

УДК 575.113:598.261.7

ФІЛОГЕНЕТИЧНИЙ АНАЛІЗ УКРАЇНСЬКИХ ІЗОЛЯТІВ ВІРУСУ ЛЕЙКОЗУ ВЕЛИКОЇ РОГАТОЇ ХУДОБИ

Л. М. Іщенко, к. вет. н., В. Д. Іщенко, к. вет. н., О. О. Малишева, к. с.-г. н., В. Г. Спиридонов, д. с.-г. н.,
ischenko_lm@ukr.net

Українська лабораторія якості та безпеки продукції АПК,
Національний університет біоресурсів і природокористування України,
Київська обл., смт Чабани

Метою роботи було проаналізувати генетичне розмаїття вірусу лейкозу великої рогатої худоби (ВЛ ВРХ) на території України та з'ясувати філогенетичний зв'язок українських ізолятів збудника з ізолятами, виділеними в інших країнах.

Нуклеотидну послідовність ділянки гену ENV ізолятів ВЛ ВРХ визначали методом прямого секвенування на генетичному аналізаторі *ABI 3130 (Applied Biosystems)* за допомогою набору реагентів *BigDye® Terminator; v. 3.1*. Для аналізу отриманих нуклеотидних послідовностей використовували комп'ютерну програму (*ChromasLite 2.1.1*) та низку інтернет-ресурсів: *blast NCBI* (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>), для множинного вирівнювання нуклеотидних послідовностей — <http://multalin.toulouse.inra.fr/multalin>, для філогенетичного аналізу — http://www.phylogeny.fr/version2_cgi/index.cgi.

Довжина отриманих нуклеотидних послідовностей становила 723 н. п. і відповідає ділянці вірусного геному з 4928 по 5651 нуклеотид [GenBank: K02120.1, Sagata N., Yasunaga T., Tsuzuku-Kawamura J. et al., 1985].

На основі отриманих нуклеотидних послідовностей ізолятів ВЛ ВРХ побудовано їх філогенетичне дерево, з чого зроблено висновок, що проаналізовані ізоляти належать до трьох різних підгруп: перша — Київська і Сумська області, друга — Чернігівська і Харківська, третя — Рівненська, Кіровоградська і Дніпропетровська області.

Досліджуючи філогенетичні зв'язки українських ізолятів ВЛ ВРХ з ізолятами, виділеними в інших країнах світу, встановлено, що більшість з них (Рівненська, Кіровоградська, Дніпропетровська, Чернігівська та Харківська області) генетично споріднені з бельгійським ізолятом. Ці дані підтверджують припущення науковців, що в Україну ВЛ ВРХ був завезений з племінними тваринами у 1949–1972 рр. з Естонії та Латвії. Водночас ізоляти вірусу з господарств Київської та Сумської областей за генетичним походженням ближчі до ізолятів, виділених в Австралії, США та країнах Азії, що, ймовірно, свідчить про різні шляхи занесення збудника на територію нашої країни.

Поліморфізм окремих нуклеотидів є унікальним для ізолятів, виділених від ВРХ в Україні. Так, специфічними для ізолятів ВЛ ВРХ, виділених від корів з господарств Дніпропетровської, Рівненської та Кіровоградської областей, є поліморфізм нуклеотидів 81G/A, 174G/A, 567G/A та 645C/T. Для ізоляту, виділеного від корів з господарств Дніпропетровської області, специфічним є поліморфізм в 15G/A, 329C/T та в 367G/A, Рівненської області — у 149 C/A, Кіровоградської області — в 523A/G, 642T/C та у 685C/T. Для ізоляту, виділеного від корів з господарства Чернігівської області, характерною є заміна у 93C/T та в 595G/A. Поліморфізм у 64G/T, 99G/A та 434G/A є специфічним для ізоляту, виділеного від тварин з господарства Харківської області, поліморфізм в 180A/G, 216C/T та в 597T/C — Київської області, а в 351G/T та в 387C/T — Сумської області.

Таким чином, секвенування гену ENV українських ізолятів ВЛ ВРХ дозволило встановити їх еволюційну спорідненість з ізолятами збудника, виділеними в інших країнах. Окрім того, отриману інформацію щодо нуклеотидної послідовності гену ENV можна використовувати для конструювання праймерів при розробці вітчизняних тест-систем для діагностики лейкозу.

Нуклеотидні послідовності фрагменту гену ENV українських ізолятів ВЛ ВРХ, виділених від інфікованих тварин у господарствах Рівненської та Кіровоградської областей, були депоновані в GenBank (NCBI) під номерами KR063245 та KR063246.