

УДК 619:579.842.14

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДЕТЕКЦИЯ ГЕНОМА *SALMONELLA CHOLERAE SUIS***Тяпша Ю.И., Дубаневич О.В., Андрусевич А.С.**

РУП «Институт экспериментальной ветеринарии им. С.Н. Вышелесского», г. Минск, Республика Беларусь

*Проведен скрининг нуклеотидных последовательностей гена *fliC* к сальмонеллам различных видов, циркулирующих у свиней, пушных зверей, птиц и КРС, и подобраны специфические праймеры к *Salmonella cholerae suis*. **Ключевые слова:** сальмонеллы, *Salmonella cholerae suis*, полимеразная цепная реакция, праймеры.*

MOLECULAR-GENETIC DETECTION OF THE GENOME OF *SALMONELLA CHOLERAE SUIS***Tsiapsha Y.I., Dubanevich A.O., Andrusevich A.S.**

Institute of Experimental Veterinary Medicine named after S.N. Vyshellessky, Minsk, Republic of Belarus

*The nucleotide sequences of the *fliC* gene were screened for salmon of various species circulating in pigs, fur-bearing animals, birds and cattle and specific primers for *Salmonella cholerae suis* were selected. **Keywords:** *Salmonella*, *Salmonella cholerae suis*, polymerase chain reaction, primers.*

Введение. Профилактика желудочно-кишечных болезней является не только основой для сохранения поголовья животных, но имеет и социальную значимость, поскольку потребление животноводческой продукции сопряжено с риском ее контаминации сальмонеллами, эшерихиями, иерсиниями и другими микроорганизмами – возбудителями пищевых токсикоинфекций у человека [2, 5, 7, 8].

Актуальность проблемы сальмонеллезов связана с высокими уровнями заболеваемости и сохраняющейся тенденцией к ее росту, трудностями в эпидемиологическом расследовании причин сальмонеллезов, формированием резистентности к противомикробным препаратам, отсутствием эффективной специфической профилактики. Разработка методов экспресс-диагностики сальмонеллезов и методов типирования сальмонелл является одним из важных моментов сдерживания распространения возбудителей [6].

Это обстоятельство потребовало пересмотра сложившихся методологических подходов к профилактике сальмонеллезов и необходимости ранней, высокочувствительной и строго специфической диагностики с целью выявления больных животных.

Классическим методом диагностики является изоляция штамма сальмонелл в культуре и затем его типирование по совокупности антигенных и биохимических свойств. Однако для сальмонеллезов возможно латентное носительство с периодическим выделением бактерий. При этом антибиотикотерапия может купировать выделение сальмонелл с фекалиями на срок до нескольких месяцев, не приводя к полной элиминации патогена. Поэтому данные контрольных бактериологических исследований почти не имеют диагностической ценности. Выделение сальмонелл в культуре и их идентификация занимает не менее 3-4 суток. Бактериологическое исследование имеет даже при оптимальном выполнении невысокую чувствительность и специфичность, так как его результаты зависят от методов взятия материала и количества взятого образца, методик культивирования, а главное – от динамики появления сальмонелл в биологическом субстрате [9].

Внедрение метода полимеразной цепной реакции (ПЦР) в лабораторную практику стало еще одним важным звеном при постановке диагноза, который ставится с учетом анамнестических данных, эпизоотологических, клинических и лабораторных методов исследований, позволяющим прямую детекцию генома возбудителя. Исследования методом ПЦР наиболее надежны на сегодняшний день, они позволяют проводить быструю (в течение 5 часов), максимально достоверную детекцию генома возбудителя (*Salmonella cholerae suis*) из изначально малого количества исследуемого материала (100 мкл) [1, 3, 4]. Поэтому перед нами была поставлена задача сконструировать собственные тест-системы ПЦР для диагностики геномов различных сероваров сальмонелл, на данном этапе – геном *Salmonella cholerae suis*.

Материалы и методы исследований. В работе были использованы следующие *материалы*: изоляты сальмонелл, принадлежащие РУП «Институт экспериментальной ветеринарии им. С.Н. Вышелесского», набор для выделения нуклеиновых кислот, 10x PCR буфер для Taq ДНК-полимеразы, термостабильная ДНК-полимераза (Taq-полимераза, 5 ед/мкл) (ГНУ «Институт биоорганической химии НАНБ»); смесь дезоксинуклеозидтрифосфатов (25 мМ), маркер молекулярного веса «GeneRuler 50 bp Ladder» (Fermentas, Литва); 10x TE-буфер pH 8,0; бромистый этидий (SIGMA, США); агароза (helicon, Россия); раствор MgCl₂ (50 мМ); праймеры, буфер для нанесения проб; стерильная деионизированная вода.

В работе было использовано следующее *оборудование*: ламинар, микротермостат «BIOSAN-CH100» (Латвия), амплификатор «С 1000 Thermal Cycler», BIO-RAD (США), персональный компьютер (Windows XP, 2 GHz, 512 Mb RAM, 80 Gb HDD, CD-RW, USB 2.0, мышь), Gel Doc XR, BIO-RAD (США), микроцентрифуга высокоскоростная (14 000 об/мин) Jouan (Франция), комплект автоматических пипеток «SOCOREX» (Швейцария) вместимостью 0,1-2 мкл, 0,5-10

мкл, 20-200 мкл, 100-1000 мкл, 1-10 мл и наконечники к ним (с фильтрами и без фильтров), пробирки для микропроб типа «эппендорф» вместимостью 0,5 и 1,5 мл, вортекс «BIOSAN» (Латвия), пробирки для ПЦР вместимостью 0,2 мл для прибора «С 1000 Thermal Cycler», холодильный шкаф «Атлант МХМ 1841» (ЗАО «Атлант», РБ), система для электрофореза «Consort» (Бельгия), термостат SEL LAB (Германия), весы RADWAG AS 220/X (Польша), система подготовки чистой воды «Crystal B», ADRONA (Латвия), паровой автоклав, ионметр (рН-метр).

Методы исследований: подбор праймеров. Поиск новых синтетических олигонуклеотидных праймеров осуществляли по базам данных GeneBank – Национального института здоровья США, EMBL – Европейской молекулярно-биологической лаборатории, DDBJ – Национального института генетики Японии и PDB – базы данных белковых последовательностей при помощи поисковой системы Entrez Национального центра биотехнологической информации США. Полученные последовательности нескольких пар праймеров дополнительно тестировали на специфичность с помощью моделирования ПЦР в программе Vector NTI и BLAST on-line (www.ncbi.nlm.nih.gov/Blast). Окончательный выбор праймеров основывался на следующих критериях: высокий индекс сходства фрагмента ДНК различных штаммов *Salmonella cholerae suis*, температура отжига 55-60°C, размер амплифицируемого фрагмента 200-250 п.о. В результате выбраны синтетические олигонуклеотидные праймеры: прямой F и обратный R. Выбранные праймеры были синтезированы в ОДО «Праймтех» (г. Минск). Ориентировочные температуры плавления и отжига праймеров рассчитывали по формуле $T_m = 4(G+C) + 2(A+T)$.

Выделение ДНК проводили по протоколу «РНК-ВТК».

Анализ бактериальных штаммов сальмонелл на наличие ДНК *Salmonella cholerae suis* проводили **методом ПЦР** с электрофоретической детекцией. В основе метода лежит амплификация специфического участка гена, за счет многократного повторения циклов денатурации ДНК в исследуемой пробе, отжига специфических олигонуклеотидных затравок (праймеров-содержащих последовательности, комплементарные с целевым участком) и синтеза комплементарных цепей ДНК с помощью фермента Taq-полимеразы. В результате проведения определенного (N) количества циклов амплификации концентрация синтезируемого фрагмента в исследуемой пробе увеличивается в 2N раз (например, в миллион раз после 20 циклов), что позволяет учитывать результаты анализа в агарозном геле и с помощью кривой флуоресценции.

Результаты исследований. Сальмонеллы каждого подвида разделяются на серологические варианты, или «биологический паспорт» возбудителя, в котором отражена его антигенная структура, состоящая из трех основных антигенов: O – соматический (термостабильный), H – жгутиковый (термолабильный) и K – поверхностный (капсульный). H-антиген определяет, как известно, типовую специфичность многих энтеробактерий, и его используют для идентификации штаммов.

Поэтому мы выбрали праймеры к H-антигену, гены которого кодируют информацию о специфическом фибриллярном белке, флагеллине, содержащимся в жгутиках *Salmonella cholerae suis* (fliC gene). При разработке тест-системы ПЦР для обнаружения ДНК *Salmonella cholerae suis* использовали базы данных национального центра биотехнологической информации – GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>), Европейского института биоинформатики – EMBL (<http://www.ebi.ac.uk/>) и Японского банка ДНК – DDBJ (<http://www.ddbj.nig.ac.jp/>). Используя данные баз, мы выбрали специфичные праймеры к fliC гену *Salmonella cholerae suis* (таблица 1).

Таблица 1 – Основные параметры сконструированных праймеров

Праймер	Последовательность, 5'-3'	Температура плавления (T _m), °C	GC, %	Ампликон, п.н.
F-Shs244	GATGTGAGCGATACTGCTGT	60	50	244
R-Shs244	TAACCTGCTCCTGTATCTGCG	60	50	

Температуры плавления праймеров рассчитывали по формуле ($T_m = 4(G+C) + 2(A+T)$).

На рисунке 1 с помощью программ Align X построено филогенетическое дерево штаммов *Salmonella cholerae suis*, *Salmonella dublin*, *Salmonella gallinarum*, *Salmonella abortusequi*, *Salmonella typhimurium*, *Salmonella enteritidis* к гену fliC.

На нем видно, что ген fliC у данных штаммов сальмонелл имеет достаточно сильную вариабельность по отношению к *Salmonella cholerae suis*.

Специфичность праймеров установили путем нуклеотидного выравнивания прямого (таблица 2) и обратного (таблица 3) праймеров различных штаммов сальмонелл.



Рисунок 1 – Молекулярно-филогенетическое дерево штаммов *Salmonella cholerae suis*, *Salmonella dublin*, *Salmonella gallinarum*, *Salmonella abortusequi*, *Salmonella typhimurium*, *Salmonella enteritidis* к гену *fliC*

Таблица 2 – Фрагмент множественного выравнивания нуклеотидных последовательностей прямого праймера

Название штамма	Нуклеотидная последовательность
Salm.dubl_Austria_DQ095556 (449)	GAAGCGACAGTGGGTGATCTGAA
Salm.dublin_fliC_Austria_DQ095553 (449)	GAAGCGACAGTGGGTGATCTGAA
Salm.dublin_fliC_Austria_DQ095554 (449)	GAAGCGACAGTGGGTGATCTGAA
Salm.dubl_fliC_Austria_DQ095559 (449)	GAAGCGACAGTGGGTGATCTGAA
Salm_pullorum_Austria_DQ838252 (449)	GAAGCGACAGTGGGTGATCTGAA
Salm_pullorum_STYFLICH (538)	GAAGCGACAGTGGGTGATCTGAA
Salm.enterit_fliC_UK_AY649742 (538)	GAAGCGACAGTGGGTGATCTGAA
Salm.enterit_fliC_Canada_EF113939 (215)	GTTGTTA ACTGACCGTT TGCTGC
Salm.enterit_fliC_Canada_EF113940 (222)	GTTGTTA ACTGACCGTT TGCTGC
Salm_abortusequi_China_KJ486797 (178)	GATGTGAAGAGCGAAGCAGTCAC
Salm_abortusequi_Ireland_HE801378 (502)	GATGTGAAGAGCGAAGCAGTCAC
Stm_fliC_Austria_DQ095491 (449)	AAGGTCA GCGATACGGCTGC
Stm_fliC_Austria_DQ095492 (449)	AAGGTCA GCGATACGGCTGC
Stm_fliC_UK_AY649718 (538)	AAGGTCA GCGATACGGCTGC
Stm_fliC_UK_AY649720 (538)	AAGGTCA GCGATACGGCTGC
Stm_fliC_India_HM920247 (538)	AAGGTCA GCGATACGGCTGC
Stm_fliC_UK_AY649719 (538)	AAGGTCA GCGATACGGCTGC
Stm_fliC_USA_EF057752 (538)	AAGGTCA GCGATACGGCTGC
Stm_fliC_USA_EF057767 (538)	AAGGTCA GCGATACGGCTGC
Stm_fliC_USA_EF057785 (538)	AAGGTCA GCGATACGGCTGC
Stm_fliC_USA_EF057787 (538)	AAGGTCA GCGATACGGCTGC
Stm_fliC_USA_EF057788 (538)	AAGGTCA GCGATACGGCTGC

Продолжение таблицы 2

Название штамма	Нуклеотидная последовательность
Shs fliC gene Taiwan GU327824 (538)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene Taiwan GU327820 (538)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene Taiwan GU327831 (538)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene Taiwan GU327835 (538)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene Taiwan GU327823 (538)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene Taiwan GU327825 (538)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene Austria DQ838259 (449)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene Taiwan GU327834 (538)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene France HQ871174 (466)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene France HQ871184 (466)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene France HQ871191 (466)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene Austria DQ838278 (449)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene Taiwan GU327828 (538)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene Taiwan GU327832 (538)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene Taiwan GU327821 (538)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene Taiwan GU327826 (538)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene China AF159459 (634)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene Taiwan GU327827 (538)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene Taiwan GU327829 (538)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene Taiwan GU327830 (538)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene Taiwan GU327833 (538)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ
Shs fliC gene UK AY649740 (538)	GATGTGA GCGATACTGCTGТ

В данной таблице 2 жирным цветом обозначена последовательность праймера *Salmonella cholerae suis* (Shs), которая имеет делецию из 3 нуклеотидов по отношению к другим видам сальмонелл кроме *Salmonella typhimurium* (Stm), с которой нуклеотидное несовпадение из 5 нуклеотидов на 5 и 3 штрих-концах.

Таблица 3 – Фрагмент множественного выравнивания нуклеотидных последовательностей прямого праймера

Название штамма	Нуклеотидная последовательность
Salm.dubl_Austria_DQ095556 (679)	TACCGCTGAAGCCAAAGCGA
Salm.dublin_fliC_Austria_DQ095553 (679)	TACCGCTGAAGCCAAAGCGA
Salm.dublin_fliC_Austria_DQ095554 (679)	TACCGCTGAAGCCAAAGCGA
Salm.dubl_fliC_Austria_DQ095559 (679)	TACCGCTGAAGCCAAAGCGA
Salm.pullorum_Austria_DQ838252 (679)	TACCGCTGAAGCCAAAGCGA
Salm.pullorum_STYFLICH (768)	TACCGCTGAAGCCAAAGCGA
Salm.enterit_fliC_UK_AY649742 (768)	TACCGATGAAGCCAAAGCGA
Salm.abortusequi_China_KJ486797 (399)	TGATGAT GGTGCAGTCA
Salm.abortusequi_Ireland_HE801378 (723)	TGATGAT GGTGCAGTCA
Stm_fliC_Austria_DQ095491 (664)	TAAGACGAACGGTAAGGTGA
Stm_fliC_Austria_DQ095492 (664)	TAAGACGAACGGTAAGGTGA
Stm_fliC_UK_AY649718 (753)	TAAGACGAACGGTAAGGTGA
Stm_fliC_UK_AY649720 (753)	TAAGACGAACGGTAAGGTGA
Stm_fliC_India_HM920247 (753)	TAAGACGAACGGTGAGGTGA
Stm_fliC_UK_AY649719 (753)	TAAGACGAACGGTGAGGTGA
Stm_fliC_USA_EF057752 (753)	TAAGACGAACGGTGAGGTGA
Stm_fliC_USA_EF057767 (753)	TAAGACGAACGGTGAGGTGA
Stm_fliC_USA_EF057785 (753)	TAAGACGAACGGTGAGGTGA
Shs fliC gene Taiwan GU327824 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Taiwan GU327822 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Taiwan GU327820 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Taiwan GU327820 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Taiwan GU327831 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA

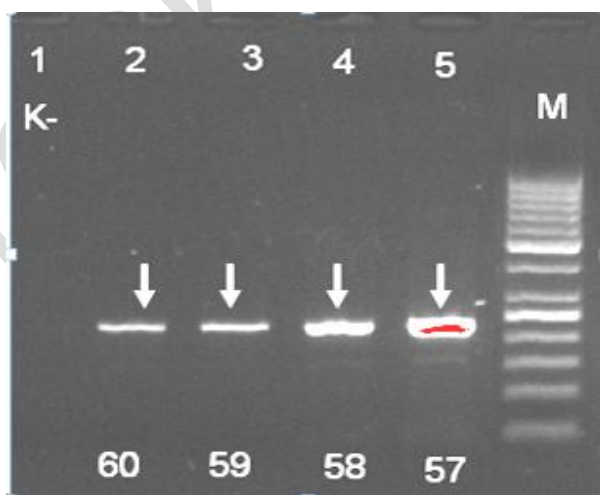
Продолжение таблицы 3

Название штамма	Нуклеотидная последовательность
Shs fliC gene Taiwan GU327835 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Taiwan GU327823 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Taiwan GU327825 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Austria DQ838259 (673)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Taiwan GU327834 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene France HQ871174 (690)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene France HQ871184 (690)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene France HQ871191 (690)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Austria DQ838278 (673)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Taiwan GU327828 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Taiwan GU327832 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Taiwan GU327821 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Taiwan GU327826 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene China AF159459 (858)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Taiwan GU327827 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Taiwan GU327829 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Taiwan GU327830 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene Taiwan GU327833 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA
Shs fliC gene UK AY649740 (762)	CGCAGATACAGGAGCAGTTA

В таблице 3 нуклеотидное совпадение еще больше выражено и составляет более 50%, что полностью исключает возможность ложноположительных результатов.

Таким же образом мы проанализировали еще несколько подобранных праймеров (GATGTGAGCGATACTGCTGT и GGCAACAGTGACTTCATAGG; AGCAACAAATGCCAAAGCTGC и TTTTACCGTCTGCGCCACCT).

При постановке ПЦР с пробами ДНК выделенной из различных изолятов *Salmonell*, геном *Salmonella cholerae suis* более успешно был детектирован праймерами F-Shs244, R-Shs244. Стрелками показаны специфические фрагменты ДНК *Salmonella cholerae suis* на уровне 244 п.н. ПЦР тест-система работает в широких диапазонах температур 57-60°C (рисунок 2).



1 – проба с температурой отжига 57°C; 2 – проба с температурой отжига 58°C;
3 – проба с температурой отжига 59°C; 4 – проба с температурой отжига 60°C;

K- – отрицательный контрольный образец; m – маркер

Рисунок 2 – Электрофоретическая детекция продуктов амплификации проб, исследуемых тест-системой для обнаружения ДНК возбудителя *Salmonella cholerae suis*

Заключение. 1. Сделан скрининг нуклеотидных последовательностей гена fliC к сальмонеллам различных видов, циркулирующих у свиней, пушных зверей, птиц и КРС, и подобраны специфические праймеры к *Salmonella cholerae suis*, из которых при испытании в лабораторных условиях отобрана лучшая пара.

2. Сконструирована отечественная тест-система для детекции генома возбудителя *Salmonella cholerae suis*.

Литература. 1. Коллектив фирмы «НПФ ДНК-Технология». Теоретические основы полимеразной цепной реакции. – Москва. – 1998. – 35 с. 2. Максимович, В. В. Сальмонеллез свиней. – Минск, Ураждай. – 1994. – 158 с. 3. Методические указания по диагностике заболеваний сельскохозяйственных животных и птиц методом полимеразной цепной реакции: методические указания / Ш. Ж.Турсункулов. – Астана. – 2008. – 20 с. 4. Организация работы при исследованиях методом ПЦР материала, инфицированного патогенными биологическими агентами III-IV групп патогенности: Методические указания / Г. Г.Онищенко. – Москва. – 2004. – 25 с. 5. Прудников, В. С. Иммуноморфогенез у животных, перорально вакцинированных против сальмонеллеза, и влияние на него иммуностимуляторов : дис. ... д-ра ветеринарных наук : 16. 00. 02 / В. С. Прудников ; Витебский ветеринарный институт. – Витебск, 1990. – 546 с. – Библиогр. : С.474–523. 6. Токарев, В. А. Варианты мониторинга госпитальных штаммов ВБИ, сальмонеллезной этиологии / В. А. Токарев, Е. И. Гудкова, А. А. Адарченко // Внутрибольничные инфекции – проблемы эпидемиологии, клиники, диагностики, лечения и профилактики : Тез. докл. 2 Рос. науч.-практ. конф. с междунар. участием. – Москва, 1999. - С. 236-237. 7. Уорд, А. М. Иммунохимия в клинической лабораторной практике / А. М. Уорд, Дж. Т. Уичер. - 1998. - 5 с. 8. Фримеля, Г. Иммунологические методы / Г. Фримеля. - 1987. - 162 с. 9. [Электронный ресурс]. - <http://chererahi.info/pub/veterinarye/165-salmonellez-veterinarya-gerpetologiya>.

Статья передана в печать 08.06.2018 г.

УДК 636.934.3:611.43:621.039

МОРФОЛОГИЧЕСКОЕ СОСТОЯНИЕ ЭНДОКРИННЫХ ЖЕЛЕЗ И СОДЕРЖАНИЕ РАДИОНУКЛИДОВ В ОРГАНИЗМЕ ЕНОТОВИДНОЙ СОБАКИ В УСЛОВИЯХ ТЕРРИТОРИИ БЕЛОРУССКОГО СЕКТОРА ЗОНЫ ОТЧУЖДЕНИЯ

*Федотов Д.Н., *Кучинский М.П., **Юрченко И.С.

*УО «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины», г. Витебск, Республика Беларусь

**Государственное природоохранное научно-исследовательское учреждение «Полесский государственный радиационно-экологический заповедник», г. Хойники, Республика Беларусь

Впервые установлено морфологическое состояние щитовидной железы и надпочечников у енотовидных собак, обитающих на территории зоны отчуждения, а также установлено содержание и распределение в их организме радионуклидов. Ключевые слова: енотовидная собака, щитовидная железа, надпочечник, радионуклиды, радиационный фон.

MORPHOLOGICAL STATE OF ENDOCRINE GLANDS AND ¹³⁷CS CONTENT IN THE ORGANISM OF THE MARTEN IN THE CONDITIONS OF THE TERRITORY OF BELARUSSIAN SECTOR OF THE EXCLUSION ZONE

*Fiadotau D.N., *Kuchinsky M.P., **Yrchenko I.S.

*Vitebsk State Academy of Veterinary Medicine, Vitebsk, Republic of Belarus

**Polessky State Radiation Ecological Reserve, Khoyniki, Republic of Belarus

The morphological state of the thyroid gland and adrenal glands of raccoon dog living in the exclusion zone was established for the first time, as well as content and distribution of radionuclide in their organism. Keywords: raccoon dog, thyroid gland, adrenal gland, radionuclide, radiation background.

Введение. Радиационно-экологический мониторинг государственного природоохранного научно-исследовательского учреждения «Полесский государственный радиационно-экологический заповедник» включает наблюдение и контроль состояния загрязненной радионуклидами ближней зоны Чернобыльской АЭС, получение базовой информации для оценки и прогноза общей радиоэкологической обстановки. Использование данных радиоэкологического мониторинга позволяет выявлять многие закономерности изменения радиационной обстановки территории, существования и развития наземных и водных экосистем в условиях радиоактивного загрязнения территории и снятия антропогенной нагрузки [1, 8].

На территорию заповедника и близлежащие земли оказала существенное влияние техногенная катастрофа на Чернобыльской АЭС [1]. Специфика любых техногенных воздействий заключается, с одной стороны, в разрушении природной среды, приводящей к формированию сообществ с иными качественными и количественными параметрами, с другой стороны, выделяемые токсичные или радиоактивные вещества напрямую или через цепи питания воздействуют на морфофизиологические процессы организма [5, 6]. Однако часто ученые рассматривают техногенное воздействие на биоценотическом уровне или популяционно-видовом, а на организменном и тканево-органо-м – практически остаются без внимания, возможно, в связи со сложностью их проведения.

В последние годы значительно повысился научный и практический интерес к изучению эффектов воздействия радиационного фона окружающей среды на щитовидную железу [2, 8], что обусловлено, прежде всего, распространением ядерных технологий, а, следовательно, возможностью возникновения аварийных ситуаций, при которых могут иметь место радиоактивные выбросы.

Организм диких животных постоянно находится во взаимодействии с многочисленными факторами окружающей среды или ареала обитания. Задача, стоящая перед ними в такой ситуации, заключается в непрерывном приспособлении к этой среде для сохранения себя как