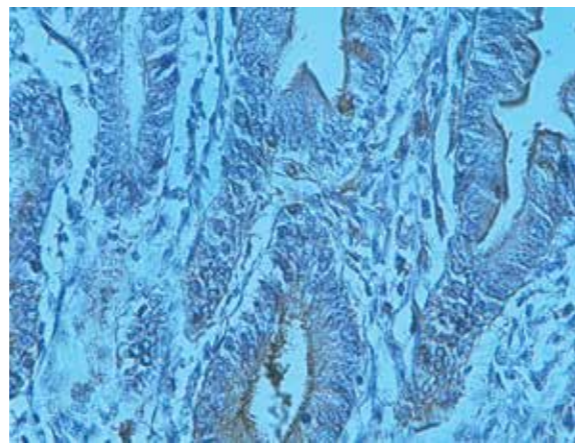


а



б

Рис. 3. Тонкий кишечник цыпленка через 2 сут. после экспериментального заражения:

а — парафиновый срез, окр. гематоксилин и эозин, ок. $\times 10$, об. $\times 15$;
б — парафиновый срез, ИГХ окр. ДАБ и гематоксилин, ок. $\times 10$, об. $\times 40$

альвеоцитах и среди десквамированных клеток слизистой оболочки парабронхов.

В головном мозге цыпленка опытной группы наблюдали область периваскулярной инфильтрации лимфоцитами. В ткани мозжечка в молекулярном слое регистрировали пролиферацию глиальных клеток на фоне разрушившихся нейронов (рис. 2).

Гистологические изменения тонкого кишечника кур, вызванные вирусом ГП A/duck/Altai/469/14 H5N1, проявлялись в виде деструкции ворсинок и гиперплазии стромы гладкомышечной оболочки. При ИГХ-окрашивании вирусный антиген идентифицировали в эпителиальном слое ворсинок и в клетках люберкюновых желёз (рис. 3).

При гистологическом исследовании сердца зараженных птиц выявляли мультифокальные поражения, отек и дегенерацию волокон миокарда. В очагах некроза миоцитов выявляли антиген вируса ГП подтипа H5N1.

Таким образом, ИГХ-анализ тканей через 48 ч после введения инфекционного агента показал размножение вируса в эндотелии сосудов головного мозга, глиальных клетках мозжечка, эпителии трахеи, эпителиоцитах и альвеоцитах легких, миоцитах сердца, слизистом слое и просвете желез тонкого кишечника. Антиген вируса ГП A/H5N1 выявляли в тканях с микроскопическими поражениями в виде очагов некроза и умеренного воспаления, при этом выраженных клинических симптомов болезни после 48 ч воздействия возбудителя на птиц не наблюдали.

Подобные патоморфологические изменения органов кур с ИГХ-анализом тканей показаны в работе И.В. Бахчина и коллег, где для интраназального заражения использовали изолят ВППП A/grebe/Tyva/433/10/H5N1, который относится к той же группе эпизоотических вирусов ГП азиатского происхождения, что и исследуемый возбудитель [2].

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В результате проведенных экспериментов было установлено, что изолят A/duck/Altai/469/14 H5N1 вы-

зывает острое генерализованное заболевание у кур с характерными для ГП клиническими признаками и патоморфологическими поражениями органов с локализацией вируса в тканях респираторной, пищеварительной, нервной и сердечно-сосудистой систем.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Иммуногистохимические методы. Руководство / ред. G.L. Kumar, L. Rudbeck; пер. с англ. — М.: У Никитских ворот, 2011. — 223 с.
2. Патоморфологические изменения у кур при экспериментальном заражении вирусом гриппа птиц A/H5N1 / И.В. Бахчин, И.А. Чвала, М.А. Волкова [и др.] // Вестник ветеринарии. — 2014. — № 1 (68). — С. 47–51.
3. Руководство по вирусологии. Вирусы и вирусные инфекции человека и животных / ФГБУ «НИИ вирусологии им. Д.И. Ивановского» Минздрава России; под ред. Д.К. Львова. — М.: Мед. информ. агентство, 2013. — 1197 с.
4. Чвала И.А. Особенности гриппа птиц A/H5N1 у кур // Ветеринария. — 2012. — № 12. — С. 27–28.
5. Bertran K., Dolz R., Majó N. Pathobiology of avian influenza virus infection in minor gallinaceous species: a review // Avian Pathol. — 2014. — Vol. 43, № 1. — P. 9–25.
6. OIE. Highly pathogenic avian influenza, Russia: Immediate notification (30/09/2014); Follow-up report No. 1 (08/10/2014); Follow-up report No. 2 (05/11/2014). — URL: http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Reviewreport/Review?page_refer=MapFullEventReport&reportid=16421.
7. Pantin-Jackwood M.J. Immunohistochemical staining of avian influenza virus in tissues // Animal Influenza Virus: Methods in Molecular Biology / ed. E. Spackman. — London, 2014. — Vol. 1161. — P. 51–58.
8. Pantin-Jackwood M.J., Swayne D.E. Pathogenesis and pathobiology of avian influenza virus infection in birds // Rev. Sci. Techn. OIE. — 2009. — Vol. 28. — P. 113–136.
9. Yin J., Liu S., Zhu Y. An overview of the highly pathogenic H5N1 influenza virus // Virologica Sinica. — 2013. — Vol. 28, № 1. — P. 3–15.

УДК 619:578.825.1:578.5

АНАЛИЗ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ПОЛНОГО ГЕНОМА ШТАММА «О» ВИРУСА ИНФЕКЦИОННОГО ЛАРИНГОТРАХЕИТА ПТИЦ

А.А. Козлов¹, Н.Г. Зиняков², С.Н. Колосов³, Н.С. Мудрак⁴, И.А. Чвала⁵

¹ аспирант, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: a.mr.seven@mail.ru

² старший научный сотрудник, кандидат биологических наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: zinyakov@arriah.ru

³ главный научный сотрудник, кандидат биологических наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: kolosov@arriah.ru

⁴ главный научный сотрудник, доктор биологических наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: mudrak@arriah.ru

⁵ заведующий лабораторией, кандидат ветеринарных наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: chvala@arriah.ru

РЕЗЮМЕ

Представлены данные по определению и анализу нуклеотидной последовательности полного генома штамма «О» вируса инфекционного ларинготрахеита птиц. В ходе картирования нуклеотидной последовательности полного генома выявлен ряд уникальных значимых нуклеотидных особенностей в генах, кодирующих поверхностные белки, ответственные за взаимодействие с клеточными рецепторами. Показана принадлежность штамма «О» к филогенетической группе 1, подгруппе 1 (1.1). В ходе работы установлено генетическое родство отечественного вакцинного штамма «О» с другими широко используемыми вакцинными штаммами в мировом птицеводстве, такими как Serva, Cover, Hudson и Fowl laryngo. Картированная нуклеотидная последовательность депонирована в международную базу данных GenBank под номером KU128407 и является первой полной генетической характеристикой отечественного вакцинного штамма.

Ключевые слова: вирус инфекционного ларинготрахеита, полногеномное секвенирование, последовательность полного генома, картирование генома, филогенетический анализ.

UDC 619:578.825.1:578.5

ANALYSIS OF WHOLE GENOME SEQUENCE OF STRAIN "O" OF AVIAN INFECTIOUS LARYNGOTRACHEITIS VIRUS

A.A. Kozlov¹, N.G. Zinyakov², S.N. Kolosov³, N.S. Mudrak⁴, I.A. Chvala⁵

¹ PhD student, FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: a.mr.seven@mail.ru

² Senior Researcher, Candidate of Science (Biology), FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: zinyakov@arriah.ru

³ Chief Researcher, Candidate of Science (Biology), FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: kolosov@arriah.ru

⁴ Chief Researcher, Doctor of Science (Biology), FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: mudrak@arriah.ru

⁵ Head of Laboratory, Candidate of Science (Veterinary Medicine), FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: chvala@arriah.ru

SUMMARY

Data on identification and analysis of whole genome nucleotide sequence of strain «O» of avian infectious laryngotracheitis virus are demonstrated. In the process of the whole genome sequence mapping a number of unique and significant nucleotide properties has been identified in genes that code surface proteins responsible for interacting with cell receptors. Strain «O» has been demonstrated to belong to phylogenetic group 1 subgroup 1 (1.1). Genetic relatedness of domestic strain «O» to other vaccine strains widely used in global poultry industry such as Serva, Cover, Hudson and Fowl laryngo has been determined. The mapped nucleotide sequence has been deposited in the international GenBank database under the accession number KU128407. It is the first complete genetic characterization of the domestic vaccine strain.

Key words: infectious laryngotracheitis virus, whole genome sequencing, whole genome sequence, gene mapping, phylogenetic analysis.

ВВЕДЕНИЕ

Инфекционный ларинготрахеит (ИЛТ) — экономически значимое респираторное заболевание сельскохозяйственной птицы, наносящее ущерб птицеводству во всём мире. Возбудителем является ДНК-содержащий вирус *Gallid herpesvirus 1* (GaHV-1) семейства *Herpesviridae*, подсемейства *Alphaherpesvirinae* [6]. На данный момент в GenBank опубликованы последовательности полных геномов десяти производственных штаммов вируса ИЛТ и десяти вирулентных штаммов, выделенных на территории США, Австралии и Китая. Данные по полногеномному секвенированию российских штаммов ИЛТ отсутствуют. Чтобы получить более полную информацию о генетическом разнообразии вируса ИЛТ в разных географических регионах, в настоящей работе была определена полная последовательность генома отечественного вакцинного штамма «О» и проведен её сравнительный анализ с последовательностями других штаммов, опубликованных в GenBank.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Для получения вирусосодержащей суспензии заражали 11-сут. эмбрионы кур, свободных от патогенных факторов (СПФ), на хорионаллантоисную оболочку (ХАО). Через 7 сут. после заражения эмбрионы вскрывали и отбирали поражённую ХАО. Полученный материал диспергировали и подвергали однократной за-

морозке и оттаиванию. Очистку и концентрирование вирусосодержащего материала проводили с помощью ультрацентрифугирования в градиенте плотности сахарозы [1].

Для выделения ДНК из очищенного материала применяли набор DNeasy Mini Kit (Qiagen, Германия) в соответствии с инструкцией производителя.

Определение первичной структуры генома проводили методом пирофосфатного секвенирования «454 Life Sciences» на автоматическом секвенаторе GS Junior (Roche, Германия) согласно протоколам изготовителя. Для сборки последовательности вирусного генома использовали программное обеспечение GS De Novo Assembler (454 Life Science Corp.).

С помощью программы BioEdit 7.1.9 (www.mbio.ncsu.edu/bioedit/bioedit.html) было выполнено выравнивание последовательности полного генома штамма «О» и последовательностей штаммов, представленных в базе данных GenBank (табл. 1). С помощью программы MEGA 3.1 (www.megasoftware.net/mega.php, алгоритм построения UPGMA) была получена дендрограмма, отражающая филогенетические отношения анализируемых штаммов (рис. 2).

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Длина нуклеотидной последовательности полного генома штамма «О» составляет 153634 п.н. (G+C 48,09%, A+T 51,91%). По своей структуре геном состоит из уникальной длинной области (UL) (1–113921 п.н.) и уникальной короткой области (US) (126732–139825 п.н.), окружённой короткими областями внутреннего инвертированного повтора (IRS) и концевой инвертированного повтора (TRS) (рис. 1).

Сравнение последовательности штамма «О» с последовательностью референтного штамма *Serva* показало, что полученный геном содержит 79 открытых рамок считывания (ORF) с межгенными участками (рис. 1). При этом в ходе картирования нуклеотидной последовательности полного генома штамма «О» был выявлен ряд уникальных особенностей, отличающих данный штамм от других, представленных в табл. 1. Так, в позиции 18373 н. гуанин (G) меняется на аденин (A) (область гена UL50), в позициях 74684 и 75877 н. также G меняется на A (область гена UL43), что не приводит к изменению аминокислотного состава, при этом в генах US6 и US9, кодирующих поверхностные белки, ответственные за взаимодействие с клеточными рецепторами, выявлены значимые изменения нуклеотидной последовательности. Так, в гене US6 в позиции 135992 н. замена G на A приводит к смене аминокислоты глицин (G позиция 358 а.к.) на глутаминовую кислоту (E). В областях инвертированных повторов обнаружены нуклеотидные вставки в позициях 126719–126722 н. (IRS) и 139835–139838 н. (TRS), при этом последняя приводит к удлинению рамки считывания гена US9 вследствие смещения стоп-кодона. Кодированная данным геном аминокислотная последовательность удлиняется на 20 а.к. (с 260 до 280 а.к) и полностью меняет состав аминокислот в позиции 240–280 а.к.

Как видно из табл. 2, геном штамма «О» показывает высокий уровень нуклеотидного сходства (99,97–99,98%) с вакцинными штаммами *Serva*, *Cover*, *Hudson* (табл. 1), а также с *Fowl laryngo*, и сравнительно более низкий уровень сходства с вакцинами *LT-Ivax*, *IVAX* и штаммом *K317* (99,90%). Наиболее низкий уровень

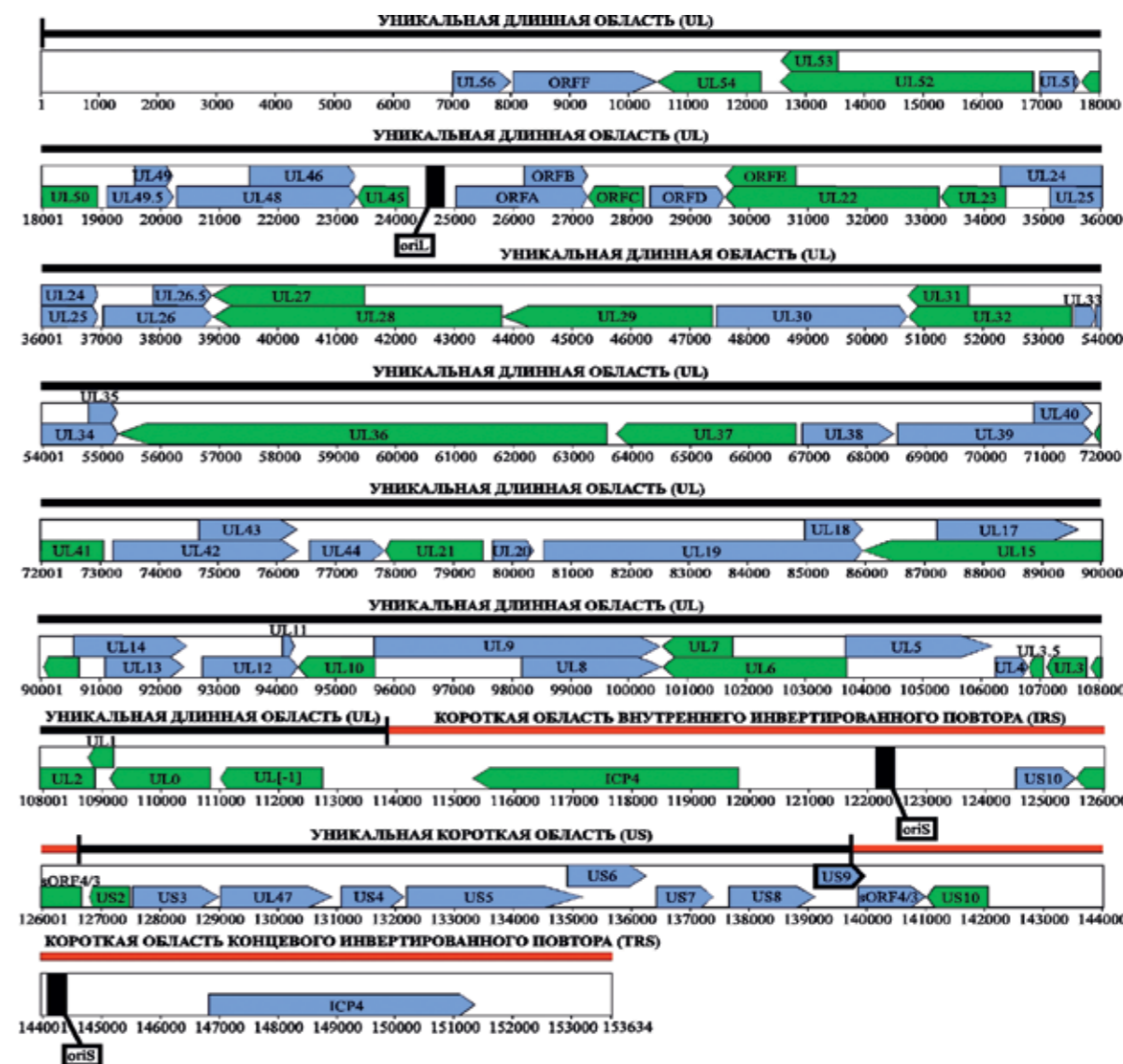


Рис. 1. Картирование нуклеотидной последовательности полного генома штамма «О» вируса ИЛТ (относительно последовательности референтного штамма *Serva* HQ630064) с обозначением генов, их расположения в геноме и указанием направления считывания с них аминокислотной последовательности, а также отмечены сайты инициации репликации вирусной ДНК (*oriS* и *oriL*) [4]

нуклеотидного сходства (99,91%) генома штамма «О» наблюдается с вакцинными штаммами SA2 и A20.

Исходя из филогенетических отношений, показанных на рис. 2, и принимая во внимание время выделения (или депонирования) того или иного штамма, было проведено деление большей части штаммов на три филогенетические группы и две подгруппы. Высокое значение *Bootstrap* критерия (показатель достоверности топологии узла ветвления) в ключевых точках ветвления (рис. 2) подтверждает правомерность данного деления.

Группа 1 предположительно включает две подгруппы:

- подгруппа 1.1 — штаммы *Cover* (выделен приблизительно в 1958 г.) [6], *Hudson* (1962 г.) [6], *Fowl laryngotracheitis* (1991 г.) [5], *Serva* (точное время вы-

деления этого штамма неизвестно) [6], 63140C08BR (2006 г.) [5], ACC78 (2008 г.) [3] и штамм «О» (199 г.) [2];

- подгруппа 1.2 — LT-Ivax LP (1991 г.) [5], IVAX (1991 г.) [5], 81658 (2010 г.) [5] и штамм «USDA»; а также в группу 1 включён штамм из Китая — LJS09 (2009 г.) [4].

Группа 2: штаммы SA2 (1966 г.) [6] и A20 (1983 г.) [6].

Группа 3: штаммы CSW-1 (1970 г.) [7] и V1-99 (1999 г.) [7].

Кроме того, одной из причин появления штаммов, образующих отдельные филогенетические ветви, является рекомбинация между штаммами разных филогенетических групп. Так, например, штаммы CSW-1 и V1-99 [6, 7], ACC78 и CL9 [6, 3], и 1874C5 являются рекомбинантами [6] (рис. 2).

Приведённое деление на филогенетические группы несколько отличается от представленного ранее K.R. Menendez и соавт. [6]. В их работе штаммы, входящие в первую филогенетическую группу (рис. 2), разделены на две группы (клады). Учитывая то, что они более близки по отношению друг к другу, чем к другим филогенетическим группам, в данной работе выделили их в общую группу, но в отдельные подгруппы. В связи с низким уровнем нуклеотидного сходства штаммов SA2 и A20 с CSW-1 и V1-99 (99,53–99,57%) они также были выделены в отдельные группы (рис. 2).

Таблица 1
Штаммы вируса ИЛТ, представленные в GenBank

№	Название	Происхождение	Номер в GenBank
1	EU/CEO vac. strain <i>Serva</i>	Европа	HQ630064
2	Aus/CEO vac. strain SA2	Австралия	JN596962
3	Aus/TCO vac. strain A20	Австралия	JN596963
4	Aus/virul. strain CL9	Австралия	JN804827
5	Aus/virul. strain ACC78	Австралия	JN804826
6	Aus/virul. strain CSW-1	Австралия	JX646899
7	Aus/virul. strain V1-99	Австралия	JX646898
8	USA/virul. strain USDA	США	JN542534
9	USA/strain TCO vac. LT-Ivax	США	JN580315
10	USA/CEO vac. LaryngoVac (strain Cover)	США	JQ083494
11	USA/virul. strain 1874C5	США	JN542533
12	USA/virul. strain 81658	США	JN542535
13	USA/CEO vac. Fowl laryngo	США	JN580317
14	USA/CEO vac. TRVX (strain Hudson)	США	JN580313
15	USA/strain TCO vac. IVAX	США	JN580312
16	USA/virul. strain 63140C08	США	JN542536
17	USA/CEO vac. LT Blen (strain Hudson)	США	JQ083493
18	Chi/virul. strain LJS09	Китай	JX458822
19	Chi/vac. strain K317	Китай	JX458824
20	Chi/strain WG	Китай	JX458823
21	Rus/CEO vac. strain O (FGBI «ARRIAH»)	РФ	KU128407

Таблица 2
Различия между нуклеотидными последовательностями геномов вакцинных штаммов вируса ИЛТ (в процентах %)

№	Название	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1	EU/CEO vac. strain Serva	X	0.48	0.47	0.10	0.03	0.03	0.02	0.09	0.02	0.10	0.02
2	Aus/CEO vac. strain SA2	0.48	X	0.02	0.46	0.49	0.49	0.48	0.45	0.48	0.56	0.49
3	Aus/TCO vac. strain A20	0.47	0.02	X	0.45	0.49	0.49	0.48	0.45	0.48	0.55	0.49
4	USA/strain TCO vac. LT-lvax	0.10	0.46	0.45	X	0.10	0.10	0.09	0.00	0.09	0.17	0.10
5	USA/CEO vac. LaryngoVac (strain Cover)	0.03	0.49	0.49	0.10	X	0.01	0.01	0.10	0.01	0.11	0.03
6	USA/CEO vac. Fowl laryngo	0.03	0.49	0.49	0.10	0.01	X	0.00	0.10	0.00	0.10	0.02
7	USA/CEO vac. TRVX (strain Hudson)	0.02	0.48	0.48	0.09	0.01	0.00	X	0.09	0.00	0.10	0.02
8	USA/strain TCO vac. IVAX	0.09	0.45	0.45	0.00	0.10	0.10	0.09	X	0.09	0.17	0.10
9	USA/CEO vac. LT Blen (strain Hudson)	0.02	0.48	0.48	0.09	0.01	0.00	0.00	0.09	X	0.10	0.02
10	Chi/vac. strain K317	0.10	0.56	0.55	0.17	0.11	0.10	0.10	0.17	0.10	X	0.10
11	Rus/CEO vac. strain O (FGBI «ARRIAH»)	0.02	0.49	0.49	0.10	0.03	0.02	0.02	0.10	0.02	0.10	X

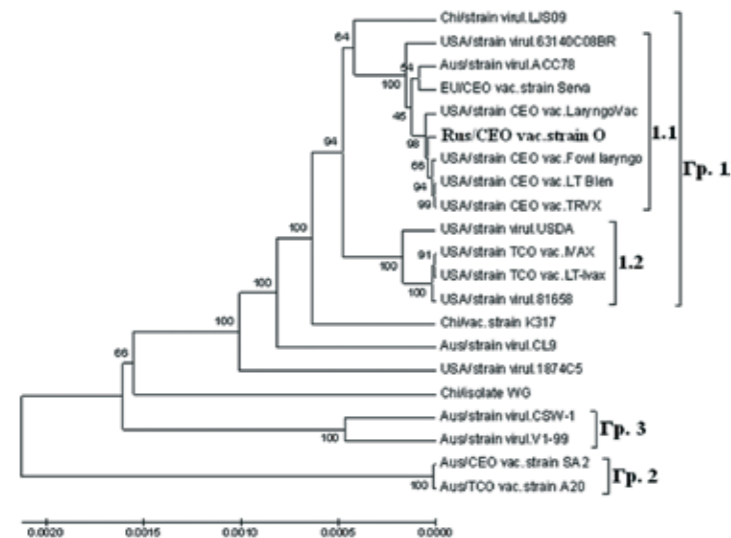


Рис. 2. Дендрограмма, отражающая филогенетические отношения анализируемых штаммов вируса ИЛТ

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В результате проведенной работы была определена нуклеотидная последовательность полного генома штамма «О» (ФГБУ «ВНИИЗЖ») вируса ИЛТ.

Полученная последовательность была картирована относительно референтного штамма Serva и опубликована в GenBank (KU128407).

В результате филогенетического анализа была показана принадлежность штамма «О» к филогенетической группе 1, подгруппе 1 (1.1).

Анализ нуклеотидных последовательностей полных геномов использованных в работе штаммов вируса ИЛТ показал высокий уровень нуклеотидного сходства штамма «О» с штаммами Serva, Cover, Hudson, а также с Fowl laryngo (99,97–99,98%). В ходе картирования нуклеотидной последовательности полного генома штамма «О» в генах, кодирующих поверхностные белки, ответственные за взаимодействие с клеточными рецепторами, был выявлен ряд уникальных особенностей: значимая нуклеотидная замена в гене

US6 и вставка четырех нуклеотидов в конечном инвертированном повторе, приводящая к удлинению рамки считывания гена US9 и изменению состава кодируемой данным геном аминокислотной последовательности.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Очистка и концентрирование вируса инфекционного ларинготрахеита птиц / А.А. Козлов, Д.Б. Андрейчук, А.Н. Андриясова, Н.С. Мудрак // Инновационное развитие науки в обеспечении биологической безопасности: сб. материалов 2-й Междунар. науч. конф. молодых ученых. — Гвардейский, Казахстан, 2014. — С. 125–128.
2. Пат. 2207372 Российская Федерация, МПК⁷ C12N 7/00. Штамм «О» вируса инфекционного ларинготрахеита птиц для изготовления диагностических и вакцинных препаратов / А.В. Бочарников, В.Ю. Кулаков, А.В. Борисов [и др.]; ФГУ «ВНИИЗЖ». — № 2002105552/13; заявл. 28.02.2002; опубл. 27.06.2003.
3. Attenuated vaccines can recombine to form virulent field viruses / S.W. Lee, P.F. Markham, M.J. Coppo [et al.] // Science. — 2012. — Vol. 337, № 6091. — P. 188.
4. Complete genome sequence of the first Chinese virulent infectious laryngotracheitis virus / C. Kong, Y. Zhao, X. Cui [et al.] // PLoS ONE. — 2013. — Vol. 8, № 7. — URL: <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0070154>.
5. Genomic sequence analysis of the United States infectious laryngotracheitis vaccine strains chicken embryo origin (CEO) and tissue culture origin (TCO) / M. García, V. Volkening, S.M. Riblet [et al.] // Virology. — 2013. — Vol. 440. — P. 64–74.
6. Molecular epidemiology of infectious laryngotracheitis: a review / K.R. Menendez, M. García, S. Spatz, N.L. Tablante // Avian Pathology. — 2014. — Vol. 43, № 2. — P. 108–117.
7. Phylogenetic and molecular epidemiological studies reveal evidence of multiple past recombination events between infectious laryngotracheitis viruses / S.W. Lee, J.M. Devlin, J.F. Markham [et al.] // PLoS ONE. — 2013. — Vol. 8, № 2. — URL: <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0055121>.

УДК 619:616.98:578.826.1:616-073

ХАРАКТЕРИСТИКА ИЗОЛЯТА АДЕНОВИРУСА ПТИЦ FAdV4/6/2009

О.С. Осипова¹, М.А. Волкова², Н.Г. Зиняков³, С.П. Лазарева⁴, В.Ю. Сосипаторова⁵, И.А. Чвала⁶

¹ ветеринарный врач, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: osipova@arriah.ru
² ведущий научный сотрудник, кандидат биологических наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: volkovama@arriah.ru
³ старший научный сотрудник, кандидат биологических наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: zinyakov@arriah.ru
⁴ ведущий биолог, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: lazareva@arriah.ru
⁵ ведущий биолог, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: sosipatorova@arriah.ru
⁶ заведующий лабораторией, кандидат ветеринарных наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: chvala@arriah.ru

РЕЗЮМЕ

Аденовирус птиц был изолирован из печени 154-суточных кур одного из хозяйств Краснодарского края в 2009 г. Вирус выделили на культуре клеток гепатомы петуха Леггорн с проявлением цитопатического действия и идентифицировали методом ПЦР с последующим секвенированием фрагмента гена гексона как аденовирус птиц вида С. При экспериментальном пероральном заражении 7-суточных бройлеров развивался синдром гидроперикардита.

Ключевые слова: аденовирус птиц, синдром гидроперикардита.

UDC 619:616.98:578.826.1:616-073

CHARACTERIZATION OF AVIAN ADENOVIRUS FAdV4/6/2009 ISOLATE

O.S. Osipova¹, M.A. Volkova², N.G. Zinyakov³, S.P. Lazareva⁴, V.Yu. Sosipatorova⁵, I.A. Chvala⁶

¹ Veterinarian, FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: osipova@arriah.ru
² Leading Researcher, Candidate of Science (Biology), FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: volkovama@arriah.ru
³ Senior Researcher, Candidate of Science (Biology), FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: zinyakov@arriah.ru
⁴ Leading Biologist, FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: lazareva@arriah.ru
⁵ Biologist, PhD student, FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: sosipatorova@arriah.ru
⁶ Head of Laboratory, Candidate of Science (Veterinary Medicine), FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: chvala@arriah.ru

SUMMARY

Avian adenovirus was isolated from livers of 154-day-old hens on one farm located in the Krasnodar Krai in 2009. The virus was isolated in chicken Leghorn male hepatoma cell culture that exhibited cytopathogenic effect and identified as avian type C adenovirus by PCR followed by sequencing of hexon gene fragment. Hydropericardium syndrome developed in 7-day-old broiler chickens experimentally orally infected with the virus.

Key words: avian adenovirus, hydropericardium syndrome.