

**Аспартаминотрансфераза (АсАТ, АСТ) и аланинаминотрансферазы (АлАТ, АЛТ).** Аминотрансферазы переносят аминокислоты от аминокислот к кетокислотам. АсАТ и АлАТ не обладают органной специфичностью, однако определение их активности используют для диагностики болезней печени и сердца [7].

При гепатитах резко повышается активность АлАТ, поражение миокарда сопровождается преимущественно возрастанием активности АсАТ. Отмечено резкое повышение активности АсАТ и АлАТ при травматическом перикардите у коров.

При синдроме цитолиза гепатоцитов в несколько раз повышается активность не только АлАТ, но и АсАТ. Активность этих ферментов в сыворотке крови определяют главным образом для диагностики болезней печени и сердца, при которых происходит распад клеток.

#### Общий клинический анализ крови

К методам общего клинического анализа относят подсчет количества эритроцитов, лейкоцитов, тромбоцитов, дифференциальный подсчет лейкоцитов, определение гематокрита, гемоглобина, осмотической резистентности эритроцитов, времени рекальцинации плазмы, скорости оседания эритроцитов и некоторые другие.

**Гемоглобин (ГГ)** — дыхательный пигмент крови, состоит из белка глобина и протетической группы — гема. Глобин по строению близок к альбумину, синтезируется в печени, представляет хелатный комплекс протопарферина с двухвалентным железом.

Основная функция ГГ — перенос кислорода от легких к тканям. ГГ участвует в транспорте углекислого газа из тканей в легкие, в поддержании кислотно-основного равновесия в организме, т.е. обладает буферными свойствами. Он способен соединяться с оксидом углерода, образуя карбоксигемоглобин, а также с некоторыми химическими веществами с образованием метгемоглобина. Эти соединения не способны переносить кислород от легких к тканям.

*Снижение количества ГГ* отмечается при дефицитных анемиях вследствие недостатка железа, меди, кобальта, витамина В<sub>12</sub>, фолиевой кислоты, белков и других веществ, при хронических интоксикациях, гепатите, гепатозе и других болезнях печени, кетозе, расстройствах желудочно-кишечного тракта, инфекционных и инвазионных болезнях. Умеренное снижение ГГ отмечают при алиментарной (железодефицитной) анемии, более выраженное — при массовой кровопотере, гемолитической и гипопластической анемии. Следует отметить, что снижение концентрации ГГ и количества эритроцитов не всегда протекает параллельно. Чаще количество ГГ уменьшается резче, чем число эритроцитов в крови. Однако при ряде заболеваний могут воз-

никать противоположные сдвиги, поэтому необходимо одновременно определять цветовой показатель.

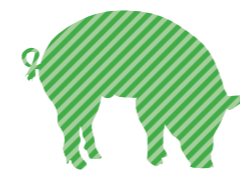
*Повышение уровня ГГ* отмечают при сгущении крови (диарея, обильное потоотделение), непроходимости кишечника, сильной мышечной нагрузке [7].

#### ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Результаты приведенного обзора позволяют заключить, что каждый биохимический компонент (параметр) сыворотки (плазмы) крови имеет огромное значение для обеспечения необходимого уровня обмена веществ в организме животных, функционирования отдельных органов и их систем. Изменение содержания (снижение или повышение) этих параметров относительно нормального уровня может иметь различные причины: незаразные и инфекционные заболевания, несбалансированность рациона и режима кормления. Любая причина оказывает неодинаковое влияние на разные системы и, соответственно, на разные показатели крови, формируя особую клиническую и биохимическую картину. Поэтому только комплексный биохимический анализ сыворотки (плазмы) крови животных может иметь значение при постановке диагноза, характеристике течения болезни и оценке эффективности выбранной терапии.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Васильева Е.А. Клиническая биохимия сельскохозяйственных животных. — 2-е изд., перераб. и доп. — М., Россельхозиздат, 1982. — 254 с.
2. Козинец Г.И. Интерпретация анализов крови и мочи и их клиническое значение. — М.: Триада-Х, 1998. — 104 с.
3. Колб В.Г., Камышников В.С. Клиническая биохимия (пособие для врачей-лаборантов). — Минск, Беларусь, 1976. — 316 с.
4. Кудрявцев А.А., Кудрявцева Л.А. Клиническая гематология животных. — М.: Колос, 1974. — 399 с.
5. Лабораторные исследования в ветеринарии: биохимические и микологические: справочник / сост. Б.И. Антонов, Т.Ф. Яковлева, В.И. Дерябина [и др.]; под ред. Б.И. Антонова. — М.: Агропромиздат, 1991. — 287 с.
6. Лабораторные методы исследования в клинике: справочник / В.В. Меньшиков, Л.Н. Делекторская, Р.П. Золотницкая [и др.]; под ред. В.В. Меньшикова. — М.: Медицина, 1987. — 368 с.
7. Методы ветеринарной клинической лабораторной диагностики: справочник / под ред. И.П. Кондрахина. — М.: КолосС, 2004. — 520 с.
8. Методические указания по применению унифицированных биохимических методов исследования крови, мочи и молока в ветеринарных лабораториях: утв. ГУВ МСХ СССР 03.04.1981 г. / В.Т. Самохин, П.Е. Петров, И.М. Беляков [и др.]. — М.: ВАСХНИЛ, 1981. — 87 с.



УДК 619:616.98:578.842.1:577.2

## ГЕНОМНЫЕ АБЕРРАЦИИ В ДНК ВИРУСА АФРИКАНСКОЙ ЧУМЫ СВИНЕЙ, ЦИРКУЛИРУЮЩЕГО НА ТЕРРИТОРИИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

А.А. Варенцова<sup>1</sup>, А.А. Елсукова<sup>2</sup>, Н.Г. Зиняков<sup>3</sup>, А.С. Иголкин<sup>4</sup>, Н.Н. Власова<sup>5</sup><sup>1</sup> младший научный сотрудник, кандидат биологических наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: varentsova@arriah.ru<sup>2</sup> научный сотрудник, кандидат биологических наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: elsukova@arriah.ru<sup>3</sup> научный сотрудник, кандидат биологических наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: zinyakov@arriah.ru<sup>4</sup> заведующий лабораторией, кандидат ветеринарных наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: igolkin\_as@arriah.ru<sup>5</sup> главный научный сотрудник, доктор биологических наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: vlasova\_nn@arriah.ru

#### РЕЗЮМЕ

Статья посвящена анализу вариабельности геномов изолятов вируса африканской чумы свиней, выделенных на территории Российской Федерации.

Методом пиросеквенирования получены полные нуклеотидные последовательности геномов вируса африканской чумы свиней изолятов: Кашино 04/13, Одинцово 02/14, Карамзино 02/13. После сравнительного анализа геномов указанных изолятов с геномом изолята Грузия 2007/1 установлено наличие множественных единичных вставок и делеций, а также наличие двух различающихся по локализации tandemных повторов. Причем 17-нуклеотидный tandemный повтор впервые обнаружен в интергенном регионе 9R/10R мультигенного семейства MGF505 в геноме изолятов Шихобалово 10/13 и Карамзино 02/13.

**Ключевые слова:** африканская чума свиней, полногеномное секвенирование, анализ генома, tandemный повтор, делеция и вставка.

UDC 619:616.98:578.842.1:577.2

## GENOMIC ABERRATIONS IN DNA OF AFRICAN SWINE FEVER VIRUS CIRCULATING IN THE TERRITORY OF THE RUSSIAN FEDERATION

А.А. Varentsova<sup>1</sup>, А.А. Yelsukova<sup>2</sup>, N.G. Zinyakov<sup>3</sup>, А.С. Igolkin<sup>4</sup>, N.N. Vlasova<sup>5</sup><sup>1</sup> Junior Researcher, Candidate of Science (Biology), FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: varentsova@arriah.ru<sup>2</sup> Researcher, Candidate of Science (Biology), FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: elsukova@arriah.ru<sup>3</sup> Researcher, Candidate of Science (Biology), FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: zinyakov@arriah.ru<sup>4</sup> Head of Laboratory, Candidate of Science (Veterinary Medicine), FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: igolkin\_as@arriah.ru<sup>5</sup> Main Researcher, Doctor of Science (Biology), FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: vlasova\_nn@arriah.ru

#### SUMMARY

The paper is devoted to analysis of genome variability of African swine fever (ASF) virus isolates recovered in the Russian Federation territory.

Complete nucleotide sequences of the following ASF virus isolate genomes were obtained by pyrosequencing: Kashino 04/13, Odintsovo 02/14 and Karamzino 02/13. Multiple single insertions and deletions as well as distinctly localized two tandem repeats were found by comparative analysis of genomes of the said isolates and Georgia 2007/1 isolate. Notably that 17-nucleotide tandem repeat was detected in 9R/10R intergenic region of MGF505 multigene family in genomes of Shikhobalovo 10/13 and Karamzino 02/13 isolates for the first time.

**Key words:** African swine fever (ASF), whole-genome sequencing, genome analysis, tandem repeat, deletions and insertions.

**ВВЕДЕНИЕ**

На данный момент актуальность изучения основ патогенности вируса африканской чумы свиней (АЧС) трудно переоценить, поскольку, начиная с 2007 г., эта болезнь нанесла и продолжает наносить значительный экономический ущерб свиноводству Российской Федерации и ряда европейских стран [2].

Вирус АЧС относится к наиболее сложноорганизованным вирусам млекопитающих, геном которого несет в себе информацию более чем о 160 белках. Кроме 50 структурных белков, в ДНК вируса АЧС закодированы ферменты, ответственные за репликацию генома, сборку вириона, а также регуляторные белки, влияющие на работу всего ферментативного аппарата клетки-хозяина [4].

На настоящий момент определены основные группы генов вируса АЧС, ответственные за его вирулентность, тем не менее вопрос о создании эффективной защиты против АЧС остается открытым до сих пор [5].

Одним из препятствий к созданию средств специфической профилактики АЧС является высокая скорость изменчивости вируса.

Основным направлением контроля изменчивости вируса является анализ структуры генома методом полногеномного секвенирования [9]. Ранее использование этого метода зарубежными и отечественными учеными в изучении возбудителя АЧС позволило не только выявить изменения в геноме вируса, но и провести сравнительный анализ функций измененных генов [6, 7]. Филогенетический анализ используется для дифференциации и анализа пространственно-временного распространения изученных изолятов вируса АЧС [8].

Полногеномное секвенирование является основополагающим этапом для определения локусов изменчивости геномов, который позволяет определить наиболее вариабельные регионы. Однако его трудоемкость и дороговизна снижают его применимость для многочисленных исследований при анализе геномов. Поэтому после определения локусов в дальнейшем применяют полимеразную цепную реакцию (ПЦР) в сочетании с секвенированием фрагментов по Сэнгеру, что позволяет в короткие сроки охарактеризовать по определенному участку большое количество изолятов возбудителя.

Все это предопределило проведение специального молекулярно-биологического анализа, посвященного генетической характеристике российских изолятов вируса АЧС.

**МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ**

*Вирус.* В работе использовали вирус АЧС изолятов Кашино 04/13, Карамзино 02/13 (Тверская область, кабан), Одинцово 02/14 (Московская область, кабан) и Шихобалово 10/13 (Владимирская область, кабан).

*Приготовление препарата ДНК* вируса АЧС для пиросеквенирования: для накопления и получения вирусосодержащего материала использовали культуру альвеолярных макрофагов свиньи (АМС) и препараты вирус-кровь, полученные от инфицированных животных.

ДНК вируса АЧС выделяли методом фенол-хлороформной экстракции.

Для анализа нуклеотидных последовательностей генома штаммов и изолятов вируса АЧС использовали ресурсы международных баз данных NCBI, EMBL. Срав-

нительный анализ гомологии нуклеотидных последовательностей генов проводили с помощью программ BioEdit 6.0.7. и MEGA 5.05.

**РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ**

Поскольку стояла задача выявить различающиеся варианты вируса АЧС, циркулирующего на территории Российской Федерации, то для сравнительного анализа отобрали изоляты, выделенные в различных областях от диких кабанов.

Для анализа изменчивости генома вируса АЧС проведено пиросеквенирование полноразмерного генома изолята Кашино 04/13 и Одинцово 02/14, в результате чего получены их нуклеотидные последовательности и опубликованы в GenBank. Изучение изменений генов, произошедших в геноме вируса АЧС российских изолятов, проводили путем множественного выравнивания полноразмерных последовательностей геномов вируса АЧС изолятов Одинцово 02/14, Кашино 04/13 и представленного в системе GenBank генома изолята Грузия 2007/1 (GI: 303398661).

Проведенный анализ изменений показал, что в сравнении с последовательностью изолята Грузия 2007/1 в геноме изолята Одинцово 02/14 и Кашино 04/13 обнаружены изменения, которые составляют ~0,051% и ~0,038% от длины их геномов соответственно. Причем максимальное количество (45,8%) изменений наблюдалось в левом концевом регионе генома.

Сопоставление локусов функциональной карты вируса АЧС показало, что в геноме изолята Кашино 04/13 и Одинцово 02/14 произошли изменения в генах мультигенных семейств MGF110, MGF 360, MGF 505, а также в гене QP383R. Как было показано Burrage T.G. и соавт., гены MGF 505 и 530 вируса АЧС были вовлечены в репликацию вируса в клещах рода *Ornithodoros* и макрофагах свиней [3].

Кроме этого, у изолята Кашино 04/13 изменения произошли в генах, ответственных за морфогенез вируса (B602L) и регуляцию репликации (A224L), в то время как для изолята Одинцово 02/14 выявлены изменения в гене NP419L и CP204L, кодирующем ответственный за проникновение вируса белок р30 (таблица).

Кроме установленных изменений в генах, с помощью пиросеквенирования выявлено наличие двух tandemных повторов в правой и левой вариабельных областях генома российских изолятов [1].

Так, в ходе полногеномного секвенирования в геноме изолята Одинцово 02/14 обнаружен прямой tandemный повтор размером 10 нуклеотидов (GGAATATATA), расположенный в правой концевой области генома в интергенном регионе между генами I73R и I329L. Впервые эта встройка была обнаружена в геноме вируса АЧС, выделенного в Воронежской области (изолят Богучары 06/13). Всего было проверено 27 изолятов, но только 16 из них содержали встройку, к ним относятся изоляты Московской, Псковской, Калужской, Тульской, Белгородской и Воронежской областей. Изоляты без встройки были выделены на территории Тверской и Владимирской областей [1].

Дальнейшие исследования изолятов Ростов 2009, Волгоград 2010 показали, что в их геномах отсутствует данный tandemный повтор, в то же время он выявлен в геноме вируса АЧС изолята Смоленск 08/13, что согласуется с данными Gallardo C. и соавт. о первом по-

**Таблица**

**Сравнительный анализ геномов вируса АЧС изолятов Кашино 04/13, Одинцово 02/14 и Грузия 2007/1**

№№	Гены	Функция	Изменения в геноме Кашино 04/13	Изменения в геноме Одинцово 02/14
1	L83L	unknown	-	+
2	ASFV_G_ACD_00070	unknown	+	+
3	<b>MGF_110-1L</b>	<b>110 Multigene</b>	+	+
4	ASFV_G_ACD_00120	unknown	+	+
5	<b>MGF_110-14L</b>	<b>110 Multigene</b>	+	-
6	ASFV_G_ACD_00240	unknown	+	-
7	<b>MGF_110-13L</b>	<b>110 Multigene</b>	+	-
8	ASFV_G_ACD_00290	unknown	-	+
9	ASFV_G_ACD_00350	unknown	+	-
10	<b>X69R</b>	<b>Putative transmembrane protein</b>	+	-
11	<b>MGF_360-10L</b>	<b>360 Multigene</b>	+	-
12	<b>MGF_505-5R</b>	<b>505 Multigene</b>	+	-
13	<b>MGF_505-9R</b>	<b>505 Multigene</b>	-	+
14	<b>MGF_505-10R</b>	<b>505 Multigene</b>	+	-
15	<b>A224L</b>	<b>apoptosis inhibitors proteins (IAP) homolog</b>	+	-
16	<b>B602L</b>	<b>required for the correct folding of the capsid protein p72</b>	+	-
17	B407L	unknown	+	-
18	<b>CP204L</b>	<b>p30 phosphoprotein. involved in virus entry.</b>	-	+
19	<b>NP419L</b>	<b>DNA ligase</b>	-	+
20	<b>QP383R</b>	<b>NifS like protein</b>	+	+
21	I267L	unknown	+	-
22	ASFV_G_ACD_01760	unknown	+	-
23	<b>I243L-I73R</b>	<b>New intergene region</b>	-	+
24	I196L	unknown	+	+

«+» — установлено отличие от нуклеотидной последовательности вируса АЧС изолята Грузия 2007/1;

«-» — отличий не установлено.

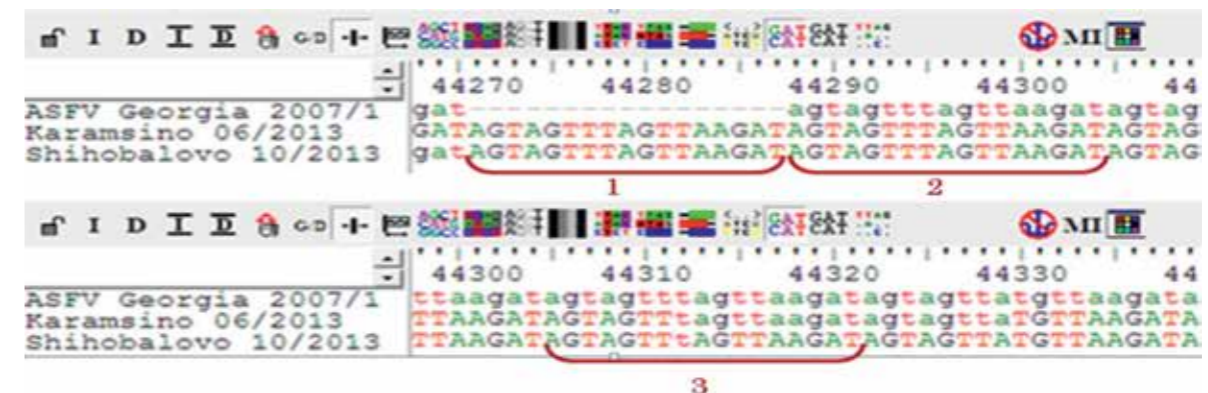
явлении встройки в интергенном регионе I73R и I329L в изолятах, выделенных в 2012 г. [8].

При аналогичных исследованиях отдельных областей геномов вируса АЧС изолятов Шихобалово 10/13 и Карамзино 02/13 после их сравнительного анализа с геномом изолята Грузия 2007/1 в левой вариабельной области было установлено наличие другого tandemного повтора.

Этот 17-нуклеотидный (AGTAGTTCAGTTAAGAT) tandemный повтор обнаружен в интергенном регионе между генами 9R и 10R мультигенного семейства MGF 505 (рисунок).

Как известно, интергенные регионы влияют на функционирование генов, причем количество tandemных повторов является одним из регуляторов их активности [10].

*Рис. Нуклеотидные последовательности интергенного региона 9R/10R изолятов Грузия 2007/1, Карамзино 06/13 и Шихобалово 10/13 вируса АЧС. Скобками указаны tandemные повторы*



**ЗАКЛЮЧЕНИЕ**

Анализ результатов полногеномного секвенирования, проведенного в ФГБУ «ВНИИЗЖ», позволил выявить изменения в генах мультигенных семейств и генах, ответственных за морфогенез и проникновение вируса в клетки-мишени. На настоящий момент установлено наличие двух tandemных повторов, расположенных в правом и левом варибельных регионах генома.

Как показали исследования, наличие tandemного повтора 173R/1329L в правой варибельной области позволило определить области локализации и время появления второго варианта вируса АЧС на территории Российской Федерации. Исследования изолятов Ростов 2009, Волгоград 2010 показали, что в их геномах отсутствует данный tandemный повтор, в то же время он выявлен в геноме вируса АЧС изолята Смоленск 08/13. Настоящее исследование показало наличие третьего варианта вируса АЧС, содержащего tandemный повтор R9/R10, у двух российских изолятов 2013 г. в интергенном регионе левого варибельного региона. Дальнейшие исследования позволят более точно определять происхождение и эволюцию российских изолятов.

Таким образом, обнаружение подобных tandemных повторов играет важную роль в изучении происхождения, географического распределения и эволюции вируса АЧС.

**СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ**

1. Сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей интергенного региона 173R/1329L кавказских, российских и европейских изолятов вируса АЧС / И.В. Шевченко, Н.Г. Зиняков, А.С. Иголкин [и др.] // Ветеринария и кормление. — 2015. — № 2. — С. 26–28.

2. African swine fever eradication: the Spanish model / M. Arias, J.M. Sanchez-Vizcaino, A. Morilla [et al.] // Trends in Emerging Viral Infections of Swine / ed. A. Morilla, K. Jin, J. Zimmerman. — 1<sup>st</sup> ed. — Ames, Iowa, USA, 2002. — P. 133–139.

3. African swine fever virus multigene family 360 genes affect virus replication and generalization of infection in *Ornithodoros porcinus* ticks / T.G. Burrage, Z. Lu, J.G. Neilan [et al.] // J. Virol. — 2004. — Vol. 78. — P. 2445–2453.

4. African swine fever virus proteins involved in evading host defence systems / L.K. Dixon, C.C. Abrams, G. Bowick [et al.] // Vet. Immunol. Immunopathol. — 2004. — Vol. 100. — P. 117–134.

5. African swine fever virus replication and genomics / L.K. Dixon, D.A.G. Chapman, C.L. Netherton, C. Upton // Virus Res. — 2013. — Vol. 173, № 1. — P. 3–14.

6. A sequencing method based on real-time pyrophosphate / M. Ronaghi, M. Uhlén, P. Nyren // Science. — 1998. — Vol. 281, № 5375. — P. 36–365.

7. Comparison of the genome sequences of nonpathogenic and pathogenic African swine fever virus isolates / D.A.G. Chapman, V. Tcherepanov, C. Upton, L.K. Dixon // J. Gen. Virol. — 2008. — Vol. 89. — P. 397–408.

8. Genetic variation among African swine fever genotype II viruses, Eastern and Central Europe / C. Gallardo [et al.] // Emerg. Infect. Dis. — 2014. — Vol. 20, № 9. — P. 1544–1547.

9. Metzker M.L. Sequencing technologies — the next generation // Nat. Rev. Genet. — 2010. — Vol. 11. — P. 31–46.

10. Related strains of African swine fever virus with different virulence: genome comparison and analysis / R. Portugal, J. Coelho, D. Hoper [et al.] // J. Gen. Virol. — 2015. — Vol. 96. — P. 408–419.

**ФГБУ ВНИИЗЖ ПРОИЗВОДИТ****Вакцины:**

- против болезней КРС: парагрипп-3, ротавирусная инфекция, коронавирусная инфекция, инфекционный ринотрахеит, вирусная диарея;
- против ящура всех типов;
- против болезней МРС: чума мелких жвачных, оспа овец и коз
- против инфекционных болезней свиней

**Диагностические исследования:**

- диагностические исследования на ящур всех типов;
- диагностические и серологические исследования по обнаружению генома болезни Шмалленберг и блютанга;
- мониторинговые и скрининговые исследования инфекционных болезней жвачных животных, ретроспективная диагностика основных экономически значимых болезней (вирусная диарея КРС, инфек-

ционный ринотрахеит КРС, парагрипп-3, рота- и коронавирусные инфекции КРС, лейкоз, респираторно-синцитиальная инфекция и др.);

- лабораторная диагностика губкообразной энцефалопатии КРС (ГЭ) и медленных инфекций МРС;
- диагностические исследования на наличие вируса АЧС и КЧС;
- выделение вируса болезни Ауески в культуре клеток;
- обнаружение респираторных болезней свиней;
- исследования на наличие коронавирусов свиней;
- мониторинговые и скрининговые исследования инфекционных болезней свиней;
- дифференциальная диагностика желудочно-кишечных болезней;
- дифференциальная диагностика болезней свиней, протекающих с поражением центральной нервной системы.

**Сектор продаж ветеринарных препаратов на территории РФ 8-4922-26-15-25, 26-15-51 (доб. 2536)**

**По вопросам проведения исследований обращаться по тел.: 8-4922-26-15-25 (доб.2135)**

УДК 619:616.98:578.842.1(470)

**ЗОНИРОВАНИЕ ТЕРРИТОРИИ  
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ ПО АФРИКАНСКОЙ ЧУМЕ СВИНЕЙ**В.В. Никифоров<sup>1</sup>, А.Н. Спиридонов<sup>2</sup>, А.К. Караулов<sup>3</sup>, Ф.И. Коренной<sup>4</sup><sup>1</sup> заведующий сектором, кандидат ветеринарных наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: nikiforov@arriah.ru<sup>2</sup> младший научный сотрудник, кандидат ветеринарных наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: spiridonov@arriah.ru<sup>3</sup> руководитель ИАЦ, кандидат ветеринарных наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: karaulov@arriah.ru<sup>4</sup> научный сотрудник, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: korennoy@arriah.ru**РЕЗЮМЕ**

В данной статье обсуждается возможность и эффективность применения программ зонирования территории Российской Федерации по африканской чуме свиней и компартиментализации свиноводческих комплексов. Основной целью программы зонирования является формирование независимых зон с разным зооанитарным статусом, в которых будет проводиться усиленный надзор (как пассивный, так и целевой) и действовать ограничения на перемещение между зонами восприимчивых к африканской чуме свиней животных и продукции свиноводства.

Утверждение и валидация программы зонирования территории по африканской чуме свиней позволит снизить (сократить до минимума) риски возможного распространения заболевания в благополучные зоны по африканской чуме свиней и будет способствовать достижению главной цели — получению и поддержанию статуса благополучия по африканской чуме свиней на всей территории страны. При этом действующая программа компартиментализации свиноводческих комплексов позволит при наличии болезни в неблагополучных зонах осуществлять международную торговлю мясом и продукцией свиноводства из благополучных и неблагополучных зон по африканской чуме свиней.

Ключевые слова: африканская чума свиней, зонирование, программа.

UDC 619:616.98:578.842.1(470)

**AFRICAN SWINE FEVER  
ZONING OF THE RUSSIAN FEDERATION TERRITORY**V.V. Nikiforov<sup>1</sup>, A.N. Spiridonov<sup>2</sup>, A.K. Karaulov<sup>3</sup>, F.I. Korennoy<sup>4</sup><sup>1</sup> Head of the Sector, Candidate of Science (Veterinary Medicine), FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: nikiforov@arriah.ru<sup>2</sup> Senior Researcher, Candidate of Science (Veterinary Medicine), FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: spiridonov@arriah.ru<sup>3</sup> Head of the Information Analysis Centre, Candidate of Science (Veterinary Medicine), FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: karaulov@arriah.ru<sup>4</sup> Researcher, FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: korennoy@arriah.ru**SUMMARY**

Possibility and efficacy of African swine fever (ASF) zoning of the Russian Federation (RF) territory and compartmentalization of pig establishments are discussed in the paper. The main goal of the zoning programme is creation of independent zones with different zoo-sanitary status where enhanced surveillance (passive and target) will be carried out and movements of ASF-susceptible live pigs and porcine products between the zones will be restricted. Approval and validation of the programme on ASF zoning of the RF territory will allow reduction (minimization) of risks of possible disease spread to the ASF-free zone as well as achieving the main goal — gaining and maintaining ASF-free status in the whole territory of the country. Moreover, successful programme on pig establishment compartmentalization will allow international trade in pork and porcine products from both ASF-free and ASF-affected zones in case of the disease occurrence in the affected zones.

Key words: African swine fever (ASF), zoning, programme.