

УДК578.2/578.5

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ИЗОЛЯТА ВИРУСА ГЕМОМРАГИЧЕСКОЙ БОЛЕЗНИ КРОЛИКОВ

Смагина В.С., студентка 4 курса факультета ветеринарной медицины и биотехнологии, valeriya.smagina@list.ru
Научный руководитель – Бурмакина Г.С., кандидат биологических наук
ФГБНУ ФИЦВиМ

Ключевые слова: нуклеотидная последовательность, вирус геморрагической болезни кроликов (ВГБК), секвенирование, филогенетический анализ.

Работа посвящена филогенетическому анализу изолятов вируса геморрагической болезни кроликов (ВГБК). Филогенетический анализ проведен на основе нуклеотидных последовательностей гена VP60 вируса геморрагической болезни кроликов.

Введение. Кролиководство относится к одной из перспективных отраслей животноводства, которое дает не только высокопитательное диетическое мясо, но и промышленное сырье в виде меха и пуха.

Мясо и другие продукты убоя кроликов подлежат обязательной послеубойной ветеринарно-санитарной экспертизе, которую проводят комплексом органолептических, физико-химических и микробиологических исследований. При наличии клинических признаков вирусных инфекций кролики к убою не допускаются, а при диагностировании заболевания после убоя тушку вместе с внутренними органами и шкуркой уничтожают.

Есть ряд проблем, с которыми сталкиваются крупные и мелкие кролиководческие хозяйства при разведении кроликов. Среди них особое место занимают болезни различной этиологии. Из вирусных болезней для кролиководства наиболее опасны миксоматоз и вирусная геморрагическая болезнь кроликов (ВГБК) [2].

Вирусная геморрагическая болезнь кроликов – остропротекающая высококонтагиозная болезнь, характеризующаяся явлениями геморрагического диатеза во всех органах, в особенности в легких и печени [1].

В связи с высокой контагиозностью и смертностью кроликов при данной инфекции (90-100%), а также с устойчивостью вируса к факторам внешней среды необходимо применение современных методов

ветеринарно-санитарной оценки с целью быстрого и своевременного принятия санитарно-гигиенических мер и профилактики распространения заболеваний[7].

Целью данной работы являлось определение нуклеотидных последовательностей и проведение филогенетического анализа фрагмента гена VP60 изолята вируса геморрагической болезни кроликов.

Задачи. Для достижения указанной цели были поставлены следующие задачи:

1. Определить нуклеотидные последовательности генома VP60.
2. Провести филогенетический анализ изолята вируса геморрагической болезни кроликов.
3. Провести статистическую обработку полученных результатов.

Ход работы. Одним из этапов работы было определение нуклеотидных последовательностей генома VP60. Используя программы «BioEdit 6.0» и «Mega 5.0» провели выравнивание нуклеотидных последовательностей с дальнейшим проведением филогенетического анализа последовательностей гена VP60 вируса геморрагической болезни кроликов, представленных в базе данных GenBank [8]. При помощи программы «Mega 5.0» строили филогенетическое дерево.

Из проведённого анализа видно, что на филогенетическом дереве, построенном для гена VP60, образовались шесть основных генетических группы. Первую группу формирует штамм «Frankfur112», в которую входит исследуемый нами штамм VP60 (Рис.1).

Заключение. Таким образом, в ходе проведения исследования, мы выяснили, что среди полученных нуклеотидных последовательностей гена VP60, и последующего проведения филогенетического анализа, можно сделать вывод, что:

Исследуемый нами штамм образует с остальными штаммами ВГБК шесть генетических групп, а именно:

1. Первую группу формирует «Frankfur112»
2. Вторую группу формирует «LY/China/2010»
3. Третью группу формирует «Rabbit calicivirus strain MRCV»
4. Четвертую группу формирует «M15034PT17»
5. Пятую группу формирует «Rabbit calicivirus isolate BEN-12»
6. Шестую группу формирует «European brown hare syndrome virus».

Так как третья и шестая группы образовали отдельные кластеры, мы можем сделать вывод, что в этих геногруппах имеется больше всего замен.

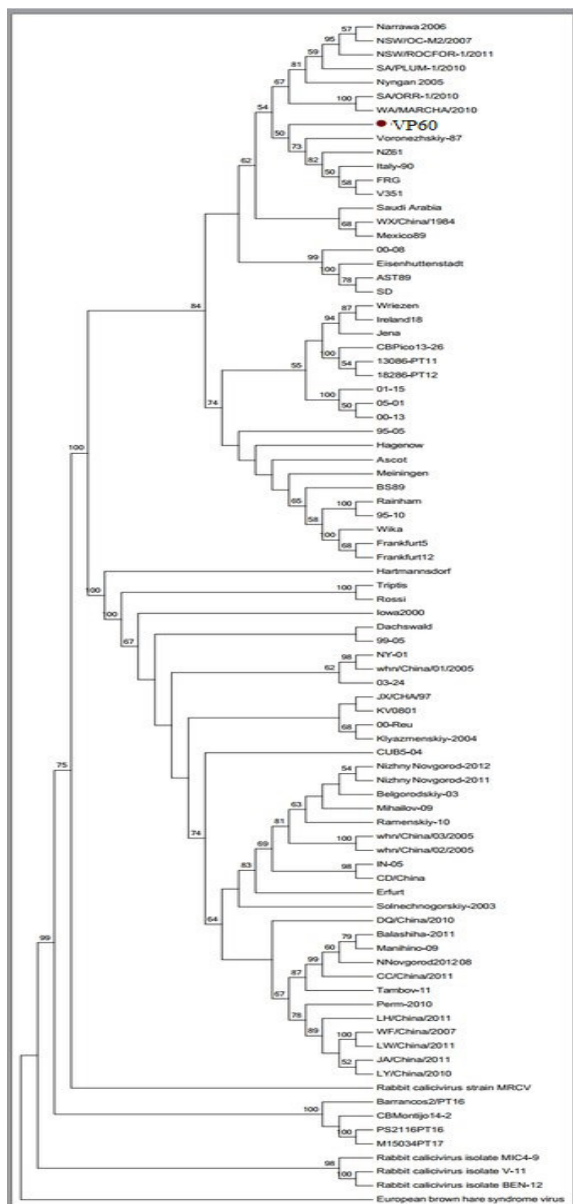


Рисунок 1 - Дендрограмма, отражающая филогенетический анализ гена VP60

Исходя из результатов анализа филогенетического дерева, построенного для гена VP60, можно так же сделать вывод, о принадлежности изолятов вируса ВГБК исследуемого нами к одной из шести геногрупп, а именно к первой, которую сформировал штамм «Frankfur 112».

Библиографический список

1. Бакулов И.А и др.//Вестник РАСХН. 1995. №1 Зс.
2. Шевченко А.А. Шевченко Л.В. Болезни кроликов – М.: Аквариум, 2009;23с.
3. Шевченко А.А., Вишняков И.Ф., Бакулов И.А., Власова Т.А. Вирусная геморрагическая болезнь кроликов. // Ветеринария, 1994, №10. - С. 22-23с.
4. Asgari S., Hardy J. R., Cooke B. D. Sequence analysis of rabbit haemorrhagic disease virus (RHDV) in Australia: alterations after its release. // Arch Virol, 1999, №144. – P. 135-145с.
5. Gallery P.M., Mooney J., O'Connor M., Nowotny N. Rabbit haemorrhagic disease in Ireland. // Arch.Virol, 1994, №12. – P. 363 – 370с
6. Gould R., Kattenbelt J. A., Lenghaus C., Morrissy C., Chamberlain T., Collins B.J. The complete nucleotide sequence of rabbit haemorrhagic disease virus (Czech strain V351): use of the polymerase chain reaction to detect replication in Australian vertebrates and analysis of viral population sequence variation. // Virus Research, 1997, №47. - P. 7-17с
7. Tian L., Liao J., Li J., Zhou W., Zhang X., Wang H. Isolation and identification of a non-haemagglutinating strain of rabbit hemorrhagic disease virus from China and sequence analysis for the VP60 Gene // Virus Genes, 2007; 35: 745—752с.
8. www.ncbi.nlm.nih.gov

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF ISOLATES OF THE VIRUS OF HAEMORRHAGIC DISEASE OF RABBITS

Smagina V. S.,Burmakina G.S.

Key words: *nucleotide sequence, rabbit haemorrhagic disease (RHDV) virus, sequencing, phylogenetic analysis.*

The work is devoted to phylogenetic analysis of isolates of rabbit haemorrhagic disease virus (RHDV). Phylogenetic analysis is based on nucleotide sequences of vp60 gene of rabbit hemorrhagic disease virus.