tsukrovomu díabetí [Violation of adrenergic regulation of myocardial energy metabolism in experimental diabetes]. *Yendokrinologíya – Endocrinology*, 1, 2, 30-38 [in Ukrainian].

18. Gapich, Ye.L. (1990). Izucheniye vliyaniya insulina na pogloshcheniye energeticheskikh substratov miokardom pri sakharnom diabete [Study of the effect of insulin on the intake of energy substrates myocardium in diabetes]. *Extended abstract of candidate's thesis.* Kyiv [in Russian].

УДК 619:616.98:578.842:636.4

МАНДИГРА С.С. [*], e-mail: mandygra@ukr.net,
МУЗИКІНА Л.М., e-mail: loramuzykina@i.ua,
СИТЮК М.П., д-р вет. наук, e-mail: snp1978@ukr.net,
КОВАЛЕНКО Г.А., канд. вет. наук, e-mail: anna.kovalenko31@mail.ru,
ГАЛКА І.В., канд. вет. наук, e-mail: ptica2005@ukr.net,
НИЧИК С.А., д-р вет. наук, проф., член-кор. НААН, e-mail: ivm_naan@ukr.net
Інститут ветеринарної медицини НААН

ОСОБЛИВОСТІ ЗБУДНИКА АФРИКАНСЬКОЇ ЧУМИ СВИНЕЙ

У статті розглянуто основні біологічні та молекулярно-генетичні характеристики вірусу африканської чуми свиней (АЧС). Наведено сучасні дані щодо морфологічної будови вірусу, його таксономічної приналежності та фізичних властивостей. Вказані ключові причини високого ступеня мінливості збудника АЧС, що є гетерогенною популяцією, яка складається з клонів. Останні відрізняються за показниками гемадсорбції, антигенності, вірулентності та інфекційності.

Збудник АЧС є унікальним вірусом, що характеризується надзвичайно складною організацією, як у структурному, так і функціональному відношенні, та високою варіабельністю.

Ключові слова: *африканська чума свиней (АЧС), вірус АЧС, молекулярно-генетична характеристика.*

Вступ. Африканська чума свиней (*African swine fever*, хвороба Монтгомері) – це висококонтагіозне трансмісивне вірусне захворювання домашніх і диких свиней усіх порід та статево-вікових груп. АЧС характеризується надгострим, гострим, підгострим і хронічним перебігами, лихоманкою, явищами геморагічного діатезу шкіри та внутрішніх органів, дистрофічними й некротичними змінами в різних органах, високою летальністю, що може сягати 100 % [1–5].

Захворювання із симптомами, подібними до АЧС, вперше було зареєстровано у 1903 р. на території Африканського континенту в завезених свиней європейських порід. Детально воно було описане в 1921 році в Кенії англійським вченим R.E. Montgomery. До 1957 р. АЧС залишалась ендемічною хворобою лише для Африканського континенту. В наступні роки хвороба поширилась у Європі (Португалія, Іспанія, Франції, Італія), а з 1971 р. – в країнах Америки (Куба, Бразилія, Домініканська Республіка). Наприкінці 2007

[*] Аспірант, наук. керівник – д-р вет. наук, проф., член-кор., **Ничик С.А.**

року спалах АЧС було зареєстровано в Грузії, згодом захворювання діагностували у Вірменії, Росії. Наразі, нозоареал поширився на територію Східної Європи [2, 6, 7].

Хоча це захворювання вже близько століття відоме світовій спільноті науковців, засоби лікування і специфічної профілактики досі залишається нерозроблені. Єдиним ефективним способом боротьби з АЧС є рання діагностика з наступною ліквідацією джерел збудника хвороби. Збитки, завдані хворобою, складаються не лише з прямих витрат на ерадикацію епізоотії, а й серйозних обмежень у міжнародній торгівлі, що разом можуть сягати сотень мільйонів доларів [4, 5, 8, 9].

Тож, не дивлячись на те, що хвороба вражає лише свиней і є відносно безпечною для людини, поява АЧС, справедливо, може вважатися соціально-економічною катастрофою для країни. В цьому ми можемо переконатися безпосередньо й на прикладні нашої держави. З 2012 року на території України зареєстровано 200 випадків АЧС, при чому 52 із них – упродовж лише перших 3-х місяців 2017 р. Тож, епізоотія в країні щораз зростає і без прийняття ефективних та належних заходів з ліквідації загрожує втраті свинопоголів'я [10].

В основі ефективного стратегічного планування боротьби із захворюванням, лежить чітке розуміння особливостей збудника хвороби і механізмів його поширення. Для ізоляції джерела збудника інфекції, деконтамінації приміщень та об'єктів ветеринарного нагляду дуже важливо усвідомлювати основи мікробіологічних принципів існування та поведінки конкретного збудника в зовнішньому середовищі, *in vivo*, в продуктах тваринного походження, тощо [11].

З огляду на це, **метою роботи** було систематизувати та узагальнити дані наукової літератури щодо біологічних і молекулярно-генетичних особливостей збудника африканської чуми свиней.

Матеріали і методи досліджень. Дані українського ресурсу [asf.vet] та вітчизняної і зарубіжної наукової літератури (статті, монографії), нормативна документація.

Результати досліджень та їх обговорення. Тривалий час вірус АЧС відносили до родини *Iridoviridae,* що було пов'язано з наявністю ікосаедральної симетрії будови його капсиду. У 1984 році із накопичення інформації вірус було відокремлено в окрему родину *Asfarviridae*. Сьогодні, вірус АЧС є єдиним представником роду *Asfivirus* родини *Asfarviridae (*від перших букв *African swine fever and related viruses)* [6, 11, 12].

Вірус АЧС та представники родин *Iridoviridae, Poxviridae, Phycodnaviridae* і *Mimiviridae* мають цілий ряд подібних властивостей, завдяки чому складають групу, так званих, великих ядерноцитоплазматичних ДНК-вірусів (NCLDVs), що може свідчити про їхнє спільне походження [11, 13]. Нещодавно було запропоновано нову назву для суперсімейства цих вірусів – *Megavirales* [14].

Необхідно відзначити, що збудник АЧС – єдиний відомий ДНК-вмісний арбовірус (*arthropod borne virus*). М'які кліщі роду *Ornithodorous spp. (O. mubara* – в Африці, *O. erraticus* – в Європі, *O. puertoricensis* – в Карибському регіоні, на території США – *O. coriaceus, O. turiaca)* є біологічним вектором і резервуаром вірусу АЧС [15].

Вірус вражає домашніх та диких свиней, незалежно від породи, віку і статі. У разі інфікування, в домашніх свиней спостерігається гостра геморагічна інфекція з високою летальністю. Європейські дикі кабани (*Sus Scrofa*) сприйнятливі до цього збудника. Ознаки хвороби у них подібні до таких як і в домашніх свиней. У своїх природних господарів бородавочників (*Phacochoerus aethiopicus*), кистевухих або річкових свиней (*Potamochoerus porcus*) вірус АЧС викликає персистентну, але безсимптомну інфекцію [16, 17].

Тяжкість захворювання, швидкість і ступінь прояву клінічних ознак залежать як від властивостей ізоляту вірусу АЧС, визначених особливостями організації геному, так і від дози, шляхів зараження та індивідуальних особливостей інфікованих тварин.

Зараження відбувається в основному аліментарно, або контактно за сумісного утримання хворих свиней зі здоровими, меншою мірою – аерогенно. Інфікування відбувається також і через укуси заражених кліщів (трансмісивний шлях передачі). Однак, на території України, факт існування кліщів-резервуарів збудника поки що не підтверджений [9].

В організмі свиней збудник АЧС реплікується в моноцитах, макрофагах і ретикулоендотеліальних клітинах. Проте, не описана реплікація вірусу в Т- і В-лімфоцитах. Виявляють вірус в усіх органах і тканинах інфікованих свиней, однак, найвищі його титри відмічали в тканинах ретикулоедотеліальних елементів печінки, селезінки, кісткового мозоку. У крові, він з'являється за первинного підвищення температури і зберігається там у титрах 10^3–10^8 ГАд50/см^3 аж до загибелі тварини. За хронічного перебігу хвороби, титр вірусу в крові швидко знижується, віремія має переривчастий характер. Виділяється вірус з кров'ю, носовими екскретами, фекаліями, сечею, слиною заражених свиней і, ймовірно, з легень і з видихуваним повітрям вже на 2–4 добу після появи лихоманки [1, 2, 6].

Вірус АЧС стійкий у навколишньому середовищі, здатний витримувати висушування, заморожування та гниття. Збудник винятково стійкий як у кислому, так і в лужному середовищах (pH 4–13). Більшість дезінфікуючих речовин (креолін, лізол, 1,5%-ний р-н NaOH) не інактивують його. Вірус чутливий до хлоровмісних препаратів (5% розчин хлораміну, натрію та кальцію гіпохлориту, хлорне вапно з активністю 1–2% активного хлору) – інактивація упродовж 4 год, формальдегіду (4% розчин) – за 20–30 хв. Вірус інактивується за температури 60 °С протягом 30 хв, однак, зберігає свою інфекційність упродовж років за температури від 4 до 20 °С [3–5, 11, 12].

Структура вірусу. Віріони вірусу АЧС мають 20-гранну форму діаметром 175–215 нм, до їхнього складу входить щільний нуклеоїд діаметром 70–100 нм (містить дволанцюгову ДНК з молекулярною масою 10х10^7 Д),

оточений внутрішнім ліпідним шаром, ікосаедральним капсидом (d 170–190 нм) та зовнішньою ліпідопротеїновою оболонкою (рис. 1). Капсид має форму ікосаедру, що складається із 1892–2172 капсомерів (кожен капсомер має вигляд шестигранної призми діаметром 13 нм з отвором у центрі, міжкапсомерна відстань становить 7,4–8,1 нм). Між зовнішньою оболонкою та капсидом є електронно-прозорий шар [11, 12, 18]. Така будова збудника АЧС, як фізичного тіла «надмолекулярної» організації, є причиною його винятково високої стійкості до всякого роду інактивуючих факторів і тривалої збереженості в несприятливих умовах.

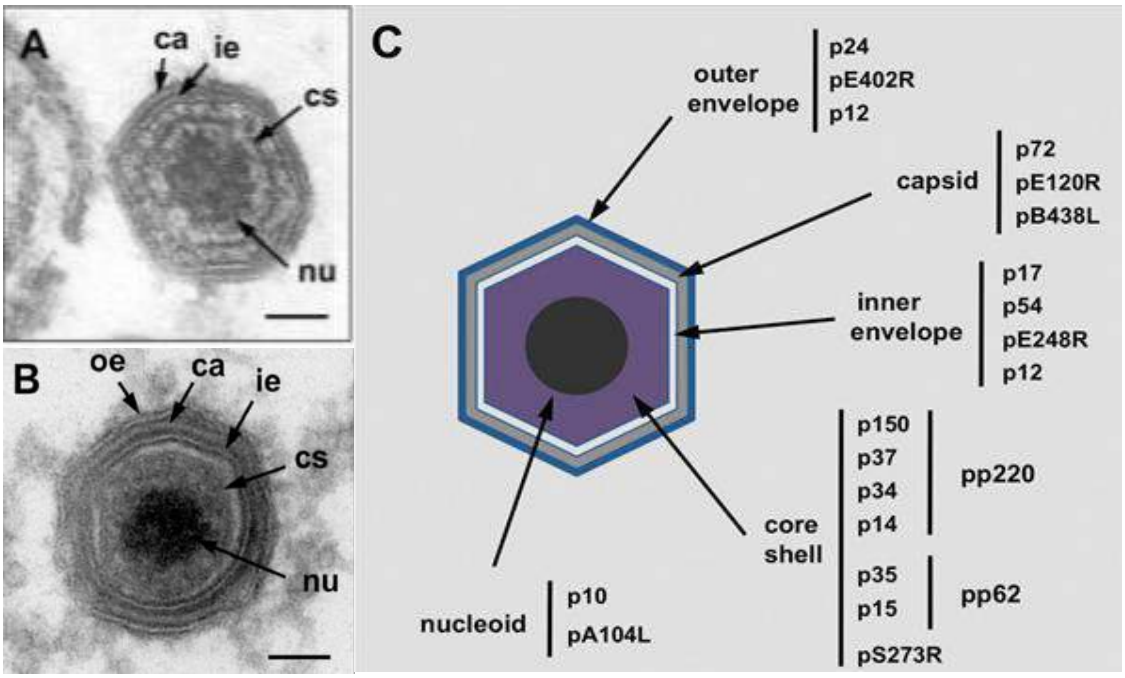

Рис. 1. Зображення вірусу АЧС: *A)* внутрішньоклітинний вірус АЧС; *B)* позаклітинний зрілий віріон АЧС: oe – зовнішня оболонка (*outer envelope),* ca – капсид (*capsid),* ie – внутрішня оболонка (*inner envelope),* cs – серцевинна оболонка (*core shell)* і nu – нуклеоїд (*nucleoid); 3)* схематичне зображення локалізації структурних білків вірусу АЧС [26].

У складі віріону виявлено більш ніж 50 білків, включаючи численні ферменти й фактори, необхідні для ранньої транскрипції мРНК і процесингу. Ферменти, що входять до складу капсиду, включають РНК-полімеразу, полі(А)-полімеразу, гуанілтрансферазу, протеїнкіназу тощо. ДНК-залежна РНК-полімераза розташована на периферії капсиду, а 21АТФ-гідролаза – між капсидом і нуклеоїдом. Також у віріонах міститься інгібітор апоптозу.

До складу зовнішньої (сеперкапсидної) оболонки, що формується у разі виходу (відбрунькування) віріону крізь плазматичну мембрану клітини, входять білки прикріплення p12 і вірусний гомолог макрофагального білка CD2v (EP402R), які спричиняють гемадсорбцію, а також протеїн клітинного походження p24. В отриманих негемадсорбуючих ізолятів вірусу АЧС ген EP402R відсутній.

Капсид збудника утворений переважно поліпептидами з молекулярними масами 72 та 37 кДа. Найважливішим компонентом капсомерів є протеїн p72, що кодується геном B646L і становить одну третю від маси протеїнів у вірусній частинці. Інший важливий компонент – протеїн pE120R, який бере участь у доставленні зрілих віріонів від клітинних фабрик збірки до плазматичної мембрани, що забезпечує вірусний екзоцитоз. Протеїн pB438L, ймовірно, бере участь у формуванні ікосаедричної форми капсиду [18].

Внутрішня ліпідна оболонка віріона включає в себе білки p17 (pD117L), які беруть активну участь у формуванні зрілих інфекційних частин ікосаедральної форми, p54, pE248R, а також білок прикріплення p12, який є і в складі зовнішньої оболонки віріону. Внутрішня оболонка формується під час відбрунькування від ендоплазматичного ретикулюму.

Білки віріону з молекулярною масою 220 кДа (pCP2475L) розщеплюються з отриманням чотирьох структурних протеїнів (P150, P37, P14 і P34), а білки з молекулярною масою 62 кДа (pCP530R) – двох структурних протиїнів (P35 і P15), які локалізуються в серцевинній оболонці, що являє собою щільний білковий шар товщиною 30 нм. ДНК зв'язуючі білки p10 (pA78R) і pA104R містяться у нуклеотиді віріону [12, 19].

Встановлено, що основними компонентами вірусного капсиду є білок p72, два структурних білка p30 (p32) і p54 та поліпротеїн pp62, які мають найкращі антигенні властивості, відповідають за індукцію антитіл у разі зараження. Проте, не зважаючи на високу цінність цих білків для серологічної діагностики АЧС, вони не є ефективними для формування специфічного імунітету [19, 20].

Вірус АЧС має складну антигенну структуру: він містить комплемент-зв'язуючі, преципітуючі та гемадсорбуючі антигени. Білки перших двох антигенів не схильні до мінливості і є подібними у всіх ізолятах вірусу, отриманих з різних географічних територій. Гемадсорбуючі антиген є типоспецифічними, так як суперкапсидні білки, що відповідають за здатність інфікованих культур клітин адсорбувати на своїй поверхні еритроцити, відрізняються значною варіабельністю. За результатами реакції затримки гемадсорбції (РЗГАд) виділено три антигенні групи: А, В і С. Встановлена також пряма кореляція між активністю реакції гемадсорбції та вірулентністю збудника африканської чуми, а також між титром вірусу в досліджуваному матеріалі і часом появи гемадсорбції на поверхні інфікованої культури клітин. Віруснейтралізуючі антитіла за цієї інфекції не утворюються [2].

В інфікованих вірусом АЧС клітинах виявлено близько 170 вірусоспецифічних білків (для прикладу, у збудника класичної чуми свиней лише 8 вірусоспецифічних білків), з яких 35 синтезуються до початку реплікації вірусної ДНК (ранні білки) і 71 – після реплікації ДНК (пізні білки) [9, 19].

Геном вірусу АЧС та його варіабельність. Геном збудника АЧС представлений дволанцюговою лінійною молекулою ДНК, розмір якої варіює від 170 до 190 т.п.н. Кінці ДНК ковалентно зв'язані й містять інвертовані

повторювані послідовності (завдовжки 2,1 т.п.н.), подібні до таких у ДНК поксвірусів [9].

До складу геному вірусу АЧС входить центральна, відносно консервативна ділянка, розміром 125 т.п.н. та варіабельні кінцеві ділянки. У центральній ділянці, між позиціями 51 915 і 174 351 п.н., локалізуються гени, що кодують білки реплікації ДНК, транскрипції РНК, а також структурні білки, білки модифікації й сорбції вірусних частинок (рис. 2). Центральна консервативна ділянка обмежена варіабельними лівим (близько 55 т.п.н.) і правим (близько 12 т.п.н.) кінцями, що містять гени мультигенних сімейств (MGF).

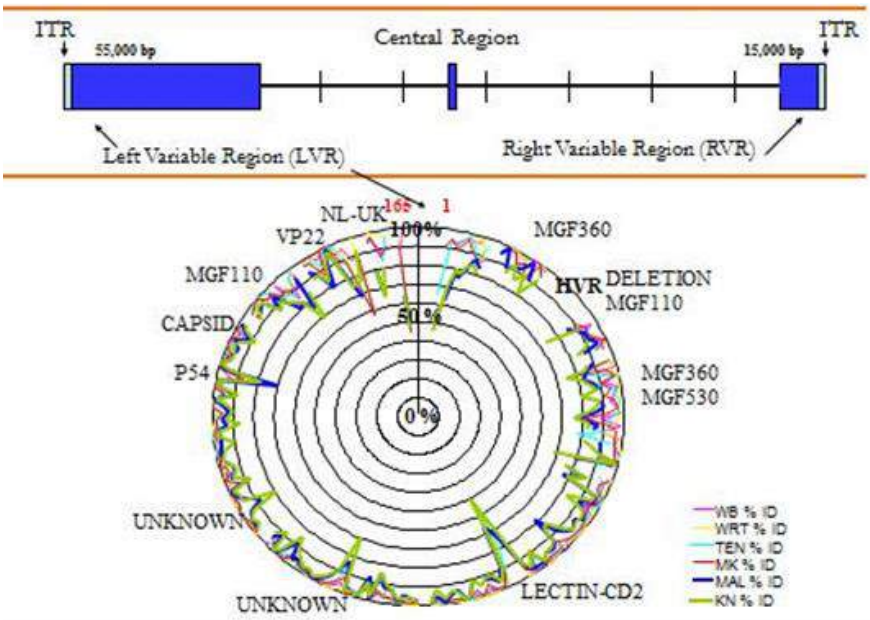

Рис. 2. Варіабельність геному вірусу АЧС [8].

ДНК АЧС містить 151–167 відкритих рамок зчитування (ORF), що кодують 54 структурних білка і близько 100 поліпептидів в інфікованій клітині-мішені, моноцитах і макрофагах. Під час порівняння геномів різних ізолятів виявлено, що 85–92 % закодованих білків – ідентичні. Найбільш варіабельні з них знаходяться в MGFs, що містять 31 рамку зчитування [12].

У ДНК вірусу АЧС виявлено п’ять різних мультигенних сімейств: MGF 110 і MGF 300 локалізуються у лівій кінцевій ділянці, MGF 100 – у правій, а MGF 360 і MGF 530/505 – в обох кінцях генома [12, 26].

Кінцеві ділянки геному в різних ізолятів вірусу АЧС сильно варіюють за розміром внаслідок гомологічних і негомологічних рекомбінацій, які призводять до делецій генів декількох мультигенних сімейств. Досить часто, втрата ділянок вірусного геному може супроводжуватися зниженням вірулентності.

В ході вивчення ізолятів MS16 і BA71V, адаптованих до культур клітин *MS* та *Vero* виявлено, що вони втрачають здатність до реплікації в культурах клітин макрофагів, викликаючи їхню загибель. Це пов’язано із втратою фрагменту, що містить гени MGF-360 і MGF-530, які кодують важливі для

виживання інфікованих макрофагів білки. Елімінація MGFs 530 та 360 призводить також і до зниження вірусної реплікації в кліщах [19, 21].

У цілому, ключові відмінності геномів вірусу АЧС різних генотипів пов'язані з композицією та розташуванням паралогів і ортологів MGF, з довжинами тандемних повторів, унікальних для генотипів, з інсерціями та делеціями, а також з кінцевими інвертованими повторами (ITR) [21]. Піки вказують на ділянки підвищеної мінливості геному й зазначені назви варіабельних генів і ділянок (рис. 2).

Генотипові особливості вірусу АЧС. Проведення філогенетичного та молекулярно-генетичного аналізу близьких за структурою генів дозволяє вивчати зв'язки між вірусами та їхнім розповсюдженням у просторі і часі. Тож визначення генотипів вірусу важливе, в першу чергу, з точки зору нозогеографії АЧС (походження, еволюція, джерело заносу та розповсюдження на неендемічних територіях). Нині, із застосуванням методів молекулярної діагностики можливо, навіть, визначити ймовірне джерело збудника інфекції (кліщ, домашні і диків свині, тощо) і територію походження [22, 23].

Нещодавно проведений повний сіквенс геному близько 16 ізолятів вірусу АЧС [24]. Зокрема, відомі повні нуклеотидні послідовності ізоляту Ba71V, отриманого з культури тканин (ASFV-Ba71V) і ряду польових ізолятів з Європи та Африки. Варто зазначити, що стандартно номенклатура ізоляту вірусу АЧС складається з назви міста або країни, де було вперше отримано ізолят, і останніх двох цифр року його отримання (наприклад, Lisbon'60, DR'78) [3].

Для генотипування вірусу АЧС достатньо проводити сіквенс та аналіз кількох консервативних ділянок геному (С-термінального кінця гену B646L, центральної варіабельної ділянки (CVR) в гені B602L або E183L, що кодує білок p54) [3, 24]. На основі порівняльного аналізу нуклеотидних послідовностей С-термінального кінця гену B646L, що кодує головний капсидний білок p72, виявлено 23 генотипи цього вірусу [24, 25]. Секвенування гену p54 визнано цінним додатковим методом генотипування для проведення молекулярних епідеміоголічних досліджень. Для більш детальної ідентифікації близькоспоріднених ізолятів і визначення вірусної підгрупи в межах 23 генотипів, також проводять аналіз послідовності центральної варіабельної ділянки (CVR) в межах гену B602L, що визнана найбільш змінним локусом [4].

Вся сукупність, відомих на сьогодні генотипів вірусу, географічно сконцентрована в первинному нозоареалі АЧС – на Африканському континенті (рис. 3). Слід зауважити, що у західній і центральній частинах Африки, від Намібії до Конго та Сенегалу, циркулює вірус I генотипу з високою гомогенністю. У південно-східній Африці, від Ефіопії до Південної Африки, сконцентровано всі 23 генотипи вірусу АЧС. Замбія є особливо багатою на різні генотипи країною, де ідентифікується сім генотипів. За нею слідують: Південна Африка – шість, Мозамбік – чотири, Малаві і Танзанія – по три у кожній, Кенія та Уганда – по два генотипи [22, 28]. В Ефіопії нещодавно було ідентифіковано новий (XXIII) генотип вірусу АЧС. Він має спільного попередника з

генотипами IX і X, що циркулюють у країнах східної Африки і Республіці Конго [25].

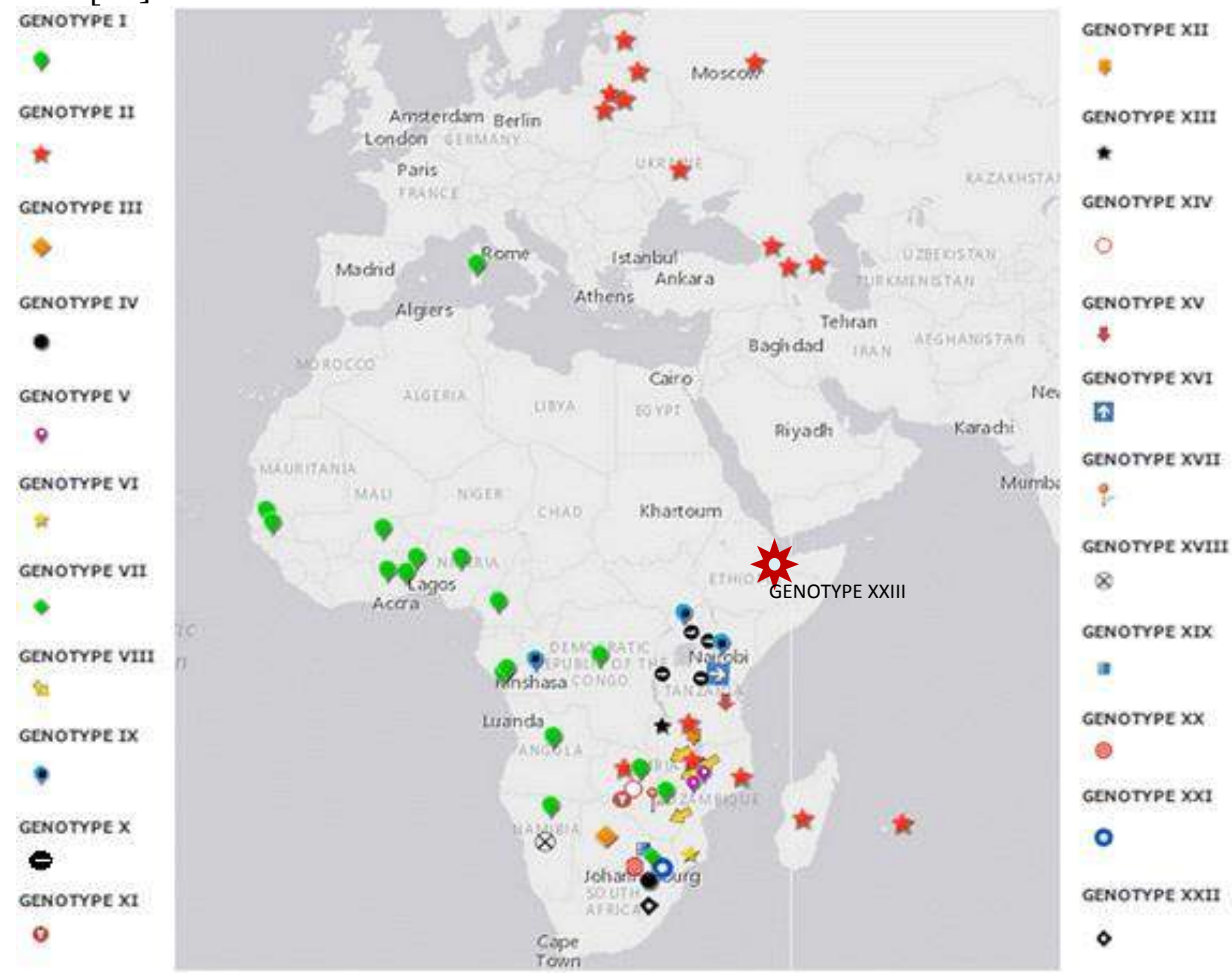

Рис. 3. Розповсюдження генотипів вірусу АЧС на африканському та євразійському континентах (2007–2017 рр.).

У цілому, за аналізом карти з розповсюдження генотипів, останні можна розподілити умовно на ті, що характерні конкретній території країни (V, VI, IX, XI, XIII, XIV, XV і XVI) та ті, що не обмежуються національними кордонами (I, II, V, VIII, X і XII).

Поза межами Африканського континенту до 2007 р. тільки вірус I генотипу циркулював у країнах Європи, Америки та Карибського басейну, не піддаючись генотиповій мінливості. У 2007–2017 рр. вірус АЧС II генотипу стрімко поширився країнами Східної Європи, починаючи з Грузії та Вірменії (2007–2008 рр.). Згодом через південну та центральну частини Російської Федерації (2008–2011 рр.) – в Україну й Білорусь (2012–2013 рр.), далі – у Польщу та країни Балтії (2014–2015 рр.) [7, 26].

Завдяки детальному молекулярно-генетичному аналізу вдалося встановити, що причиною концентрування в південно-східній Африці такого різноманіття генотипів вірусу АЧС та їхня інтенсивна мінливість є природне пасажування вірусу в африканських кліщах *O. moubata*. Ізоляти з природно-вогнищевих джерел «бородавочник↔кліщ» мають епізоотично значущі

геномні відмінності (зокрема, додаткові, специфічні послідовності в лівій термінальній ділянці геному, що кодують «фактор вибору спектру господарів» (*Host range determinant*), необхідний для почергового розмноження в організмах кліщів і бородавочників. В ізолятах, отриманих від домашніх свиней, цей фактор відсутній [27]. Диверсифікація вірусу, шляхом природного пасажування, забезпечує непреривність селекційного процесу, його мікроеволюцію, ймовірність нескінченного утворення нових генотипів і серотипів.

Природні та лабораторні ізоляти вірусу АЧС також розподіляються за вірулентністю на високовірулентні, вірулентні та слабовірулентні – з летальністю, відповідно 90–100 %, 50–80 % і 0 % [29]. Існування високо- і низькопатогенних варіантів знижує вірулентність природних популяцій збудника АЧС, а наявність низькочутливих до вірусу тварин – зумовлює його персистенцію в умовах, коли вони є єдиним природними резервуарами для вірусу.

Російській вчені повідомляють і про існування восьми різних серогруп, або сероімунотипів, які були встановлені шляхом дослідження 32 ізолятів АЧС за допомогою аналізу інгібування гемадсорбції з референтною імунною антисироваткою щодо АЧС [26].

Висновки та перспективи подальших досліджень. Збудник АЧС – унікальний вірус, що характеризується надзвичайно складною організацією, як у структурному, так і функціональному відношенні, з наявністю ефективних механізмів підтримки гетерогенності природних популяцій.

У зв’язку з високою мінливістю вірусу, існує гостра необхідність у детальнішому вивченні його молекулярно-генетичних характеристик, особливостей взаємодії з макроорганізмом, що дасть можливість визначати походження ізолятів, удосконалювати діагностику АЧС і заходи боротьби, та в майбутньому розробити засоби специфічної профілактики.

СПИСОК ЛІТЕРАТУРИ

1. Барышников П.И. Ветеринарная вирусология: учебное пособие / П.И. Барышников // Барнаул: Изд-во АГАУ: 2006. – 113 с.

2. Вірусні інфекції людини та тварин: епідеміологія, патогенез, особливості противірусного імунітету, терапія та профілактика / О.М. Андрійчук, Г. В. Коротєєва, О. В. Молчанець та ін. – К.: 2012. – с. 484.

3. African swine fever. Retrieved from: http://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Animal_Health_in_the_World/docs/pdf/Disease_cards/AFRICAN_SWINE_FEVER.pdf.

4. African swine fever. OIE Terrestrial Manual, Chapter 2.8.1. – 2008. – P. 1069–1082 – Retrieved from: http://web.oie.int/eng/normes/MMANUAL/2008/pdf/2.08.01_ASF.pdf.

5. Інструкція щодо профілактики та боротьби з африканською чумою свиней, затверджена Міністерством аграрної політики та продовольства України 05.03.2014 № 81 [Електронний ресурс] – Режим доступа: http://zakon2.rada.gov.ua/laws/show/z0363-14.

6. Корнієнко Л.Є. Африканська чума свиней: історичні аспекти, сучасна епізоотична ситуація в світі й в Україні, імунітет та перспективи вакцинопрофілактики / Л.Є. Корнієнко // Науковий вісник ветеринарної медицини. – Вип.14 (114). – 2014.– С. 5–12.

7. Ситюк М. П. Історичні та епізоотологічні аспекти африканської чуми свиней / М. П. Ситюк, А. Ф. Ображей // Ветеринарна медицина України. – 2012. – 1 (191). – С. 9–12.

8. Диагностика африканской чумы свиней в Российской Федерации / Т. В. Гребенникова, А. Д. Забережный, Т.И. Алипер и др. // Вопросы вирусологии. – № 51. – 2013. – С. 64–79.

9. Стегній Б.Т. Ризики занесення африканської чуми свиней в Україну / Б.Т. Стегній, А.І. Бузун, М.В. Мартиненко // Вісник аграрної науки. – 2012 р. – № 7. – С. 37–42.

10. Випадки АЧС в Україні з 2012 року. [Електронний ресурс] / http://www.asf.vet.ua/index.php/purpose-project/about-asf/198-vypadky-achs-v-ukraini-z-2012-roku.

11. Макаров В.В. Вирус африканской чумы свиней / В.В. Макаров // Ветеринарная патология. – № 2. – 2012. – С. 7–13.

12. Asfarviridae / Haru Takamatsu, Carlos Martins, Jose M. Escribano, et all // Virus Taxonomy. Oxford: Elsevier. – 2011. – P. 153–162.

13. Evolutionary genomics of nucleo-cytoplasmic large DNA viruses / L.M. Iyer, S. Balaji, E.V. Koonin, L. Aravind // Virus Research, 117(1). 2006. – P. 156–184.

14. Megavirales, a proposed new order for eukaryotic nucleocytoplasmic large DNA viruses / P. Colson [et al.] // Archives of Virology. –Vol. 158, № 12. – 2013. – P. 2517–2521.

15. African swine fever virus. Brief review / R.C.Wardley, M.A.C. Black, D.N. de Castro Portugal et al. // Arch Virol 76. – 1983. – P. 73–90.

16. Epidemiology of African swine fever virus / S. Costard, L. Mur, J. Lubroth et all // Virus Research. – 2013. – P.173–198.

17. Jori F. Role of Wild Suids in the Epidemiology of African Swine Fever / F. Jori, A.D. Bastos // Ecohealth 6 (2). – 2009. – P. 296–310.

18. Salas M.L. African swine fever virus morphogenesis / M.L. Salas, G., Andrés G. // Virus Res. – 2013. – Vol. 173(1). – P. 29–41.

19. Середа А. Д. Белки вируса африканской чумы свиней / А. Д. Середа // КубГАУ. – 2012. – № 77 (03). – 17 с.

20. Neutralizing antibodies to African swine fever virus proteins p30, p54, and p72 are not sufficient for antibody-mediated protection / J.G. Neilan, L. Zsak, Z. Lu et all // Virology. – 2004. – Vol. 319 (2). – P.337–341.

21. African swine fever virus replication and genomics / L.K. Dixon, D.A. Chapman, C .L. Netherton, C. Upton // Virus Res. – 2013. – Vol. 173 (1). – P. 3–14.

22. Molecular epidemiology of African swine fever in East Africa / B.A. Lubisi, A.D. Bastos, R.M. Dwarka, W. Vosloo // Arch Virol 150. – 2005. – P. 2439–2452.

23. Molecular diagnosis and epidemiology of African swine fever outbreaks in Tanzania / P.N. Wambura, J. Masambu, H. Msami et al. // Veterinary Research Communications. – Vol. 30. – 2006. – P. 667–672.

24. African swine fever: a global view of the current challenge / C. Gallardo, A.T. Reoyo, J. Fernández-Pinero, et all // Porcine Health Management – 2015. – 14 p.

25. Identification of a New Genotype of African Swine Fever Virus in Domestic Pigs from Ethiopia / J.E. Achenbach, C. Gallardo, E. Nieto-Pelegrín, et all // Transbound Emerg Dis. – 2016. – 12 p.

26. Comparative analysis of African swine fever virus genotypes and serogroups / A. Malogolovkin, G. Burmakina, I. Titov, et all // Emerg Infect Dis. – 2015. – Vol. 21(2). – P. 312–317.

27. Макаров В.В. Эпизоотологическая характеристика вируса африканской чумы свиней / В.В. Макаров, О.И. Сухарев, И.В. Цветнова // Ветеринарная Практика. – № 1 (60). – 2013. – С. 6–16.

27. Genetic characterization of African swine fever viruses from outbreaks in south Africa (1973-1999) / C.I. Boshoff, A.D.S. Bastos, L.J. Gerber and W. Vosloo // Vet. Microbiol. – 2007. – Vol. 121. – P. 45–55.

29. African swine fever virus / E.R. Tulman, G.A. Delhon, B.K. Ku, D.L. Rock // Current Topics in Microbiology and Immunology. – 2009. – Vol. 328. – P. 43–87.

ОСОБЕННОСТИ ВОЗБУДИТЕЛЯ АФРИКАНСКОЙ ЧУМЫ СВИНЕЙ / Мандыгра С.С., Музыкина Л.М., Сытюк Н.П., Коваленко А.А, Галка И.В., Нычик С.А.

В статье рассмотрены основные биологические и молекулярно-генетические характеристики вируса африканской чумы свиней. Приведены современные данные о морфологическом строении, таксономической принадлежности вируса, его физических свойств. Указанные основные причины высокой степени вариабельности возбудителя АЧС, что является гетерогенной популяцией, состоящей из клонов. Последние отличаются по показателям гемадсорбции, антигенности, инфекционности и вирулентности.

Возбудитель АЧС является уникальным вирусом, характеризующимся чрезвычайно сложной организацией, как в структурном, так и функциональном отношении, и высокой вариабельностью.

Ключевые слова: *африканская чума свиней (АЧС), вирус АЧС, молекулярно-генетическая характеристика.*

FEATURES OF AFRICAN SWINE FEVER PATHOGEN / Mandygra S.S, Muzykina L.M., Sytjuk M.P., Kovalenko G.A., Halka I.V., Nychyk S.A.

Introduction. *African swine fever (ASF) epidemic in Ukraine is growing increasingly and without effective and appropriate measures can lead to loss of pig population. The full knowledge of the causative agent and the mechanisms of its distribution is the key of effective disease eradication.*

The goal of the work *is systematization and summarization the current information obtained from scientific literature concerning biological, molecular and genetic features of ASF virus (ASFV).*

Materials and methods. *Data obtained from national and foreign scientific literature.*

Results of research and discussion. *ASFV is the only member of the Asfarviridae family, genus Asfivirus and the only known DNA arbovirus. ASFV infects domestic and wild pigs causing disease with clinical signs, but in warthogs and bushpigs – an asymptomatic infection.*

It is a large, icosahedral, double-stranded DNA virus with a complex molecular structure. It contains a conserved central region and the left and right variable ends where five multigene families (MGF) locates. The differences in genome length are largely due to the gain or loss of members of the MGF.

Twenty-three different genotypes of ASFV are known today and all of them located in East and South African countries, while genotype I is predominant in West and Central Africa. Outside Africa only two genotypes were isolated: till 2007 genotype I was found in Europe, America, and the Caribbean; from 2007 till now genotype II spread in Eastern European countries.

Such variety of ASFV genotypes and their huge variability in Africa is probably due to the natural virus passage through the soft ticks. The isolates from this area have significant genomic differences.

Conclusions and prospects for further research. *The causative agent of ASF is a unique virus, characterized by an extremely complex organization both structurally and functionally, with the presence of the effective mechanisms of heterogeneity support in its natural populations.*

Due to the high virus variability, there is a critical need to study in details its molecular and genetic characteristics and immune response to ASFV infection. It will allow improving the ASF diagnostic and vaccine development in the future.

Keywords: *African swine fever (ASF), ASF virus, molecular and genetic characteristics.*

REFERENCES

1. Baryshnikov, P.I. (2006). *Veterinarnaya virusologiya: uchebnoe posobie [Veterinary virology]*. Barnaul, Izd-vo AGAU., 113 p. [in Russian].

2. Andriichuk, O. M., Korotieieva, H. V., Molchanets, O. V. & Kharina, A. V. (2012). *Virusni infektsii liudyny ta tvaryn: epidemiolohiia, patohenez, osoblyvosti protyvirusnoho*

imunitetu, terapiia ta profilaktyka. [Viral infections of humans and animals: epidemiology, pathogenesis, immunity features, therapy and prevention]. Kyiv [in Ukrainian].

3. African swine fever. Retrieved from: http://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Animal_Health_in_the_World/docs/pdf/Disease_cards/AFRICAN_SWINE_FEVER.pdf.

4. African swine fever (2008). OIE Terrestrial Manual, Chapter 2.8.1., 1069–1082. Retrieved from: http://web.oie.int/eng/normes/MMANUAL/2008/pdf/2.08.01_ASF.pdf.

5. Instrukciya shhodo profilaktyky ta borotby z afry`kanskoyu chumoyu svynej, zatverdzhena Ministerstvom agrarnoyi polityky ta prodovolstva Ukrayiny [Prevention and recovery of african swine fever, approved by Ministry of Agrarian Policy and Food of Ukraine]. *Regulations*. 05.03.2014 № 81. Retrieved from: http://zakon2.rada.gov.ua/laws/show/z0363-14 [in Ukrainian].

6. Korniienko, L.Ie. (2014). Afrykanska chuma svynei: istorychni aspekty, suchasna epizootychna sytuatsiia v sviti y v Ukraini, imunitet ta perspektyvy vaktsynoprofilaktyky [African swine fever: historical aspects, current epizootic situation in the world and in Ukraine and prospects for vaccine immunity]. *Naukovyi visnyk veterynarnoi medytsyny – Scientific Journal of Veterinary Medicine, Vol. 14 (114),* 5-12 [in Ukrainian].

7. Sytiuk, M.P. & Obrazhei, A.F. (2012). Istorychni ta epizootolohichni aspekty afrykanskoi chumy svynei [Historical and epizootological aspects of African swine fever]. *Veterynarna medytsyna Ukrainy – Veterinary medicine of Ukraine., 1 (191),* 9-12 [in Ukrainian].

8. Grebennikova, T.V., Zaberezhny, A.D., Aliper, T.I., Verkhovsky, O.A. & Nepoklonov, E.A. (2013). Diagnostika afrikanskoj chumy svinej v Rossijskoj Federacii [Diagnostics of african swine fever in Russian Federation]. *Voprosy virusologii – Virology issues, 51,* 64-79 [in Russian].

9. Stehnii, B.T., Buzun, A.I. & Martynenko, M.V. (2012). Ryzyky zanesennia afrykanskoi chumy svynei v Ukrainu [Risks of African swine fever in Ukraine]. *Visnyk ahrarnoi nauky – Bulletin of Agricultural Science*, 37-42 [in Ukrainian].

10. Vypadky ACS v Ukraini z 2012 roku [The cases of ASF in Ukraine in 2012]. Retrieved from: http://www.asf.vet.ua/index.php/purpose-project/about-asf/198-vypadky-achs-v-ukraini-z-2012-roku.

11. Makarov, V. V. (2012). Virus africanskoi chumy sviniei [Virus of African swine fever]. *Veterinarnaia patologia – Veterinary pathology, 2,* 7-13 [in Russian].

12. Haru, Takamatsu, Carlos, Martins, Jose, M. Escribano, Covadonga, Alonso, Linda, K. Dixon, María, L. Salas & Yolanda Revilla (2011). Asfarviridae. *Virus Taxonomy*. Oxford: Elsevier, 153-162.

13. Iyer, L. M, Balaji, S., Koonin, E. V. & Aravind, L. (2006). Evolutionary genomics of nucleo-cytoplasmic large DNA viruses. *Virus Research, Vol. 117(1),* 156–-184.

14. Colson, P. et al. (2013). Megavirales, a proposed new order for eukaryotic nucleocytoplasmic large DNA viruses. *Archives of Virology, Vol. 158, 12*, 2517-2521.

15. Wardley, R.C., de M.A.C., Black, D.N., de Castro Portugal, F.L., Enjuanes, L. et al. (1983). African swine fever virus. Brief review. *Arch Virol*, *76*, 73-90.

16. Costard, S., Mur, L., Lubroth, J., Sanchez-Vizcaino, J. M. & Pfeiffer, D. U. (2013). Epidemiology of African swine fever virus. *Virus Res., Vol. 173,* 191-197.

17. Jori, F. & Bastos, A. D. (2009). Role of Wild Suids in the Epidemiology of African Swine Fever. *Ecohealth*, 6 (2), 296-310.

18. Salas, M. L. & Andrés, G. (2013). African swine fever virus morphogenesis. *Virus Res., Vol. 173 (1),* 29-41.

19. Sereda, A. D. (2012). Belki virusa africanskoi chumy svinei [Proteins of african swine fever virus]. *KubHAU, 77 (03)* [in Russian].

20. Neilan, J.G, Zsak, L., Lu, Z., Burrage, T.G., Kutish, G.F. & Rock D.L. (2004). Neutralizing antibodies to African swine fever virus proteins p30, p54, and p72 are not sufficient for antibody-mediated protection. *Virology, 319 (2),* 337-341.

21. Dixon, L. K., Chapman, D. A., Netherton, C. L. & Upton, C. (2013). African swine fever virus replication and genomics. *Virus Res., Vol. 173 (1),* 3-14.

22. Lubisi, B.A., Bastos, A.D., Dwarka, R.M. & Vosloo, W. (2005). Molecular epidemiology of African swine fever in East Africa. *Arch. Virol. 150*, 2439-2452.

23. Wambura, P.N., Masambu, J. & Msami, H. et al. (2006). Molecular diagnosis and epidemiology of African swine fever outbreaks in Tanzania. *Veterinary Research Communications, 30,* 667-672.

24. Gallardo, C., Reoyo, A.T., Fernández-Pinero, J., Iglesias, I., Muñoz, J., & Arias, L. (2015). African swine fever: a global view of the current challenge. *Porcine Health Management, 1*, 14 p.

25. Achenbach, J. E., Gallardo, C., Nieto-Pelegrín, E. & Rivera-Arroyo, B. et al. (2016). Identification of a New Genotype of African Swine Fever Virus in Domestic Pigs from Ethiopia. *Transbound Emerg Dis*., 12 p.

26. Malogolovkin, A., Burmakina, G., Titov, I., Sereda, A., Gogin, A. & Baryshnikova, E., et al. (2015). Comparative analysis of African swine fever virus genotypes and serogroups. *Emerg Infect Dis*., *21 (2),* 312-317.

27. Makarov, V.V., Sukharev, O.I. & Tzvetnova, I.V. (2013). Epizootologicheskaya kharakteristika virusa afrikanskoy chumy sviney [Epizootological characteristics of african swine fever virus]. *Veterinarnaya Praktika – Veterinary Practices, 1(60),* 6–16 [in Russian].

28. Boshoff, C.I., Bastos, A.D.S., Gerber, L.J. & Vosloo, W. (2007). Genetic characterization of African swine fever viruses from outbreaks in south Africa (1973-1999). *Vet. Microbiol*., *121,* 45-55.

29. Tulman, E.R., Delhon, G.A., Ku, B.K. & Rock, D.L. (2009). African swine fever virus. *Current Topics in Microbiology and Immunology, 328,* 43-87.

УДК 619:616.98:578.824.11:616-036.22

НІКІТОВА А.П., канд. вет. наук, e-mail: ms.mala@ya.ru,
ПОЛУПАН І.М., канд. вет. наук, e-mail: vetmedic@ukr.net
Інститут ветеринарної медицини НААН
ЛИНОК А.П.*, e-mail: linokanastasia@gmai.com,
МАРТИНЮК О.Г., канд. вет. наук, доцент, e-mail: sandr70@gmail.com,
НЕДОСЄКОВ В.В., д-р вет. наук, проф., e-mail: nedosekov1@rambler.ru
Національний університет біоресурсів і природокористування України

СПЕЦИФІЧНА ПРОФІЛАКТИКА СКАЗУ В ДОМАШНІХ І СІЛЬСЬКОГОСПОДАРСЬКИХ ТВАРИН

У статті викладено результати дослідження динаміки формування специфічних рабічних антитіл на прикладі домашніх м'ясоїдних та продуктивних тваринах.

Встановлено період утворення поствакцинального імунітету, а також вплив ко-інфікування на утворення антитіл до вірусу сказу. При дослідженні сироваток крові ВРХ встановлено, що у тварин, які на момент щеплення були серопозитивними на лептоспіроз ступінь антирабічного захисту був значно нижчий, ніж у серонегативних тварин.

Проведено порівняльний аналіз отриманих нами результатів дослідження та закордонних вчених, які логічно погоджуються між собою.

* Магістр, наук. керівник – канд. вет. наук, доцент **Мартинюк О.Г.**