

19. *Waschmann M. B., Castilla V., Holgado A. P. et al. Enterocin CRL35 inhibits late stages of HSV-1 and HSV-2 replication // Antiviral Res. — 2003. — Vol. 58, N 1. — P. 17—24.*

КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2010

УДК 578.831.1:578.5].083.2

*И. С. Коротецкий¹, А. П. Богоявленский¹, А. Г. Прилипов², Е. В. Усачев², О. В. Усачева²,
А. С. Турмагамбетова¹, И. А. Зайцева¹, А. Кыдырманов¹, Л. И. Шахворостова¹, М. Х.
Саятов¹, В. В. Борисов³, И. П. Пчелкина³, А. П. Герилович⁴, В. Э. Березин¹*

Молекулярно-генетическая характеристика велогенных изолятов вируса болезни Ньюкасла, выделенных на территории Российской Федерации, Украины, Казахстана и Киргизии

¹Лаборатория противовирусной защиты ДГП Институт микробиологии и вирусологии Алматы, Казахстан; ²НИИ вирусологии им. Д. И. Ивановского РАМН, Москва, Россия; ³ФГУ Федеральный центр охраны здоровья животных, г. Владимир, Россия; ⁴ННЦ Институт экспериментальной и клинической ветеринарной медицины, Харьков, Украина

Контактная информация:

Коротецкий Илья Сергеевич, мл. науч. сотр., магистр. E-mail: laeda1@mail.ru

Проведен сравнительный анализ фрагмента гена F 79 штаммов вируса болезни Ньюкасла (ВБН), выделенных на территории Казахстана, Киргизии, Украины и России у домашних и синантропных птиц за период с 1993 по 2007 г. При использовании ПЦР с последующим секвенированием и сравнительным анализом нуклеотидных последовательностей главной функциональной области гена F длиной 154 п. н. исследованных изолятов и референтных штаммов ВБН, полученных из GenBank, проведен филогенетический анализ. Показано, что все вновь охарактеризованные изоляты относятся к трем подгруппам генотипа VII ВБН: a, b и d.

Результаты показывают необходимость мониторинга за изолятами ВБН на территории стран СНГ, поскольку распространение ВБН среди перелетных и синантропных птиц (голуби, вороны, галки) представляет серьезную опасность для промышленного птицеводства.

вирус болезни Ньюкасла, ген слияния, филогенетическая характеристика, велогенный

Molecular genetic characteristics of the Newcastle disease virus velogenic strains isolated in Russia, Ukraine, Kazakhstan, and Kirghizia

I. S. Korotetsky¹, A. P. Bogoyavlensky¹, A. G. Prilipov², E. V. Usachev², O. V. Usacheva², A. S. Turmagambetova¹, I. A. Zaitseva¹, A. Kydyrmanov¹, L. I. Shakhvorostova¹, M. Kh. Sayatov¹, V. V. Borisov³, I. P. Pchelkina³, A. P. Gerilovich⁴, V. E. Berezin¹

¹Laboratory of Antiviral Protection, Institute of Microbiology and Virology, Alma-Ata, Kazakhstan; ²D. I. Ivanovsky Research Institute of Virology, Russian Academy of Medical Sciences, Moscow; ³Federal Center for Animal Health Care, Vladimir; ⁴Institute of Experimental and Clinical Veterinary Medicine, Kharkov, Ukraine

The F gene fragment of 79 Newcastle disease virus (NDV) strains isolated from domestic and synanthropic birds in Kazakhstan, Kirghizia, Ukraine, and Russia in 1993 to 2007 was comparatively analyzed. Phylogenetic analysis of test isolates and reference NDV strains obtained from the GenBank was carried out by polymerase chain reaction with subsequent sequencing and comparative analysis of 154-bp nucleotide sequences in the main functional region of the F gene. All newly characterized isolates belong to three NDV genotype VII subgroups: VIIa, VIIb, VIId.

The results show it necessary to monitor of NDV strains isolated in the CIS countries since the spread of NDV among migratory and synanthropic birds (pigeons, crows, and jackdaws) poses a serious threat to commercial poultry industry.

Newcastle disease virus, fusion gene, phylogenetic characteristics, velogenic

ЛИТЕРАТУРА

1. Пчелкина И. П., Колосов С. Н., Манин Т. Б. и др. Определение генотипической принадлежности изолятов вируса ньюкаслской болезни, выявленных на территории Российской Федерации в 2006 году // Вет. патол. — 2007. — № 4(23). — С. 162.
2. Aldous E. W., Mynn J. K., Banks J., Alexander D. J. A molecular epidemiological study of avian paramyxovirus type 1 (Newcastle disease virus) isolates by phylogenetic analysis a partial nucleotide sequence of fusion protein gene // Avian Pathol. — 2003. — Vol. 32, N 3. — P. 239—257.
3. Aldous E. W., Fuller C. M., Mynn J. K., Alexander D. J. A molecular epidemiological investigation of isolates of the variant avian paramyxovirus type 1 virus (PPMV-1) responsible for the 1978 to present panzootic in pigeons // Avian Pathol. — 2004. — Vol. 33, N 2. — P. 258—269.
4. Alexander D. J., Manwell R. J., Lowings J. P. et al. Antigenic diversity and similarities detected in avian paramyxovirus type 1 (Newcastle disease virus) isolates using monoclonal antibodies // Avian Pathol. — 1997. — Vol. 26. — P. 399—418.
5. Ballagi-Pordany A., Wehmann E., Herczeg J. et al. Identification grouping of Newcastle disease virus strains by restriction site analysis of a region from the F gene // Arch. Virol. — 1996. — Vol. 141. — P. 243—261.
6. Bogoyavlenskiy A., Berezin V., Prilipov A. et al. Molecular characterization of virulent Newcastle disease virus isolates from chickens during the 1998 NDV outbreak in Kazakhstan // Virus Genes. — 2005. — Vol. 31, N 1. — P. 13—20.
7. Collins M. S., Strong I., Alexander D. J. Pathogenicity and phylogenetic evaluation of the variant Newcastle disease viruses termed pigeon PMV-1 viruses based on the nucleotide sequences of the fusion protein gene // Arch. Virol. — 1996. — Vol. 141. — P. 635—647.
8. Collins M. S., Franklin S., Strong I. et al. Antigenic and phylogenetic studies on a variant Newcastle disease virus using antifusion protein monoclonal antibodies and partial sequencing of the fusion protein gene // Avian Pathol. — 1998. — Vol. 27. — P. 90—96.
9. Herczeg J., Wehmann E., Bragg R. R. et al. Two novel genetic groups (VIIb and VIII) responsible for recent Newcastle disease outbreaks in Southern Africa, one (VIIb) of which reached Southern Europe // Arch. Virol. — 1999. — Vol. 144. — P. 2087—2099.

10. Kaleta E. F., Alexander D. J., Russell P. H. The first isolation of the avian PMV-1 virus responsible for the current panzootic in pigeons // *Avian Pathol.* — 1985. — Vol. 14. — P. 553—557.
11. Ke G. M., Liu H. J., Lin M. Y. et al. Molecular characterization of Newcastle disease viruses isolated from recent outbreaks in Taiwan // *J. Virol. Meth.* — 2001. — Vol. 97. — P. 1—11.
12. Lomniczi B., Wehmann E., Herczeg J. et al. Newcastle disease outbreaks in recent years in western Europe were caused by an old (VI) and novel genotype (VII) // *Arch. Virol.* — 1998. — Vol. 143. — P. 49—64.
13. Seal B. S., King D. J., Bennett J. D. et al. Characterization of Newcastle disease virus isolates by reverse transcription PCR coupled to direct nucleotide sequencing and development of sequence database for pathotype prediction and molecular epidemiological analysis // *J. Clin. Microbiol.* — 1995. — Vol. 33. — P. 2624—2630.
14. Seal B. S., King D. J., Locke D. P. et al. Phylogenetic relationships among highly virulent Newcastle disease virus isolates obtained from exotic birds and poultry from 1989 to 1996 // *J. Clin. Microbiol.* — 1998. — Vol. 36. — P. 1141—1145.
15. Seal B. S., King D. J., Sellers H. S. The avian response to Newcastle disease virus // *Dev. Comp. Immunol.* — 2000. — Vol. 24. — P. 257—268.
16. Yang C. Y., Shieh H. K., Lin Y. L. et al. Newcastle disease virus isolated from recent outbreaks in Taiwan phylogenetically related to viruses (Genotype VII) from recent outbreaks in Western Europe // *Avian Dis.* — 1999. — Vol. 43. — P. 125—130.
17. Yu L., Wang Z. L., Chang L. et al. Characterization of newly emerging Newcastle disease virus isolates from the people's Republic of China and Taiwan // *J. Clin. Microbiol.* — 2001. — Vol. 39. — P. 3512—3519.

КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2010

УДК 578.833.3:578.247].083.2

А. А. Чепурнов¹, Л. П. Сизикова^{1,2}, А. А. Шелемба-Чепурнова^{1,2}, Л. В. Шестопалова³

Оценка репродукции вируса Эбола в организме взрослых беспородных белых мышей

НИИ клинической иммунологии СО РАМН, Новосибирск; ²Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, Новосибирск; ³Новосибирский государственный университет

Контактная информация:

Чепурнов Александр Алексеевич; e-mail: alexa.che.purnov@gmail.com.

Изучена способность взрослых беспородных белых мышей (как лабораторной модели, наиболее приближенной к диким популяциям мышей) поддерживать репродукцию вируса Эбола (ВЭ) в организме. Показано, что взрослые беспородные белые мыши, инокулированные ВЭ, в течение 23 пассажей поддерживают репродукцию вируса в печени. Повышение уровня тромбоцитов и раннее появление продуктов деградации фибрина и фибриногена свидетельствовали о сдвигах в системе гемостаза, которые, однако, не переходили в серьезную коагулопатию. Внешне животные были практически здоровы, за исключением апатичности, наблюдаемой на 5—7-е сутки. Таким образом, восприимчивость