

2. Farmakologiya: uchebnik / pod red. V.D. Sokolova. – 3-e izd., ispr. i dop. – SPb.: Izdatelstvo «Lan», 2010. – S. 19-21.

3. Rabinovich M.I., Nozdrin G.A., Samorodova I.M., Nozdrin A.G. Obshchaya farmakologiya: uchebnoe posobie. – 2-e izd., ispr. i dop. – SPb.: Izdatelstvo «Lan», 2006. – S. 7.

4. Rabinovich M.I. Tekhnika parenteralnogo vvedeniya. – 2-e izd., ispr. i dop. – M.: Kolos, 1987. – S. 18-20.

5. Khrustaleva I.A. Anatomiya domashnikh zhivotnykh. – M.: Kolos, 1985. – S. 241-244.

6. Yakovlev Ya.I. Tekhnika vvedeniya lekarstvennym form zhivotnym. – M.: Kolos, 1974. – S. 133-134.

7. Katzung B.G. Basic and Clinical Pharmacology. 7th Edition. – Appleton & Lange, 1998. – 1151 p.



УДК 619:578.2

М.К. Исакеев, А.Т. Мамытова, А.И. Боронбаева
M.K. Isakeyev, A.T. Mamytova, A.I. Boronbayeva

МОЛЕКУЛЯРНО-ЭПИЗООТОЛОГИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ ШТАММОВ ВИРУСА ЧУМЫ ПЛОТОЯДНЫХ, ЦИРКУЛИРУЮЩИХ НА ТЕРРИТОРИИ КЫРГЫЗСТАНА

MOLECULAR AND EPIZOOTOLOGICAL MONITORING OF STRAINS OF CANINE DISTEMPER VIRUS CIRCULATING IN THE TERRITORY OF KYRGYZSTAN

Ключевые слова: чума плотоядных, молекулярно-эпизоотологический мониторинг, Кыргызстан.

Keywords: distemper, molecular and epizootological monitoring, Kyrgyzstan.

При помощи ПЦР были амплифицированы участки гена Н (Hemagglutinin) полевого штамма вируса чумы плотоядных, циркулирующего на территории Кыргызской Республики. Данный участок гена в дальнейшем был секвенирован для установления молекулярно-эпизоотологической принадлежности полевого штамма чумы плотоядных. Полученные генетические данные полевого штамма, циркулирующего на территории Кыргызской Республики, сравнивали с ранее исследованными и опубликованными в генетической базе данных (GenBank) штаммами в соседних государствах. Для сравнения и установления топотипического происхождения полевого штамма были использованы 19 штаммов и изолятов из базы данных GenBank, циркулирующих в соседних государствах. На основе данных экспериментов произвели построение филогенетического дерева. По итогам филогенетического дерева установлено, что на территории Кыргызской Республики циркулирует субтип Arctic-like вируса чумы плотоядных.

Parts of the gene H (Hemagglutinin) of canine distemper virus of strains circulating in the territory of the Kyrgyz Republic were amplified with the help of PCR. This section of the gene was subsequently sequenced to determine the molecular and epizootological affiliation of canine distemper strain. The obtained genetic data of a field strain circulating in the territory of the Kyrgyz Republic were compared with previously studied and published in the genetic database (GenBank) strains in neighboring states. To compare and determine the topotypic origin of the field strain, 19 strains and isolates from the GenBank database circulating in neighboring states were used. Based on these experiments, a phylogenetic tree was constructed. According to the results of the phylogenetic tree, it has been found that the Arctic-like subtype of the canine distemper virus circulates in the Kyrgyz Republic.

Исакеев Майрамбек Кыдыралиевич, н.с., Кыргызский НИИ ветеринарии им. А. Дуйшеева, Кыргызский национальный аграрный университет им. К.И. Скрябина, г. Бишкек, Кыргызская Республика. E-mail: maku-0711@mail.ru.

Isakeyev Mayrambek Kydyraliyevich, Staff Scientist, Kyrgyz Research Veterinary Institute named after A. Duysheyev, Kyrgyz National Agricultural University named after K.I. Skryabin, Bishkek, Kyrgyz Republic. E-mail: maku-0711@mail.ru.

Мамытова Айгуль Табалдыевна, к.б.н., с.н.с., Кыргызский НИИ ветеринарии им. А. Дуйшеева, Кыргызский национальный аграрный университет им. К.И. Скрябина, г. Бишкек, Кыргызская Республика. E-mail: aigulechka_11@mail.ru.

Боронбаева Аида Ильичевна, к.б.н., с.н.с., Кыргызский НИИ ветеринарии им. А. Дуйшеева, Кыргызский национальный аграрный университет им. К.И. Скрябина, г. Бишкек, Кыргызская Республика. E-mail: aida.boronbaeva@gmail.com; aida.boronbaeva@mail.ru.

Mamytova Aygul Tabaldyevna, Cand. Bio. Sci., Senior Staff Scientist, Kyrgyz Research Veterinary Institute named after A. Duysheyev, Kyrgyz National Agricultural University named after K.I. Skryabin, Bishkek, Kyrgyz Republic. E-mail: aigulechka_11@mail.ru.

Boronbayeva Aida Ilyichevna, Cand. Bio. Sci., Senior Staff Scientist, Kyrgyz Research Veterinary Institute named after A. Duysheyev, Kyrgyz National Agricultural University named after K.I. Skryabin, Bishkek, Kyrgyz Republic. E-mail: aida.boronbaeva@gmail.com, aida.boronbaeva@mail.ru.

Введение

Чума плотоядных (ЧП) является этиологическим агентом тяжелого заболевания собак и многих других плотоядных (лисицы, шакалы, песцы, хорек) [1]. Клинически диагностировать чуму плотоядных трудно из-за широкого спектра симптомов, которые могут быть смешаны с другими респираторными и кишечными заболеваниями собак [2, 3]. Чума плотоядных одна из наиболее распространенных болезней плотоядных животных в мире, уровень смертности от этой инфекции достигает 70-80% [2-4].

В зависимости от изменений генома вируса чумы плотоядных различают следующие клинические формы проявления болезни: легочную, кишечную, нервную, кожную и смешанную [5]. Как показывают исследования, несмотря на различные формы проявления клиники чумы плотоядных, все выделенные штаммы обладают общими свойствами, позволяющими отнести их в одну серогруппу [4].

В последнее время учеными выявлены субтипы возбудителя чумы плотоядных, при которых вакцины неэффективны [6]. Штаммы вируса чумы плотоядных с изменением геномных последовательностей приобретают новые биологические свойства [6, 7]. На сегодняшний день возбудитель чумы плотоядных имеет несколько генетических субтипов: America-1; America-2; Asia-1; Asia-2; Asia-3; Artic-like; Africa; Europe и Europe-Wildlife [8, 9]. Несмотря на генетические различия этих групп, их объединяют в одну [7].

Целью работы является сравнение генетического разнообразия субтипов вируса чумы плотоядных, циркулирующих на территории Кыргызстана с соседними государствами (Казахстан, Китай).

Материалы и методы исследований

Для получения геномных последовательностей штаммов вируса чумы плотоядных, циркулирующих на территории Казахстана, Китая, были использованы Интернет-база данных Gen Bank и ранее опубликованные научные труды из соседних стран. Для определения генетической принадлежности циркулирующего полевого штамма на территории Кыргызской Республики применялись материалы, собранные в течение 2014-2015 гг. в городе Бишкек. Полученные образцы были подтверждены с помощью ПЦР и секвенированием на наличие вируса чумы плотоядных.

Секвенирование ДНК проводили на генетическом анализаторе ABIPRISM 310 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, США) по методу Сенжера с помощью набора BigDye® Terminatorv3.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems, США) согласно протоколам производителя.

Для установления филогенетических связей вируса чумы плотоядных по географическому расположению были исследованы 19 штаммов и изолятов, циркулирующих на территории Кыргызстана, Казахстана и Китая.

Результаты исследований

При помощи ПЦР были амплифицированы участки гена Н (Hemagglutinin) полевого штамма вируса чумы плотоядных, циркулирующего на территории Кыргызской Республики. Полученные ПЦР продукты использовали для нуклеотидного секвенирования. На основе данных экспериментов произвели построение филогенетического дерева. В эксперименте также использованы штаммы вируса чумы плотоядных, взятые из Gen Bank, циркулирующие на территории Казахстана

и Китая: JX406734 (Китай), JX406737 (Китай), JX406738 (Китай), FJ535063 (Китай), FJ848530 (Китай), AY390347 (Китай), D85754 (Китай), FJ423608 (Китай), EU325725 (Китай), EF445053 (Китай), AF178038 (Китай), AF172411 (Китай), EF445052 (Китай), EU743935 (Китай), EU743934 (Китай), FJ477090 (Казахстан), HM063009 (Казахстан) и HM046486 (Казахстан).

Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей показал, что циркулирующие штаммы возбудителя чумы плотоядных на территории Кыргызстана, Казахстана и Китая принадлежат к субтипам Asia-1, America-1, Asia-3 и Arctic-Like (рис. 1).

Филогенетическое дерево построено с помощью программы Мега 6 по методу Neighbor

Joining по алгоритму Minimalevolution с построением укорененных дендрограмм при количестве реплик в bootstrap 1000.

В результате установлено, что на территории Кыргызской Республики циркулирует субтип Arctic-like вируса чумы плотоядных, в Казахстане выделенные штаммы принадлежат к субтипу America-1, а в Китае – субтипы Asia-1, Arctic-like и Asia-3. По степени распространения на территории этих стран доминирующим субтипом возбудителя чумы плотоядных является субтип Asia-1 (58%), далее America-1 (16%), Arctic-like (16%) и Asia-3 (10%). Всего было проанализировано 19 штаммов и изолятов (рис. 2).

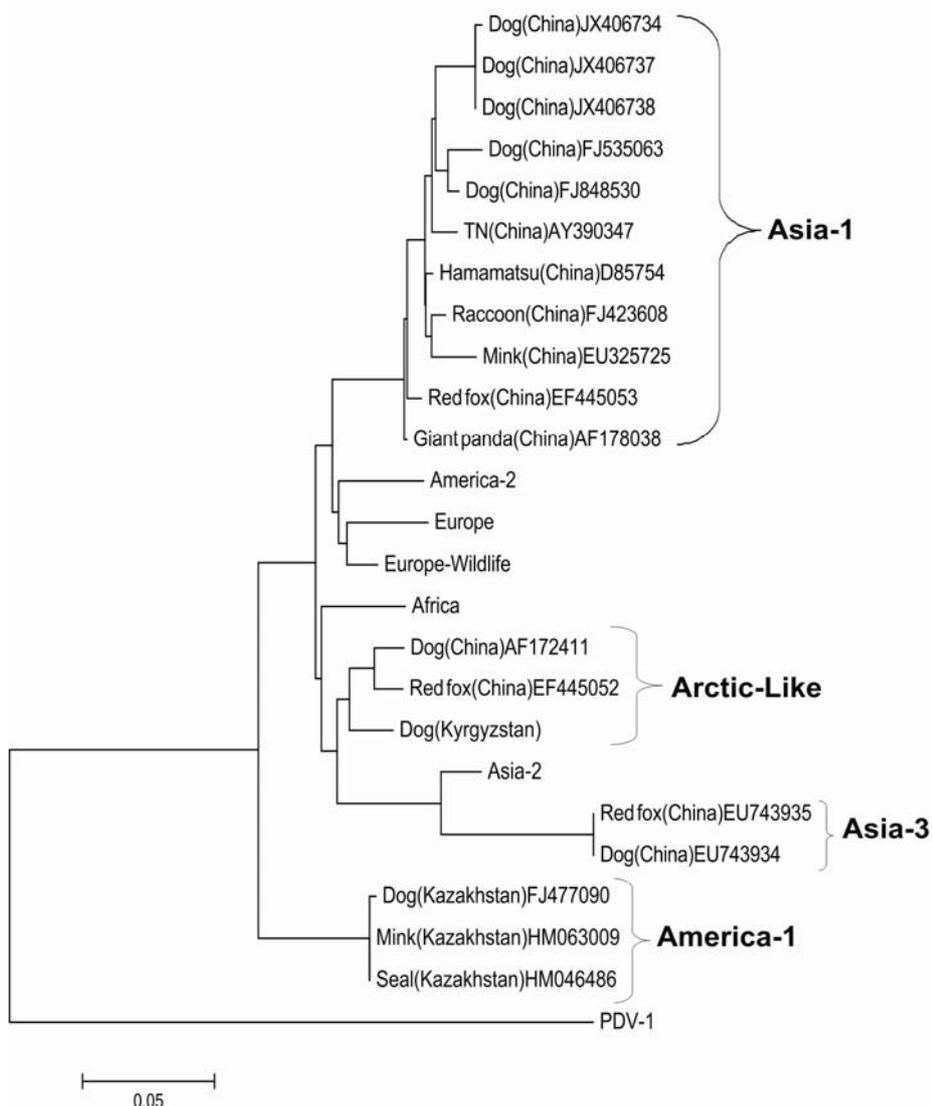


Рис. 1. Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей штаммов и изолятов вируса чумы плотоядных, циркулирующих на территории Кыргызстана, Казахстана и Китая

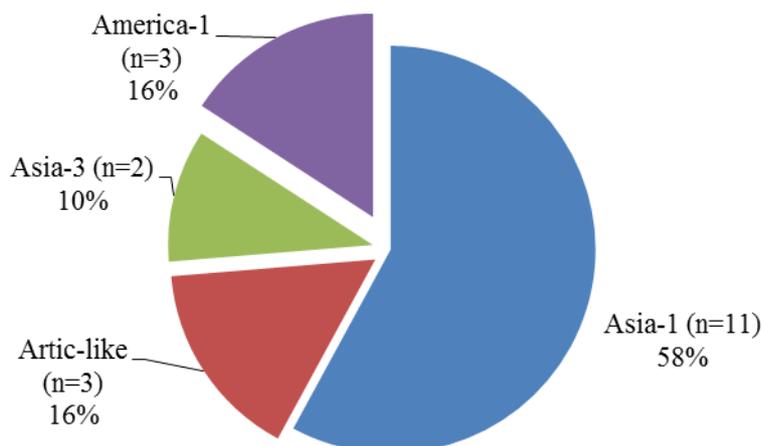


Рис. 2. Распространение различных субтипов вируса чумы плотоядных на территории Кыргызстана, Казахстана и Китая

Заключение

Кыргызская Республика, Республика Казахстан и Китайская Народная Республика, несмотря свою географическую и геополитическую близость, существенно различаются по циркулирующим на их территории субтипам вируса чумы плотоядных. Так, в Китае и Кыргызстане были обнаружены общие штаммы вируса, относящиеся к одному субтипу – Arctic-like, но как показали исследования, на территории Китая большинство штаммов и изолятов, которые по своей генетической характеристике принадлежат к субтипу Asia-1, а субтип, найденный на территории Казахстана, принадлежит к America-1. Субтип Asia-3 циркулирует только на территории Китая, в других странах пока не обнаружен.

Молекулярно-генетический мониторинг возбудителя чумы плотоядных с его разнообразием субтипов играет крайне важную роль в выборе стратегии борьбы с этим заболеванием. Кыргызская Республика по своему географическому расположению тесно соседствует с Казахстаном и Китаем, следовательно, благополучие республики по чуме плотоядных зависит от эпизоотической ситуации в соседних республиках.

По нашему мнению, циркулирующий на территории Кыргызской Республики полевой штамм чумы плотоядных не был занесен из соседних государств, этому свидетельствует генетическое различие штаммов, циркулирующих на территории Казахстана и Китая.

Библиографический список

1. Deem S.L., Spelman L.H., Yates R., Montali R.J. (2000). Canine distemper in terrestrial carnivores: a review. *J. Zoo. Wildl. Med.* Vol. 31 (4): 441-451.
2. Сюрин В.Н., Самуйленко А.Я., Соловьев Б.В., Фомина Н.В. Вирусные болезни животных. – М.: ВНИТИБП, 2001. – 928 с.
3. Beineke A., Baumgartner W., Wohlsein P. (2015). Cross-species transmission of canine distemper virusan update. *One Health.* Vol. 1: 49-59.
4. Груздев К.Н., Селиванов А.В. Чума плотоядных. – М., 1996. – С. 15-21.
5. Diallo A. (1990). Morbillivirus group: genome organisation and proteins. *Vet. Microbiol.* Vol. 23 (1-4): 155-163.
6. Lednicky, J.A., Meehan, T.P., Kinsel, M.J., et al. (2004). Effective primary isolation of wild-type Canine distemper virus in MDCK, MV1 Lu and Vero cells without nucleotide sequence changes within the entire haemagglutinin protein gene and in subgenomic sections of the fusion and phospho protein genes. *Journal of Virological Methods.* Vol. 118 (2): 147-157.
7. Appel M., Sheffy B.E., Percy, D.H., Gaskin, J.M. (1974). Canine distemper virus in domesticated cats and pigs. *American Journal of Veterinary Research.* Vol. 35 (6): 803-806.
8. Calderon M.G., Remorini P., Periolo O., et al. (2007). Detection by RT-PCR and genetic characterization of canine distemper virus from vaccinated and non-vaccinated dogs in Argentina. *Vet. Microbiol.* Vol. 125 (3-4): 341-349.

9. Loots A.K., Mokgokong P.S., Mitchell E., et al. (2018) Phylogenetic analysis of canine distemper virus in South African wildlife. *PLoS ONE*. Vol. 13 (7).

References

1. Deem S.L., Spelman L.H., Yates R., Montali R.J. (2000). Canine distemper in terrestrial carnivores: a review. *J. Zoo. Wildl. Med.* Vol. 31 (4): 441-451.

2. Syurin V.N., Samuylenko A.Ya., Solovov B.V., Fomina N.V. *Virusnye bolezni zhivotnykh.* – М.: VNITIBP, 2001. – 928 s.

3. Beineke A., Baumgartner W., Wohlsein P. (2015). Cross-species transmission of canine distemper virusan update. *One Health*. Vol. 1: 49-59.

4. Gruzdev K.N., Selivanov A.V. *Chuma plotoyadnykh.* – М., 1996. – S. 15-21.

5. Diallo A. (1990). Morbillivirus group: genome organisation and proteins. *Vet. Microbiol.* Vol. 23 (1-4): 155-163.

6. Lednicky, J.A., Meehan, T.P., Kinsel, M.J., et al. (2004). Effective primary isolation of wild-type Canine distemper virus in MDCK, MV1 Lu and Vero cells without nucleotide sequence changes within the entire haemagglutinin protein gene and in subgenomic sections of the fusion and phospho protein genes. *Journal of Virological Methods*. Vol. 118 (2): 147-157.

7. Appel M., Sheffy B.E., Percy, D.H., Gaskin, J.M. (1974). Canine distemper virus in domesticated cats and pigs. *American Journal of Veterinary Research*. Vol. 35 (6): 803-806.

8. Calderon M.G., Remorini P., Periolo O., et al. (2007). Detection by RT-PCR and genetic characterization of canine distemper virus from vaccinated and non-vaccinated dogs in Argentina. *Vet. Microbiol.* Vol. 125 (3-4): 341-349.

9. Loots A.K., Mokgokong P.S., Mitchell E., et al. (2018) Phylogenetic analysis of canine distemper virus in South African wildlife. *PLoS ONE*. Vol. 13 (7).



УДК 619:612.6:636.8(571.150-25)

В.М. Жуков, Т.С. Долгополова
V.M. Zhukov, T.S. Dolgoplova

ОРГАНОПАТОЛОГИЯ МОЧЕВЫВОДЯЩЕЙ СИСТЕМЫ КОШЕК В УСЛОВИЯХ ВЕТЕРИНАРНОЙ КЛИНИКИ ГОРОДА БАРНАУЛА

ORGANOPATHOLOGY OF THE URINARY SYSTEM IN CATS IN A VETERINARY CLINIC OF THE CITY BARNAUL

Ключевые слова: мочевыводящая система, кошки, органопатология, цистоуролитиаз, хроническая нефропатия, хронический нефрит, острый уроцистит, острый цистит.

Keywords: urinary system, cats, organopathology, urolithiasis, chronic nephropathy, chronic nephritis, acute urocystitis, acute cystitis.

Проведено исследование органопатологии мочевыводящей системы кошек в ветеринарной клинике г. Барнаула Алтайского края «Добрый Доктор». В результате этого было установлено, что самая высокая заболеваемость мочевыделительной системы у беспородных кошек (75,5%) и британской короткошерстной (12,5%). Наиболее часто выявляли цистоуролитиаз (36%), хроническую нефропатию (9,8%), хронический нефрит (9,2%), острый цистит и уроцистит (8,6%). У кошек и котов в возрасте старше 5 лет патология мочевыделительной системы встречалась наиболее часто (50%). Выявлена зависимость заболеваний от пола во всех возрастных группах, наиболее часто подвержены заболеванию коты (78,5%).

Organopathology of the urinary system in cats was studied in the veterinary clinic "Dobry doktor" in the City of Barnaul of the Altai Region. The highest incidence of urinary system diseases was found in mongrel cats (75.5%) and British Shorthair (12.5%). The following pathologies were most frequently revealed: urolithiasis (36%), chronic nephropathy (9.8%), chronic nephritis (9.2%), acute cystitis and urocystitis (8.6%). In female and male cats over the age of 5 years, a urinary pathology was the most common pathology (50%). The dependence of diseases on sex in all age groups was revealed; male cats were most often exposed to a disease (78.5%).