Облікова картка ДіР

I. Загальні відомості

Державний обліковий номер: 0221U100911

Державний реєстраційний номер: 0116U000237

Особливі позначки: відкрита

Дата реєстрації: 11-01-2021

II. Етап виконання ДіР

Номер етапу: 1

Назва етапу: Встановити видо- та родоспецифічні генетичні маркери збудників емерджентних інфекційних захворювань ВРХ, свиней, птиці та розробити методологію їх моніторингу і діагностики на основі молекулярно-генетичних технологій.

Початок етапу: 01.2016

Закінчення етапу: 12.2020

Вид звітного документа: Остаточний звіт

III. Відомості про виконавця ДіР

Повне найменування юридичної особи (або ПІБ фізичної особи): Національний науковий центр "Інститут експериментальної і клінічної ветеринарної медицини"

Код за ЄДРПОУ: 00497087

Місцезнаходження: вул. Пушкінська, буд. 83, м. Харків, Харківський р-н., Харківська обл., 61023, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Національна академія аграрних наук України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

Розмір організації:

Телефон: 380577041090

IV. Відомості про співвиконавців ДіР

V. Відомості про замовника ДіР

Повне найменування юридичної особи (або ПІБ фізичної особи): Національна академія аграрних наук України

Код за ЄДРПОУ: 00024360

Місцезнаходження: вулиця Михайла Омеляновича-Павленка, буд. 9, м. Київ, Київська обл., 01010, Україна

Форма власності:

Сфера управління: НААНУ

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

Розмір організації:

Телефон: 380445219277

VI. Джерела, напрями та обсяги фінансування ДіР

Підстава для проведення ДіР: 34 - договір (замовлення) з центральним органом виконавчої влади, академією наук (головними розпорядниками бюджетних коштів на проведення НДДКР)

Напрям фінансування: 2.1 - фундаментальні дослідження

Джерела фінансування

7713 - кошти держбюджету

Код програмної класифікації видатків і кредитування (КПКВК): 6591060

Фактичний обсяг фінансування (тис. грн.): 1009.1

VII. Відомості про ДіР

Назва роботи українською:

Встановити видо- та родоспецифічні генетичні маркери збудників емерджентних інфекційних захворювань ВРХ, свиней, птиці та розробити методологію їх моніторингу і діагностики на основі молекулярно-генетичних технологій

Назва роботи англійською:

To establish the species- and genus-specific genetic markers of emergent pathogens of infectious diseases of cattle, pigs, poultry and to develop a methodology for monitoring and diagnostics based on molecular-genetic technologies.

Реферат українською:

Сформовано бази даних секвенованих послідовностей геномного матеріалу, основних генів та їх фрагментів ізолятів вірусів ньюкаслської хвороби, африканської чуми свиней, вірусу хвороби Шмалленберга, вірусу блютангу, циркулюючих у різних географічних регіонах світу. Проведено секвенування гена F для 34 ізолятів вірусу ньюкаслської хвороби, циркулюючих на території України. Встановлено належність трьох ізолятів даного збудника до класу I, а решти - до класу II. Вивчено філогенетичні взаємовідносини українських ізолятів вірусу ньюкаслської хвороби. Встановлено їх належність до генотипів Ic, Ib, II, VIa, VIc, VIg,VIId. Розроблено методику для ідентифікації вірусу ньюкаслської хвороби класу I та класу II шляхом мультиплексної полімеразної ланцюгової реакції у реальному часі. Проведено філогенетичний аналіз ізолятів вірусу африканської чуми свиней на основі послідовностей генів, що кодують білки p54, p72, p30, праймазу та топоізомеразу збудника. Встановлено еволюційну близькість ізолятів вірусу 5-го та 6-го генотипів, 3-го та 19-го, а також 20-го та 21-го генотипів. Визначено потенційні молекулярні маркери для диференціації та ідентифікації вірусу африканської чуми свиней. Показано, що найбільш придатними цільовими мішенями для визначення цього збудника з застосуванням LAMP-технології є гени, що кодують праймазу та топоізомеразу. Розроблено методику для ідентифікації вірусу африканської чуми свиней з застосуванням LAMP-технології. Проведено філогенетичний аналіз ізолятів вірусу хвороби Шмалленберга на основі послідовностей сегментів M, L та S збудника. Підтверджено філогенетичну спорідненість ізолятів вірусу хвороби Шмалленберг за M-сегментом РНК з вірусом Сатупері; за L- та S-сегментами - з вірусом Шамонда. Визначено потенційні молекулярні маркери для детекції вірусу хвороби Шмалленберг. Показано, що найбільш придатною цільовою мішенню для визначення цього збудника з застосуванням стандартного варіанту ПЛР є сегмент S геномної РНК. Розроблено методику для детекції вірусу

Реферат англійською:

Databases of genomic material, main genes and their fragments sequences of Newcastle disease viruses, African swine fever, Schmallenberg disease virus, bluetongue virus isolates circulating in different geographic regions of the world have been formed. F gene sequencing was performed for 34 isolates of the Newcastle disease virus circulating in Ukraine. It is established that three isolates of this pathogen belong to class I, and the rest to class II. The phylogenetic relationships of the Newcastle disease virus Ukrainian isolates have been studied. Their belonging to the genotypes Ic, Ib, II, VIa, VIc, VIg, VIId was established. A technique for the identification of Newcastle Disease viruses Class I and Class II by real-time multiplex polymerase chain reaction has been developed. A phylogenetic analysis of African swine fever virus isolates based on the sequences of genes encoding proteins P54, P72, P30, primase and topoisomerase of the pathogen was carried out. Evolutionary closeness of virus isolates of 5th and 6th genotypes, 3rd and 19th, as well as 20th and 21st genotypes has been established. Potential molecular markers for the differentiation and identification of African swine fever virus have been identified. It has been shown that the genes encoding primase and topoisomerase are the most suitable targets for identifying this pathogen using the LAMP technology. A method for the identification of the African swine fever

virus using the LAMP technology has been developed. A phylogenetic analysis of Schmallenberg disease virus isolates based on the M, L and S segments sequences of the pathogen was carried out. The phylogenetic relationship of the Schmallenberg disease virus isolates in the M-segment of RNA with the Satuperi virus and in L- and S-segments - with Chamond virus was confirmed. Potential molecular markers for the Schmallenberg disease virus detection have been identified. It has been shown that the S segment of genomic RNA is the most suitable tar

Індекс УДК: 619:577.2.08:575:616.98:578/579:636.2.5

Коди тематичних рубрик:

Керівники роботи

Власне Прізвище Ім'я По-батькові: Герілович Антон Павлович

Науковий ступінь:

Вчене звання:

Ідентифікатор ORCID ID:

Додаткова інформація:

VIII. Наукова (науково-технічна) продукція (НТП)

Назва НТП українською: Методика ідентифікації вірусу ньюкаслської хвороби шляхом ПЛР у реальному часі

Назва НТП англійською: Methods for Newcastle disease virus identifying by real-time PCR

НТП, яку передбачалося створити:

Причини, через які НТП не було створено:

Отримані результати: Методичні документи

Галузь застосування: Ветеринарна медицина

Реєстраційний номер картки технології:

Опис НТП: Методика індикації вірусу ньюкаслської хвороби за допомогою ПЛР у форматі реального часу дозволяє виявляти геномну РНК вірусу ньюкаслської хвороби класу I та класу II у біологічному матеріалі на рівні 10 геномних одиниць, проводити швидку та надійну детекцію, що повністю задовольняє діагностичні потреби. Чутливість та специфічність методики знаходяться в межах, визначених та рекомендованих МЕБ. Методика відповідає за якістю світовим аналогам, не має аналогів в Україні. Адаптована під застосування в умовах ПЛР-лабораторій з обладнанням для ПЛР. Сприяє підвищенню ефективності забезпечення благополуччя птахівництва України щодо ньюкаслської хвороби. При впровадженні у науково-дослідних та ПЛР-лабораторіях ветеринарної медицини економічний ефект буде складати 4 грн на 1 грн. витрат.

Соціально-економічна спрямованість НТП: Поліпшення якості життя та здоров'я населення, ефективності діагностики та лікування хворих

Вплив НТП на довкілля:

Впровадження НТП: Не впроваджено

Практична реалізація НТП

Початок етапу: 01.2021

Закінчення етапу: 12.2022

Споживачі продукції:

Перспективні ринки:

Характер співробітництва з інвестором

Потрібний обсяг інвестицій, тис. грн.:

Права, що надаються інвестору після завершення роботи:

Наявність бізнес-плану:

Техніко-економічне обгрунтування:

Потенціальний обсяг продажу, тис. грн.:

Очікуваний термін окупності (років):

Додаткова інформація:

Назва НТП українською: Методика ідентифікації вірусу АЧС шляхом ПЛР на основі LAMP-технології.

Назва НТП англійською: Method of ASF virus identification by PCR based on LAMP technology.

НТП, яку передбачалося створити:

Причини, через які НТП не було створено:

Отримані результати: Методичні документи

Галузь застосування: Ветеринарна медицина

Реєстраційний номер картки технології:

Опис НТП: Методика ідентифікації вірусу АЧС шляхом ПЛР на основі LAMP-технології за технологічними показниками та технічними характеристиками відповідає вимогам міжнародних норм (O.I.E., 2004, 2008) та дозволяє детектувати вірус у біологічному матеріалі на рівні 10 геномних одиниць, що повністю задовольняє діагностичні потреби. Чутливість та специфічність методики знаходяться в межах, визначених та рекомендованих МЕБ. Не має аналогів в Україні. Адаптована під застосування в умовах ПЛР-лабораторій та невибаглива до базових реактивів. Методика ідентифікації вірусу АЧС шляхом ПЛР на основі LAMP-технології сприяє підвищенню рівня та ефективності ідентифікації вірусу АЧС та забезпеченню благополуччя свинарства України щодо африканської чуми свиней. При впровадженні у науково-дослідних та ПЛР-лабораторіях ветеринарної медицини економічний ефект буде складати 3 грн на 1 грн. витрат.

Соціально-економічна спрямованість НТП: Поліпшення якості життя та здоров'я населення, ефективності діагностики та лікування хворих

Вплив НТП на довкілля:

Впровадження НТП: Впроваджено

Практична реалізація НТП

Початок етапу:

Закінчення етапу:

Споживачі продукції:

Перспективні ринки:

Характер співробітництва з інвестором

Потрібний обсяг інвестицій, тис. грн.:

Права, що надаються інвестору після завершення роботи:

Наявність бізнес-плану:

Техніко-економічне обгрунтування:

Потенціальний обсяг продажу, тис. грн.:

Очікуваний термін окупності (років):

Додаткова інформація:

Назва НТП українською: Регламент секвенування на основі технології Nanopore (повногеномне секвенування).

Назва НТП англійською: Sequencing regulations based on Nanopore technology (whole genome sequencing)

НТП, яку передбачалося створити:

Причини, через які НТП не було створено:

Отримані результати: Методичні документи

Галузь застосування:Ветеринарна медицина

Реєстраційний номер картки технології:

Опис НТП: Регламент містить інформацію стосовно підготовки зразків та протоколу повногеномного секвенування. Адаптований для використання у науково-дослідних та ПЛР- лабораторіях. Сприятиме підвищенню ефективності та рівня молекулярно-генетичних досліджень. При впровадженні у науково-дослідних та ПЛР-лабораторіях ветеринарної медицини економічний ефект буде складати 2 грн на 1 грн. витрат

Соціально-економічна спрямованість НТП: Поліпшення якості життя та здоров'я населення, ефективності діагностики та лікування хворих

Вплив НТП на довкілля:

Впровадження НТП: Впроваджено

Практична реалізація НТП

Початок етапу:

Закінчення етапу:

Споживачі продукції:

Перспективні ринки:

Характер співробітництва з інвестором

Потрібний обсяг інвестицій, тис. грн.:

Права, що надаються інвестору після завершення роботи:

Наявність бізнес-плану:

Техніко-економічне обгрунтування:

Потенціальний обсяг продажу, тис. грн.:

Очікуваний термін окупності (років):

Додаткова інформація:

Назва НТП українською: Методологія моніторингу і діагностики емерджентних захворювань сільськогосподарських тварин та птиці на основі молекулярно-генетичних технологій

Назва НТП англійською: Methodology for monitoring and diagnostics of farm animals and poultry emergent diseases based on molecular genetic technologies

НТП, яку передбачалося створити:

Причини, через які НТП не було створено:

Отримані результати: Методичні документи

Галузь застосування: Ветеринарна медицина

Реєстраційний номер картки технології:

Опис НТП: В основу методології покладено використання сучасних методів молекулярної біотехнології (різні формати полімеразної ланцюгової реакції та секвенування) та філогенетичного аналізу для ідентифікації, детекції, генотипування, визначення антибіотикорезистентності та встановлення походження збудників емерджентних захворювань сільськогосподарських тварин та птиці. Не має аналогів в Україні.

Соціально-економічна спрямованість НТП:Поліпшення якості життя та здоров'я населення, ефективності діагностики та лікування хворих

Вплив НТП на довкілля:

Впровадження НТП: Не впроваджено

Практична реалізація НТП

Початок етапу: 01.2021

Закінчення етапу: 12.2022

Споживачі продукції:

Перспективні ринки:

Характер співробітництва з інвестором

Потрібний обсяг інвестицій, тис. грн.:

Права, що надаються інвестору після завершення роботи:

Наявність бізнес-плану:

Техніко-економічне обгрунтування:

Потенціальний обсяг продажу, тис. грн.:

Очікуваний термін окупності (років):

Додаткова інформація:

IX. Бібліографічний опис

1. Gerilovych A. P., Stegniy B. T., Vovk D. V. Risk analysis and molecular epidemiology aspects for emergent diseases of animals (African swine fever, Brucellosis, Avian influenza and Newcastle disease). Journal for Veterinary Medicine, Biotechnology and Biosafety. 2016. Vol. 2. № 2. P. 18–26.

2. Goraichuk I., Sharma P., Stegniy B., Muzyka D., Pantin-Jackwood M. J., Gerilovych A., Solodiankin O. et al. Complete genome sequence of an avian paramyxovirus representative of putative new serotype 13. Genome Announc. 2016. Vol. 4. № 4. P. e00729–16.

4. Dimitrov K. M., Bolotin V., Muzyka D., Goraichuk I. V., Solodiankin O., Gerilovych A. et al. Repeated isolation of virulent Newcastle disease viruses of sub-genotype VIId from backyard chickens in Bulgaria and Ukraine between 2002 and 2013.Arch. Virol. 2016. Vol. 161. № 12. P. 3345–3353.

6. Nevolko O. M., Stegniy B. T., Marushchak L. V., Gerilovych A. P. The interlaboratory testing of the test-system for detection of the African swine fever virus DNA using real-time PCR «Sui-DNA-Test-ASF». Journal for Veterinary Medicine, Biotechnology and Biosafety. 2016. Vol. 2. № 3. P. 30–32.

16. С тегній Б. Т., Солодянкін О. С., Лиманська О. Ю., Кіт М. Ю., Бузун А. І., Ареф'єв В. Л. Вивчення специфічності та чутливості тест-системи для детекції вірусу африканської чуми свиней методом ПЛР у режимі реального часу «Sui-DNA-test-ASF virus». Вет. медицина : міжвід. темат. наук. зб. Харків, 2018. Вип. 104. С. 359–362.

Zlenko OB, Tkach GE, Sukhorukova AB, et al. PCR Based Prevalence Study of Francisella Tularensis in Kharkiv, Dnipropetrovsk, and Mykolaiv Oblasts during 2015-2018. J Vet Res. 2020;64(1):63-71.

Лиманська О.Ю., Солодянкін О.С., Рудова Н.Г., Корнейков О.М., Герілович А.П. Застосування молекулярних технологій для детекції вірусу хвороби Шмалленберга. Вет. медицина : міжвідом. темат. наук. зб. Харків. 2020.

X. Заключні відомості

Керівник юридичної особи Стегній Борис Тимофійович

Перелік осіб-виконавців

Ареф'єв Василь Львович
(к. вет. н., 16.00.03)

Болотін Віталій Ігоревич
(к. вет. н., 16.00.03)

Зленко Оксана Борисівна

Кіт Марина Юріївна

Лиманська Ольга Юріївна
(д. б. н., 03.00.20)

Рудова Наталія Геннадіївна
(к. вет. н., 16.00.03)

Солодянкін Олексій Сергійович
(к. б. н., 03.00.15)

Відповідальний за підготовку облікових документів Коваленко Лариса Володимирівна

Телефон +38 (057) 707-20-27

Реєстратор

Керівник відділу УкрІНТЕІ, що є відповідальним за реєстрацію наукової діяльності

