Облікова картка ДіР

Image not found or type unknow

I. Загальні відомості

Державний обліковий номер: 0217U006292

Державний реєстраційний номер: 0116U000238

Особливі позначки: відкрита

Дата реєстрації: 15-03-2017

II. Етап виконання ДіР

Номер етапу: 1

Назва етапу: Встановити видо- та родоспецифічні генетичні маркери парвовірозів хутрових звірів та м'ясоїдних (панлейкопенії кішок, парвовірусу собак першого та другого типу (CPV-1,CPV-2) та Алеутської хвороби норок) на основі молекулярно-генетичних технологій

Початок етапу: 01.2016

Закінчення етапу: 12.2016

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:

Форма власності:

Сфера управління: Національна академія аграрних наук України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

Розмір організації:

Телефон: 057-707-10-90

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: вул. М. Омеляновича-Павленка, 9, м. Київ, Київська обл., 01010, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Кабінет Міністрів України

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.): 125.8

VII. Відомості про ДіР

Назва роботи українською:

Встановити видо- та родоспецифічні генетичні маркери збудників основних вірусних інфекцій хвороб хутрових звірів та м'ясоїдних (вірус міксоми, каліцивірус, парвовірус, параміксовірус, аденовірус, коронавірус) на основі молекулярно-генетичних технологій

Назва роботи англійською:

Set genus- and species-specific genetic markers the main pathogens of viral infections diseases carnivorous and fur animals (myxoma virus, calicivirus, parvovirus, paramyxovirus, adenovirus, coronavirus) based on molecular genetic technology

Реферат українською:

Сформовано базу даних секвенованих послідовностей геномного матеріалу, основних генів та їх фрагментів нових (починаючи з 2012 р.) ізолятів збудників парвовірусного ентериту собак, панлейкопенії котів, Алеутської хвороби норок. Проведено пошук у базах даних GenBank, EMBL, DDBJ послідовностей генів парвовірусів м'ясоїдних. Встановлено, що у базах даних міститься інформація щодо близько 200 частково або повністю секвенованих послідовностей генів та геномних ДНК вірусу панлейкопенії кішок (Feline panleukopenia virus, FPV), 600 - парвовірусу собак (Canine parvovirus, CPV), близько 2700 послідовностей - вірусу Алеутської хвороби норок (Aleutian mink disease parvovirus, AMDPV). Створено бази даних: 1) FPV - повністю секвеновані послідовності генів VP1 та VP2, що кодують структурні білки, довжиною близько 2100 пар нуклеотидів (п.н.) та 1600 п.н. відповідно; геномних ДНК довжиною близько 4600 п.н. (усього 67 послідовностей); 2) CPV - повністю секвеновані послідовності генів VP2 та NS-1, що кодують неструктурні білки, довжиною близько 1900 та 2000 п.н. відповідно; геномних ДНК довжиною близько 4500 п.н. (усього 118 послідовностей); 3) AMDPV - повністю секвеновані послідовності генів VP1, VP2, NS-1 довжиною близько 2200 п.н., 1700 п.н. та 2000 п.н. відповідно; геномних ДНК довжиною близько 5000 п.н. (усього 183 послідовності). Усі послідовності отримано у форматах FASTA (*.fasta) або GenBank (*.gb), що дозволить застосовувати сучасне молекулярно-біологічне програмне забезпечення (в тому числі у режимі on-line) для проведення парного та множинного, локального та глобального вирівнювання для визначення консервативних і варіабельних фрагментів генів. Створені праймерні системи на основі консервативних генів протеїнів для індикації та ідентифікації збудників парвовірусних інфекцій м'ясоїдних.

Реферат англійською:

Formed database sequencing of genomic material, the major genes and fragments thereof, new (since 2012 ..) isolates of pathogens parvovirus enteritis of dogs, cats feline panleukopenia, Aleutian Disease. A search in the database GenBank, EMBL, DDBJ sequences of genes parvovirus carnivores. It was found that the database contains information on about 200 partially or fully sequencing of gene sequences and the genomic DNA of the virus panleukopenia Cats (Feline panleukopenia virus, FPV), 600 - parvovirus dogs (Canine parvovirus, CPV), about 2700 sequences - virus Aleutian Disease (Aleutian mink disease parvovirus, AMDPV). Created database: 1) FPV - completely sequenced gene sequences and the VP2 VP1, encoding structural proteins, about 2,100 base pairs in length (bp) and 1600 bp according; Genomic DNA of about 4600 bp (Total 67 sequences) 2) CPV - completely sequenced and sequences of genes VP2 NS-1 encoding nonstructural proteins, about 1900, and 2000 bp according; Genomic DNA of about 4500 bp (Total 118 sequences) 3) AMDPV - completely sequenced gene sequences VP1, VP2, NS-1, the length of about 2200 bp, 1700 bp and 2,000 bp according; Genomic DNA of about 5000 bp (Total 183 sequences). All sequences were obtained in FASTA format (* .fasta) or GenBank (* .gb), which will use modern molecular biological software (including mode on-line) for the pair and plural, local and global alignment to determine conserved and variable gene fragments. Created primer system based on conserved protein genes for display and identification of pathogens parvovirus infection carnivore

Індекс УДК:619, 619:577.2.08:575:616.98:578:636.7/.9

Коди тематичних рубрик: 68.41

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: Праймерна система для індикації вірусів родини Parvoviridae із одночасною ідентифікацією вірусів панлейкопенії кішок, парвовірусу собак першого та другого типу (CPV-1,CPV-2) та Алеутської хвороби норок

Назва НТП англійською: Primer system to indicate the virus family Parvoviridae simultaneous identification of viruses panleykopeniyi cats, dogs parvovirus first and second type (CPV-1, CPV-2) and Aleutian mink disease

НТП, яку передбачалося створити:

Причини, через які НТП не було створено:

Отримані результати: програмно-технологічна документація

Галузь застосування: 85.20.0

Реєстраційний номер картки технології:

Опис НТП: Праймерна система дозволяє одночасно виявляти геномну ДНК усіх парвовірусів м'ясоїдних (парвовірусного ентериту собак, алеутської хвороби норок, панлейкопенії кішок) у клінічному матеріалі, проводити швидку та надійну індикацію, що повністю задовольняє діагностичні потреби. Чутливість та специфічність праймерної системи знаходяться в межах, визначених та рекомендованих МЕБ.

Соціально-економічна спрямованість НТП:

Вплив НТП на довкілля:

Впровадження НТП: Впроваджено

Практична реалізація НТП

Початок етапу: з 2017 р.

Закінчення етапу:

Споживачі продукції: ПЛР лабораторії ветеринарної медицини

Перспективні ринки: Україна

Характер співробітництва з інвестором

Потрібний обсяг інвестицій, тис. грн.: 20

Права, що надаються інвестору після завершення роботи:

Наявність бізнес-плану: Ні

Техніко-економічне обгрунтування: Ні

Потенціальний обсяг продажу, тис. грн.: 10

Очікуваний термін окупності (років): 2

Додаткова інформація: серійне видання

IX. Бібліографічний опис

X. Заключні відомості

Керівник юридичної особи Стегній Борис Тимофійович

Перелік осіб-виконавців

Келеберда Микола Іванович

Кузнецов Євген Петрович

Рудова Наталія Генадіївна

Солодянкін Олексій Сергійович

Фісенко Світлана Анатоліївна

Відповідальний за підготовку облікових документів

Телефон

Реєстратор

Керівник відділу УкрІНТЕІ, що є відповідальним за реєстрацію наукової діяльності

