

УДК: 68.41.41

DOI: 10.12345/22266070_2021_2_3

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ ВОЗБУДИТЕЛЯ БРУЦЕЛЛЕЗА, ЦИРКУЛИРУЮЩЕГО НА ТЕРРИТОРИИ РК

Даугалиева А.Т. – кандидат ветеринарных наук, старший научный сотрудник, ТОО «Научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства», г. Алматы
Мусаева А.К. – доктор биологических наук, ассоциированный профессор, главный научный сотрудник, ТОО «Казахский научно-исследовательский ветеринарный институт», г. Алматы
Айтқұлова А. – докторант, Казахский Национальный Аграрный Исследовательский Университет, г. Алматы

В данной статье приведены результаты молекулярно-генетических исследований крупного и мелкого рогатого скота большого бруцеллезом. Для детекции и идентификации бруцелл, лабораторного подтверждения диагноза бруцеллеза мелкого рогатого скота использовали молекулярно-генетический метод исследования – полимеразно-цепную реакцию (ПЦР). Проводили экспертизу патологического материала абортировавшихся плодов овец с целью выделения возбудителя бруцеллеза; методом ПЦР проводили идентификацию выделенных культур до рода *Brucella* spp.; затем методом ПЦР проводили дифференциацию выделенных культур бруцелл до вида *Brucella melitensis*. С помощью постановки полимеразной цепной реакции, установили вид всех 3 тестируемых полевых изолятов бруцелл – *B. melitensis*. Для оценки генетического разнообразия циркулирующих штаммов *Brucella* в Казахстане, выделенных от животных с Западно-Казахстанской области, применяли MLVA-16 локусный анализ переменных чисел tandemных повторов. 7 штаммов *B. abortus* были выделены от крупного рогатого скота, эти штаммы сгруппированы в 2 генотипа и генетически отличались от штаммов, циркулирующих на территории Казахстана. Изоляты *B. melitensis* были выделены от двух овец, которые показали 3-ий генотип, генетически схожий с распространенными в Южных регионах Казахстана генотипами.

Ключевые слова: бруцелла, идентификация, полимеразно-цепная реакция, фрагментный анализ, генотипирование.

ҚР АЙМАҒЫНДА КЕЗДЕЗКЕН БРУЦЕЛЛЕЗ ҚОЗДЫРУШЫСЫН МОЛЕКУЛАЛЫҚ-ГЕНЕТИКАЛЫҚ ЗЕРТТЕУ

Даугалиева А.Т. – ветеринария ғылымдарының кандидаты, «Мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми-зерттеу институты» ЖШС аға ғылыми қызметкері, Алматы қ.
Мусаева А.К. – биология ғылымдарының докторы, қауымдастырылған профессор, «Қазақ ғылыми-зерттеу ветеринария институты» ЖШС бас ғылыми қызметкері, Алматы қ.
Айтқұлова А. – Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университетінің докторанты, Алматы қ.

Бұл мақалада бруцеллез ауруымен ауыратын ірі қара мал мен ұсақ малдың молекулалық-генетикалық зерттеу нәтижелері келтірілген. Ұсақ мүйізді малдарда бруцеллез диагнозын зертханалық растау және бруцеллез қоздырушысын анықтау, идентификациялау үшін молекулалық-генетикалық зерттеу әдісі – полимеразды тізбекті реакция (ПТР) қолданылды. Бруцеллез қоздырғышын оқшаулау мақсатында іш тастаған қой түсіктерінен алынған патологиялық материалдарға сараптама жүргізілді; бөлініп алынған қоздырушыны *Brucella* spp түріне сәйкестендіру ПТР арқылы жүзеге асырылды; содан кейін ПТР арқылы оқшауланған бруцелла өсіні *Brucella melitensis* түріне жатқызылды. Полимеразды тізбекті реакция көмегімен бруцеллалардың барлық тексерілген далалық изоляттарының түрлері – *B. melitensis* – белгіленді. Батыс Қазақстан облысы жануарларынан оқшауланған және Қазақстан аймағындағы бруцелла штамдарының генетикалық әртүрлілігін бағалау үшін тандемді қайталауларының айнымалы сандарына MLVA-16 локус-анализі қолданылды. Ірі қара малдан *B. abortus* 7 штаммы бөлініп алынды, бұл штамдар 2 генотипке топтастырылған және генетикалық жағынан Қазақстандағы айналымнан ерекшеленеді. *B. melitensis* изоляттары 2 қойдан бөлініп алынды, генетикалық жағынан Қазақстанның оңтүстік аймақтарында кең таралған генотиптерге ұқсас 3-ші генотипті көрсетті.

Түйінді сөздер: бруцелла, идентификация, полимеразды тізбекті реакция, фрагментті талдау, генотиптеу.

MOLECULAR-GENETIC STUDY OF THE AGENT OF BRUCELLOSIS CIRCULATING IN THE TERRITORY OF RK

Daugaliyeva A.T. – candidate of Veterinary Sciences, Senior Researcher, LLP «Kazakh Research Institute for Livestock and Fodder Production», Almaty

Musaeva A.K. – doctor of Biological Sciences, Associate Professor, Chief Researcher, Kazakh Research Veterinary Institute LLP, Almaty

Aytkulova A. – doctoral student, Kazakh National Agrarian Research University, Almaty

*This article presents the results of molecular genetic studies of cattle and small ruminants with brucellosis disease. For the detection and identification of brucella, laboratory confirmation of the diagnosis of brucellosis in small ruminants, a molecular genetic research method - polymerase chain reaction (PCR) – was used. An examination of the pathological material of aborted sheep fetuses was carried out in order to isolate the causative agent of brucellosis; identification of the isolated cultures to the genus *Brucella* spp was carried out by PCR; Then, by PCR, the isolated *Brucella* cultures were differentiated to the species *Brucella melitensis*. With the help of the polymerase chain reaction, the species of all 3 tested field isolates of brucella – *B. melitensis* – was established. To assess the genetic diversity of circulating *Brucella* strains in Kazakhstan, isolated from animals from the West Kazakhstan region, MLVA-16 locus analysis of variable numbers of tandem repeats was used. 7 strains of *B. abortus* were isolated from cattle, these strains are grouped into 2 genotypes and are genetically different from the strains circulating in Kazakhstan. *B. melitensis* isolates were isolated from 2 sheep, showed the 3rd genotype, which is genetically similar to the genotypes common in the southern regions of Kazakhstan.*

Key words: brucella, identification, polymerase chain reaction, fragment analysis, genotyping.

Введение. Бруцеллез до настоящего времени является одним из наиболее распространённых зоонозных инфекционных заболеваний, особенно в регионах с интенсивно развитым животноводством, каким является Республика Казахстан. Значительное распространение бруцеллёза среди животных в республике диктует необходимость использования эффективных методов диагностики данной инфекции. При выделении культуры бруцелл бактериологическим методом, в первую очередь необходимо их идентифицировать, для чего используются различные методы. Таксономическая характеристика бруцелл, помимо морфологических, культуральных, метаболических и серологических свойств возбудителя, включает также биохимические и генетические показатели.

Все вышеперечисленные методы весьма трудоёмки, требуют значительного количества средств и времени, кроме того, некоторые из них недостаточно специфичны, что требует проведения комплексных исследований [1, с.24].

Разные роды и виды возбудителей инфекционных болезней животных имеют различные последовательности нуклеотидов в цепи ДНК. В настоящее время для детекции и идентификации бруцелл и лабораторного подтверждения диагноза используются молекулярно-генетический метод исследования, в частности, полимеразная цепная реакция (ПЦР), позволяющий в короткие сроки (в течение рабочего дня) определить бруцеллы до рода и вида. ПЦР является высокоспецифичным и чувствительным методом, превосходящим по эффективности бактериологический и классические серологические тесты при диагностике бруцеллёза у людей и у сельскохозяйственных животных. Известно, что ПЦР позволяет выявить бруцелл на более ранних стадиях болезни, в течение первой недели после заражения. Методы на основе ПЦР доказали свою надёжность в обнаружении бруцелл в самых разных материалах, в том числе в крови и молоке крупного и мелкого рогатого скота, сыре, органах животных, зараженных естественным путём, чистой культуре и всевозможных других материалах [2, с.63].

Целью данного исследования был анализ штаммов, выделенных из регионов республики с высокой распространённостью бруцеллёза.

Задачи исследования.

Провести молекулярно-генетическую идентификацию штаммов бруцелл, выделенных от сельскохозяйственных животных из Западно-Казахстанской области до рода и вида при помощи ПЦР.

Провести молекулярно-генетическую идентификацию штаммов бруцелл, выделенных сельскохозяйственных животных из Западно-Казахстанской области до генотипа, с целью определения их происхождения при помощи мультислокусного анализа.

Материалы и методы исследования. Из патологического материала абортплодов от 3 овцематок из Жамбылской области (с/о Мерке) были выделены 3 культуры бруцелл в 2020 году. 7 штаммов *B. abortus* были выделены от КРС в 5 районах ЗКО (с/о Жангала, с/о Кызылоба, с/о Маштексай Жангалинского р-на, 3 штамма с/о Мерей Таскалинского р-на, с/о Сайхин Бокейординского р-на) в 2020 году. Изоляты *B. melitensis* были выделены от овец из 2 населенных пунктов, расположенных в

ЗКО (с/о Коскуль Каратобинского р-на и с/о Бударино Акжаикского р-на) в 2020 году. Бактериологическое исследование и идентификацию бруцелл проводили в соответствии с дифференциальной таблицей тестов, предложенной ФАО/ВОЗ [3, с.155].

ПЦР-анализ проводился согласно наставлению Всероссийского Государственного научно-исследовательского института контроля, стандартизации и сертификации ветеринарных препаратов, центрального научно-исследовательского института эпидемиологии (ТУ 9388-187-00494189-99), с использованием тест-системы «БРУ-КОМ» [4, с.128]. В последующем с целью подтверждения видовой принадлежности тестируемых 3 штаммов полевых изолятов бруцелл, находящихся в S-форме, использовали полимеразно-цепную реакцию (ПЦР) в классическом варианте с применением набора AMOS, разработанной Бриккером с соавторами [5, с.2664].

Из образцов биологического материала от 7 голов крупного рогатого скота и двух голов мелкого рогатого скота, поступивших на исследование с Западно-Казахстанской области, было выделено 2 штамма *B. melitensis* и 7 штаммов *B. abortus*. ДНК выделяли с помощью набора «PureLink Genomic DNA Kits» (Invitrogen). Мультиплексную ПЦР и капиллярный электрофорез (CE) осуществляли с использованием алгоритма с незначительными изменениями [6, с.1679]. 16 пар праймеров были разделены на 6 мультиплексов. В реакционную смесь 2 x (Thermo Scientific) добавляли 10 пмоль каждого праймера и 10 нг ДНК. Капиллярное разделение проводилось с использованием ABI 3500 и стандартами размеров LIZ 1200 для мультиплексов 1, 3, 4, и LIZ 600 для мультиплексов 2, 5, 6. Размеры VNTR фрагментов были идентифицированы с помощью программного обеспечения GeneMapper 4.1. Штамм *B.abortus* 544 был использован в качестве эталонного штамма для проверки размеров фрагмента с базой данных MLVA. Данные были проанализированы с использованием программного обеспечения BioNumerics7.5 (Applied Maths, Бельгия). Кластерный анализ был проведен на основе категорического коэффициента и метода невзвешенной пары групп с использованием средних арифметических (UPGMA). Стандартные минимальные охватывающие деревья (MST_S) были получены с использованием категорических коэффициентов. Результаты генотипирования сравнивали с генотипами в банке данных MLVA.

От абортированных плодов, поступивших из неблагополучных по бруцеллёзу MPC хозяйства Жамбылской области, делали посевы из паренхиматозных органов с учётом наибольшей локализации бруцелл (желудок, печень, лимфатические узлы, селезенка, трубчатая кость с костным мозгом). Изучены культурально-морфологические, тинкториальные, биохимические и антигенные свойства выделенных изолятов. Культуры обладали типичными для бруцелл морфологическими, тинкториальными и культуральными свойствами.

Комплект расходных материалов, использованных нами для постановки ПЦР, представлен следующими компонентами фирмы Qiagen, США: набор для выделения ДНК, реакционная смесь – Tag PCR Master-mix Kit 1000units Cat# 201445, универсальный IS711 праймер и 4 праймера AMOS.

ПЦР – циклирование проводили в термоциклере (Mastercycler фирмы Eppendorf) при следующих температурных и временных параметрах: - а. шаг первоначальной денатурации проводился при температуре 94°C в течение 2 минут; - б. денатурация проходила при температуре 94°C в течение 30 секунд; - в. отжиг длился 30 секунд при температуре 55,5°C; - г. удлинение цепи происходило в течение 1 минуты при температуре 72°C; - при циклировании 34 раза повторялись шаги б – г.

Результаты исследований. Из патологического материала абортплодов от 3 овцематок из Жамбылской области (экспертизы ЖО-1,ЖО-2, ЖО-3) были выделены 3 культуры бруцелл. Далее проводили идентификацию выделенных штаммов бруцелл в соответствии с дифференциальной таблицей тестов, предложенной ФАО/ВОЗ. Определены наличие диссоциации, продукция H₂S, потребность в углекислом газе, рост на средах с красками, с пенициллином, чувствительность к фагу, а также проводили РА с монорецепторными сыворотками – антиабортус и антимиелитензис. По результатам проведенных бактериологических тестов все изученные 3 культуры отнесены к виду *B.melitensis*.

Специфические фрагменты ДНК выявляли методом горизонтального электрофореза. При просмотре геля в ультрафиолетовом свете с помощью трансиллюминатора, специфичность полосы амплифицированной ДНК оценивали по отношению к ДНК-стандарту (положительному контрольному образцу), т.е. устанавливали наличие в каждой анализируемой пробе фрагмента ДНК, полоса которого располагается на том же уровне, что и полоса контрольного препарата ДНК, продемонстрированного на рисунке 1.

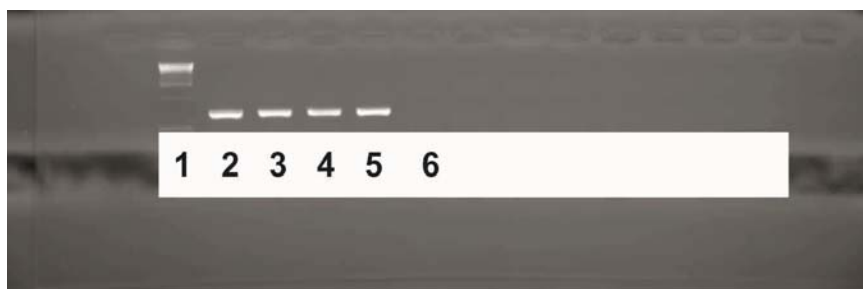


Рисунок 1 – Фрагменты ДНК бруцелл в виде светящихся полос

В первом ряду рисунка 1 над цифрой 1 показана светящаяся полоса маркера – молекулярная масса ДНК; над цифрой 2 – светящаяся полоса положительного контроля (ПКО); под номерами 3 – 5 – испытуемые образцы; над цифрой 6 расположен отрицательный контроль (ОКО), при этом светящаяся полоса отсутствует.

Таким образом, проведенными исследованиями установлен род *Brucella*, далее определяли вид бруцелл. Для этого проводили ПЦР с использованием набора AMOS (*Abortus*, *Melitensis*, *Ovis*, *Suis*).

Сущность методики заключается в том, что для каждого вида бруцелл отмечается специфичное расположение в хромосоме участка гена IS711.

Учет результатов амплификации проводили с помощью электрофоретического анализа в 1,7% агарозном геле. Результаты электрофореза AMOS отображены на рисунке 2.

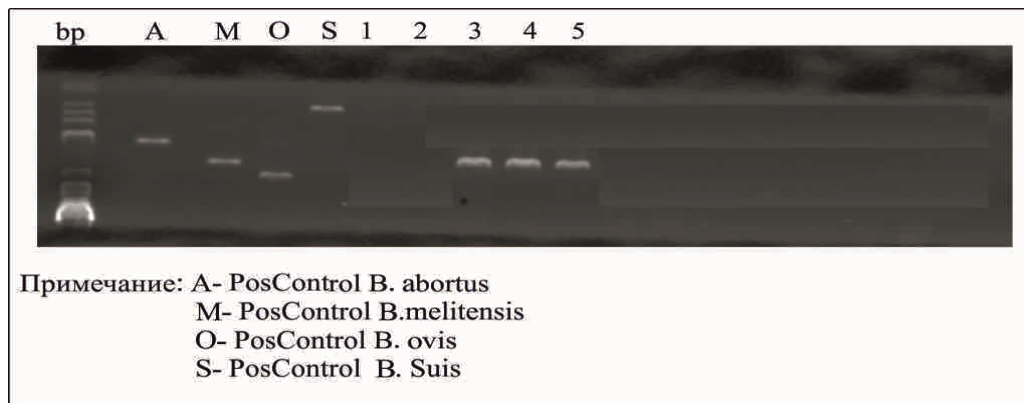


Рисунок 2 – Результаты определения видов бруцелл с помощью набора AMOS

Как показано на рисунке 2, в дорожках соответствующих положительным контролям детектировались специфические полосы на уровнях соответствующих 4 контролей: *B. abortus* (498 пар нуклеотидов из ДНК); *B. melitensis* (731 пара нуклеотидов из ДНК); *B. ovis* (976 пар нуклеотидов из ДНК); *B. suis* (285 пар нуклеотидов из ДНК).

В дорожках с ДНК-пробами испытуемых изолятов (дорожки 3,4,5) детектировались специфические светящиеся полосы на уровне 731 пары нуклеотидов, соответствующие контролю ДНК *Brucella melitensis*.

Учитывая то, что разные виды возбудителей бруцеллёза имеют некоторое различие в последовательности нуклеотидов в цепи ДНК, с помощью постановки полимеразной цепной реакции с использованием комплекта AMOS установлен вид всех 3 тестируемых полевых изолятов бруцелл – *B. melitensis*.

Изоляты *B. melitensis* были выделены также от овец из 2 населенных пунктов, расположенных в ЗКО (с/о Коскуль Каратобинского р-на и с/о Бударино Акжайкского р-на). Использование MLVA-16 для анализа штаммов показал 3-ий генотип, который генетически схож с распространенными в Южных регионах Казахстана генотипами (рис.3 и рис. 4).

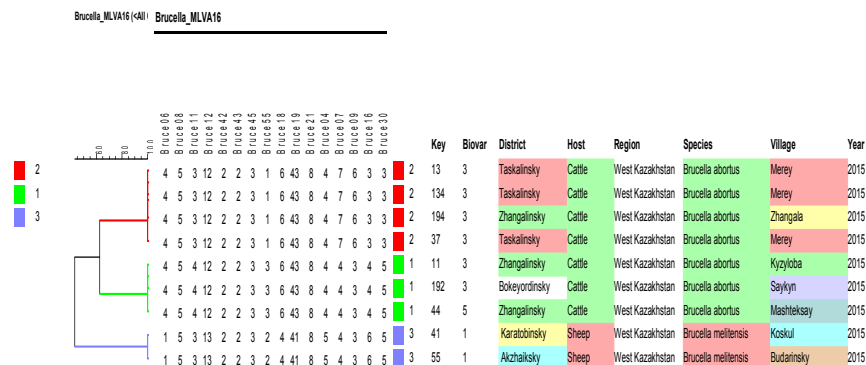


Рисунок 3 – UPGMA кластерный анализ

Примечание:
Bruc06....Bruc30 - локусы бруцелл
 Квадратики – номер генотипа
 Key – идентификационный номер животного
 Biovar – биовар
 District – район
 Host – вид животного
 Region – область
 Species – вид
 Village – сельский округ
 Year – год

7 штаммов *B. abortus* были выделены от КРС в 5 районах ЗКО (с/о Жангала, с/о Кызылоба, с/о Маштексай Жангалинского р-на, 3 штамма с/о Мерей Таскалинского р-на, с/о Сайхин Бокейординского р-на). С помощью анализа MLVA-16, эти штаммы сгруппированы в 2 генотипа (рис. 3). Штаммы, сгруппированные в один кластер, были выделены от животных, находящихся в соседних районах, кроме штамма 194 с/о Жангала Жангалинского р-на, который оказался в одном кластере со штаммами с/о Мерей Таскалинского р-на. Между Таскалинским и Жангалинским р-ном, находится Казталовский район. На рисунке 4 видно, что генотипы 1 и 2 штаммов *B. abortus*, генетически отличаются от штаммов, циркулирующих на территории Казахстана. Таким образом, исследуемые штаммы оказались уникальными, потому что в сравнение с публичной мировой базой данных MLVA не было найдено сходства со штаммами бруцелл, циркулирующими в других странах.

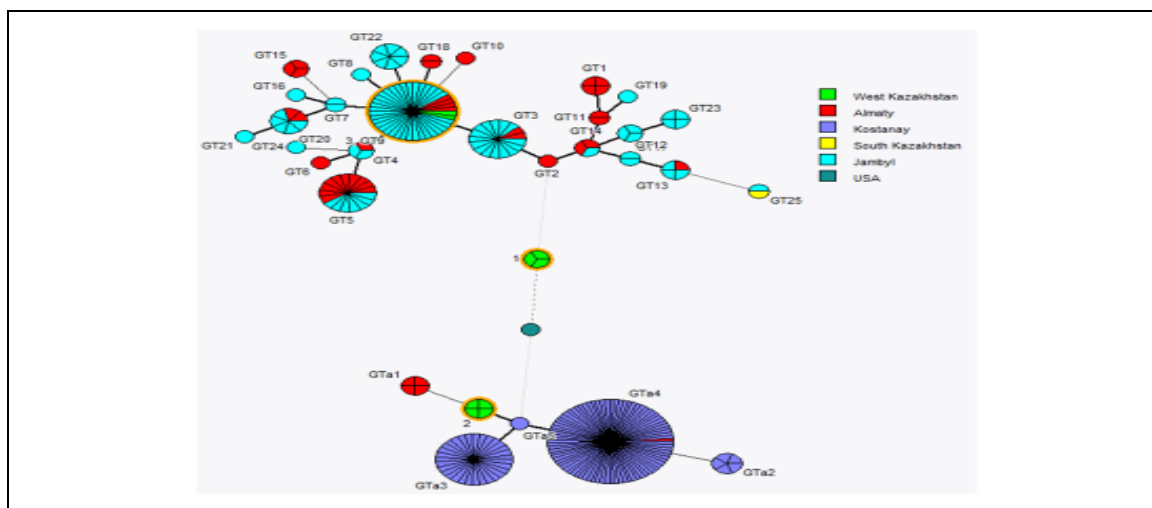


Рисунок 4 – Дендрограмма по районам

Закключение. Таким образом, результаты бактериологических и молекулярно-генетических исследований 3 проб изолятов позволили установить, что все 3 изучаемые культуры бактерий, выделенные от мелкого рогатого скота, относятся к роду *Brucella*, принадлежат к виду *B. melitensis*.

Результаты молекулярно-генетического теста подтверждаются результатами бактериологических исследований по идентификации бруцелл.

Следует отметить, что бруцеллы относятся к медленно растущим микроорганизмам и окончательный ответ бактериологического и биологического методов исследования можно ожидать только через 3 - 5 недель, тогда как молекулярно-генетический анализ (ПЦР) является весьма перспективным для быстрого (в течение рабочего дня) обнаружения и идентификации возбудителя бруцеллёза до рода и вида.

К достоинствам этой реакции относится её высокая чувствительность и специфичность, быстрота получения результата, возможность выявления низких концентраций возбудителя инфекции в различном материале.

ПЦР соответствует всем основным требованиям, предъявляемым к современным методам лабораторной диагностики и перспективна для широкого практического использования.

Генотипирование культур бруцелл выделенные от животных на территории ЗКО, показало, что штаммы *B. melitensis* тесно связаны между собой и с другими казахстанскими штаммами. Отсутствие генетического разнообразия в популяции *B. melitensis* предполагает происхождение от общего предка в Казахстане. Генотипы штаммов *B. abortus* являются уникальными, так как впервые обнаружены на территории Казахстана. Наблюдаемое распределение может быть результатом неконтролируемой торговли скота и не достаточно организованным ветеринарным контролем. Исследование генетического разнообразия бруцелл необходимо для отслеживания вспышек на заключительных этапах программы по ликвидации бруцеллёза, или отслеживания источников инфицирование человека и животных в эндемичных районах Казахстана.

ЛИТЕРАТУРА:

1. Султанов А.А. Методические указания по эпизоотологическому мониторингу при инфекционных болезнях сельскохозяйственных животных (на примере туберкулеза и бруцеллёза) [Текст]: / А.А.Султанов, М.Б.Базарбаев, А.А. Абуталип // Методические указания. – Алматы, 2011. – 27 с.
2. Garofolo, G. Investigating genetic diversity of *Brucella abortus* and *Brucella melitensis* in Italy with MLVA-16 [Text]: / G. Garofolo, E. Di Giannatale, F. De Massis, K. Zilli, M. Ancora, C.Camma, P. Calistri, J.T. Foster // Infect. Genet. Evol. – 2013. – V. 19. – P.59-70.
3. FAO/WHO Expert Committed on Brucellosis [Текст] // Report Joint, Fifth Report. – WHO. – Techn. Rept. Ser., 1969. – 148с.
4. Доклад Комитета экспертов ВОЗ по стандартизации биологических препаратов [Текст] // 36 доклад. – Женева, 1988. – 137с.
5. Bricker B. J. Differentiation of *Brucella abortus* bv. 1, 2, and 4, *Brucella melitensis*, *Brucella ovis*, and *Brucella suis* bv. 1 by PCR [Text]: / B.J. Bricker, S.M. Halling // J Clin. Microbiol. – 1994. – №32. – P. 2660-2666.
6. Shevtsova E. Genetic Diversity of *Brucella melitensis* in Kazakhstan in Relation to World-Wide Diversity [Text]: /E. Shevtsova, G. Vergnaud, A. Shevtsov, K. Berdimuratova, K. Mukanov, M. Syzdykov, A. Kuznetsov, L. Lukhnova, U. Izbanova, M. Filipenko, Y. Ramankulov // Front. Microbiol. – 2019. – P. 1673-1681.

REFERENCES:

1. Sultanov A.A. Metodicheskie ukazaniya po epizootologicheskomu monitoringu pri infekcionnyh boleznyah sel'skohozyajstvennyh zhivotnyh (na primere tuberkuleza i brucelleza) [Tekst]: / A.A.Sultanov, M.B.Bazarbaev, A.A. Abutalip // Metodicheskie ukazaniya. – Almaty, 2011. – 27 s.
2. Garofolo, G. Investigating genetic diversity of *Brucella abortus* and *Brucella melitensis* in Italy with MLVA-16 [Text]: / G. Garofolo, E. Di Giannatale, F. De Massis, K. Zilli, M. Ancora, C.Camma, P. Calistri, J.T. Foster // Infect. Genet. Evol. – 2013. – V. 19. – R.59-70.
3. FAO/WHO Expert Committed on Brucellosis [Tekst] // Report Joint, Fifth Report. – WHO. – Techn. Rept. Ser., 1969. – 148s.
4. Doklad Komiteta ekspertov VOZ po standartizacii biologicheskikh preparatov [Tekst] // 36 doklad. – ZHeneva, 1988. – 137s.
5. Bricker B. J. Differentiation of *Brucella abortus* bv. 1, 2, and 4, *Brucella melitensis*, *Brucella ovis*, and *Brucella suis* bv. 1 by PCR [Text]: / B.J. Bricker, S.M. Halling // J Clin. Microbiol. – 1994. – №32. – P. 2660-2666.
6. Shevtsova E. Genetic Diversity of *Brucella melitensis* in Kazakhstan in Relation to World-Wide Diversity [Text]: /E. Shevtsova, G. Vergnaud, A. Shevtsov, K. Berdimuratova, K. Mukanov, M. Syzdykov, A. Kuznetsov, L. Lukhnova, U. Izbanova, M. Filipenko, Y. Ramankulov // Front. Microbiol. – 2019. – P. 1673-1681.

Сведения об авторах:

Даугалиева Аида Олеговна – кандидат ветеринарных наук, старший научный сотрудник ТОО "Научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства", г. Алматы, пр. Жандосова 51, тел. 87016727753; e-mail: aida1979@bk.ru

Мусаева Асия Кыблашевна – доктор биологических наук, ассоциированный профессор, главный научный сотрудник ТОО "Казахский научно-исследовательский ветеринарный институт", г. Алматы, пр. Райымбека 223Л, кв. 10, тел. 87017870150; 87077870150; AssiyaKyblashevna@mail.ru

Айтқұлова Аяулы – докторант Казахского национального аграрного исследовательского университета, г. Алматы, пр. Абая 8, тел. 8-747-111-89-09; ayauka89@mail.ru

Даугалиева Аида Олеговна – ветеринария ғылымдарының кандидаты, «Мал шаруашылығы және жем-шөп өндірісі ғылыми-зерттеу институты» ЖШС аға ғылыми қызметкері, Алматы қ. Жандосов даңғ. 51, тел. 87016727753; e-mail: aida1979@bk.ru

Мусаева Асия Кыблашевна – биология ғылымдарының докторы, қауымдастырылған профессор, «Қазақ ғылыми-зерттеу ветеринария институты» ЖШС бас ғылыми қызметкері, Алматы қ. Райымбек даңғ. 223Л, 10 пәтер, тел. 87017870150; 87077870150; AssiyaKyblashevna@mail.ru

Айтқұлова Аяулы – Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университетінің докторанты, Алматы қ., Абай даңғ. 8, тел. 8-747-111-89-09; ayauka89@mail.ru

Daugaliyeva Aida Olegovna – candidate of Veterinary Sciences, Senior Researcher, LLP «Kazakh Research Institute for Livestock and Fodder Production», Almaty, 51 Zhandosov Ave., tel. 87016727753; e-mail: aida1979@bk.ru

Musaeva Asiya Kyblashevna – doctor of Biological Sciences, Associate Professor, Chief Researcher, Kazakh Research Veterinary Institute LLP, Almaty, 223L Raiymbek Ave., apartment 10, tel. 87017870150; 87077870150; AssiyaKyblashevna@mail.ru

Aitkulova Ayauly – doctoral student, Kazakh National Agrarian Research University, Almaty, Abai ave. 8, tel. 8-747-111-89-09; ayauka89@mail.ru

УДК 619:616

DOI: 10.12345/22266070_2021_2_9

СОВРЕМЕННЫЕ АЛГОРИТМЫ ДИАГНОСТИКИ ВИРУСНОЙ ЛЕЙКЕМИИ КОШЕК

Николаева О.Н. – канд. биол. наук, доцент, ФГБОУ ВО Башкирский ГАУ, г. Уфа, Россия
Манурова Э.Р. – студент, ФГБОУ ВО Башкирский ГАУ, г. Уфа, Россия

Вирус лейкемии кошек (FeLV) не всегда вызывает клиническое проявление болезни и в этом состоит основная сложность диагностики, интерпретации результатов исследований и прогнозировании исхода данного заболевания. В результате проведенных исследований установлено, что сомнительный и положительный результаты экспресс-теста VetExpert FeLV Ag на антиген p27 FeLV при вирусной лейкемии кошек должны быть подтверждены с использованием ПЦР для обнаружения провирусной ДНК FeLV.

Ключевые слова: вирусная лейкемия кошек, диагностика, экспресс-тест VetExpert FeLV Ag, ретровирусы, FeLV Ag.

MODERN ALGORITHMS FOR THE DIAGNOSIS OF FELINE VIRAL LEUKEMIA

Nikolaeva O. N. – PhD. Biol. Sci., Associate Professor, Bashkir State University, Ufa, Russia
Mansurova E. R. – student, Bashkir State University, Ufa, Russia

Feline leukemia virus (FeLV) does not always cause the clinical manifestation of the disease and this is the main difficulty in diagnosing, interpreting the results of studies and predicting the outcome of this disease. As a result of the conducted studies, it was established that the doubtful and positive results of the VetExpert FeLV Ag rapid test for the p27 FeLV antigen in feline viral leukemia should be confirmed using PCR for the detection of FeLV proviral DNA.

Key words: feline viral leukemia, diagnostics, VetExpert FeLV Ag rapid test, retroviruses, FeLV Ag.