

УДК 578.8

ПЕСТИВИРУСЫ ЖВАЧНЫХ ЖИВОТНЫХ И ИХ РАЗНООБРАЗИЕ

Аввакумова Е.С., студентка 3 курса
факультета ветеринарной медицины и биотехнологий
Научные руководители - Молофеева Н.И., доцент, кандидат
биологических наук; Мерчина С.В., доцент, кандидат
биологических наук
ФГБОУ ВО Ульяновский ГАУ

Ключевые слова: Пестивирусы жвачных, р. *Flaviviridae*
вирусная диарея КРС, полипептидные связи, *Pestivirus*.

Данная работа посвящена обзору, имеющихся за последние года исследований разнообразных вирусных заболеваний крупного и мелкого рогатого скота, вызванных штаммом рода *Pestivirus*.

Целью данной работы является сбор информации в сфере вирусологических исследований вируса рода *Pestivirus*, а также о филогенетическом разнообразии изолятов вируса.

Задачи: изучение научных работ, диссертаций и исследований отечественных и зарубежных авторов; сбор данных за последние десять лет о новых штаммах рода *Pestivirus*; анализ собранной информации и вывод.

Род *Pestivirus* включает четыре вида: вирус вирусной диареи крупного рогатого скота 1, вирус вирусной диареи крупного рогатого скота 2, вирус классической чумы свиней и вирус пограничной болезни овец. Пестивирусы поражают многие виды домашних и диких животных. Недавно появились новые кандидаты на включение в этот род: два вируса диких жвачных животных, не классифицированные официально, и один, впервые обнаруженный в эмбриональной сыворотке крупного рогатого скота [1].

Род пестивирусов семейства *Flaviviridae* включает вирус вирусной диареи крупного рогатого скота (BVDV) типов 1 и 2, вирус пограничной болезни (BDV) и вирус классической чумы свиней. Два

признанных генотипа BVDV разделены на подтипы на основе филогенетического анализа, а именно *ар* для BVDV-1 и *ас* для BVDV-2. Впоследствии BVDV-2 был обнаружен во многих других странах, причем первое обнаружение было зарегистрировано в Великобритании в 2002 году. В то время как BVDV-1 включает по меньшей мере 18 подтипов (1a–1r), штаммы второго типа подразделяются на четыре подтипа (2a–2d). Также был предложен новый вид атипичного бычьего пестивируса, вирус Хоби (BVDV-3), состоящий из вирусных штаммов, впервые обнаруженных в фетальной сыворотке теленка (FCS). Партия FCS, из которой был идентифицирован вирус Хоби, была произведена в Южной Америке и коммерциализирована в европейских странах, и впоследствии тот же штамм вируса был обнаружен также у буйвола из Бразилии, у теленка в Таиланде у телят в Италии и у молочного скота в Индии [1, 2].

Статистический анализ соответствующих филогенетических деревьев выявил низкие уровни достоверности для большинства ветвей, в то время как структура дерева на основе гена N-pro поддерживалась высокими значениями бутстрепа. Соответственно, изоляты от коз, буйволов и оленей можно сгруппировать вместе с вирусом вирусной диареи крупного рогатого скота (пестивирус типа 1); внутри этого генотипа идентифицированы три подгруппы и один разнородный вирус. Интересно, что изолят жирафа не принадлежит ни к одному из четырех установленных генотипов пестивируса. Филогенетический анализ убедительно свидетельствует о том, что пестивирусы генотипа 1 встречаются во всем мире у многих видов жвачных животных. Более того, филогенетические деревья, основанные на нуклеотидных последовательностях прогена N, показывают, что соответствующие последовательности не разделяются на отдельные линии в зависимости от происхождения вида-хозяина.

Многочисленные исследования, длящиеся с середины прошлого века, обнаружили внутриклеточные вирусспецифичные полипептиды пестивируса, вируса пограничной болезни (BDV) в клетках носовых раковин крупного рогатого скота. В инфицированных клетках обнаружено одиннадцать полипептидов. Сравнительные исследования врачей со всего мира показали, что полипептиды, индуцированные BDV, имеют много антигенных эпитопов с полипептидами,

индуцируемыми вирусом вирусной диареи крупного рогатого скота (BVDV), серологически родственным вирусом того же рода, *Pestivirus*. Полипептидный профиль BDV оказался более похожим на профиль нецитопатического штамма BVDV NY1 по сравнению с профилем цитопатических штаммов BVDV NADL и *Singer*. Анализ пептидного картирования гомологичных полипептидов BVDV и BDV подтвердил их структурное родство [3, 4].

Таким образом, информация о различных видах и разнообразии типов возбудителя, может стать полезным инструментом для отслеживания происхождения новых вспышек. Поскольку уровень перемещения животных между странами и Россией очень высок, общая база данных, в которой можно было бы хранить все данные о последовательностях, была бы полезным инструментом для этой цели.

Библиографический список:

1. Guelbenzu-Gonzalo, M.P., Cooper, L., Brown, C. et al. Genetic diversity of ruminant Pestivirus strains collected in Northern Ireland between 1999 and 2011 and the role of live ruminant imports. *Ir Vet J* 69, 7 (2015) p. 37-42
2. Ramesh K. Akkina and Kevin P. Raisch. Intracellular virus-induced polypeptides of pestivirus border disease virus // *Vet J* 77, 22 (2013) p. 134-138.
3. Молофеева, Н. И. Выделение и изучение основных биологических свойств бактериофагов *escherichia coli* 0157 и их применение в диагностике : специальность 03.00.0703.00.23 : автореферат диссертации на соискание ученой степени кандидата биологических наук / Молофеева Надежда Ивановна. – Саратов, 2004. – 21 с. – EDN NHSIDF.
4. Калдыркаев А.И. Выделение бактериофагов специфичных к штаммам *Hafnia alvei* из объектов внешней среды /А.И.Калдыркаев, А.Г. Шестаков, Н.И.Молофеева, С.В. Мерчина, Д.Н. Хлынов Д.Н. //В сборнике: Актуальные вопросы аграрной науки. Материалы Национальной научно-практической конференции. Ульяновск, 2021.- С. 274-284.

PESTIVIRUSES OF RUMINANTS AND THEIR DIVERSITY

Avvakumova E.S.
FSBEI HE Ulyanovsk SAU

Keywords: *Ruminant pestiviruses, R. Flaviviridae viral diarrhea of cattle, polypeptide bonds, Pestivirus.*

This work is devoted to a review of the studies available in recent years of various viral diseases of cattle and small cattle caused by a strain of the genus Pestivirus.