-гибридизации и содержанию Г+Ц пар нуклеотидных оснований. В настоящее время приемлемым способом является идентификация 16S рРНК, выявляющая консервативные нуклеотидные последовательности исследуемых микроорганизмов.

При характеристике микроорганизмов следует использовать генетические и фенотипические методы, позволяющие сопоставлять последовательности генов и фенотипические признаки исследуемых культур микроорганизмов с музейными штаммами национальных или международных коллекций.

Для дифференцирования патогенных и апатогенных штаммов внутри вида информативным методом является обнаружение в составе ДНК бактериальной клетки геномных «островков» патогенности. Повышенная их лабильность связана с тем, что они могут входить в состав транспозонов, плазмид и включаться в геном бактериофагов, формируя у разных непатогенных видов бактерий вирулентность.

Все перечисленные исследования должны выполняться в аккредитованной лаборатории с использованием современного оборудования