ОБНАРУЖЕНИЕ ЦИРКОВИРУСА ТРЕТЬЕГО ТИПА В СВИНОВОДЧЕСКИХ ХОЗЯЙСТВАХ РОССИИ

М. В. Бирюченкова¹, А. М. Тимина², А. В. Щербakov³,

¹ Научный сотрудник, кандидат биологических наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия, e-mail: biruchenkova@arriah.ru; ORCID ID: 0000-0001-9131-8839

² Старший научный сотрудник, кандидат ветеринарных наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия, e-mail: timina@arriah.ru; ORCID ID: 0000-0002-0109-3507

³ Заведующий лабораторией, кандидат биологических наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия, e-mail: ascherbakov@arriah.ru; ORCID ID: 0000-0001-8326-4201

РЕЗЮМЕ

Заболевания, ассоциированные с цирковиром (обычно с цирковиром второго типа), имеют различные проявления, широко распространены у свиней в странах с развитым свиноводством и причиняют значительный экономический ущерб. В 2015 году в США был обнаружен цирковир третьего типа, вызывающий у животных системное воспаление неясной этиологии. Впоследствии были опубликованы данные о выявлении вируса в Азии, Европе и Южной Америке. Проведен анализ литературных данных о современной эпизоотической обстановке по вызванной вирусом третьего типа цирковирной инфекции за рубежом, а также отражены вопросы клинических и патолого-анатомических проявлений заболевания. В работе представлены результаты молекулярно-генетических исследований биоматериалов от свиней из 51 хозяйства 28 регионов Российской Федерации. При исследовании 280 проб биоматериала различного происхождения (органы, ткани, мертворожденные поросята) от домашних свиней с патологией респираторной, репродуктивной и нервной систем, признаками истощения, дерматитами геном цирковиром третьего типа был обнаружен в 11 образцах из 9 хозяйств 5 областей Российской Федерации. Цирковир третьего типа был выявлен в тканях легких, бронхальных

и средостенных лимфоузлов, селезенки поросят групп дорастивания и откорма, взрослых животных и абортинного плода. Положительные пробы по содержанию ДНК цирковиром третьего типа с помощью молекулярных методов (ПЦР, ПЦР в реальном времени) были исследованы на наличие других патогенов. В 6 из 11 проб (55%) были также обнаружены *Actinobacillus pleuropneumoniae*, *Mycoplasma hyorhinis*, *Streptococcus suis*, *Haemophilus parasuis*, *Mycoplasma hyopneumoniae* и *Pasteurella multocida*, а также в одной пробе цирковиром второго типа. Представленные результаты исследований свидетельствуют о возможности смешанной этиологии респираторных патологий и репродуктивных нарушений у обследованных свиней, которые приводят к возникновению широкого спектра клинических признаков. Установлено, что наиболее подвержены заболеванию цирковиром третьего типа поросята в возрасте дорастивания и откорма. Для выявления реального патогенного потенциала цирковиром третьего типа и изучения его распространения на территории Российской Федерации необходимы дальнейшие исследования.

Ключевые слова: полимеразная цепная реакция, цирковир 3-го типа (ЦВС-3), свиньи.

UDC 619:616.98:578:636.4

DETECTION OF PORCINE CIRCOVIRUS TYPE 3 IN RUSSIAN PIG HOLDINGS

M. V. Biryuchenkova¹, A. M. Timina², A. V. Shcherbakov³

¹ Researcher, Candidate of Science (Biology), FGBI "ARRIAH", Vladimir, Russia, e-mail: biruchenkova@arriah.ru; ORCID ID: 0000-0001-9131-8839

² Senior Researcher, Candidate of Science (Veterinary Medicine), FGBI "ARRIAH", Vladimir, Russia, e-mail: timina@arriah.ru; ORCID ID: 0000-0002-0109-3507

³ Head of Laboratory, Candidate of Science (Biology), FGBI "ARRIAH", Vladimir, Russia, e-mail: ascherbakov@arriah.ru; ORCID ID: 0000-0001-8326-4201

SUMMARY

Diseases associated with porcine circoviruses (mainly with porcine circovirus type 2) have various manifestations, are common in pigs in countries having well-developed pig industry and responsible for significant economic losses. Porcine circovirus type 3 (PCV-3) causing systemic inflammation of unknown etiology in animals was detected in the USA in 2015. Later, data on PCV-3 detection in Asia, Europe and South America were published. Analysis of literature data on current epidemic situation on PCV-3 infection in foreign countries as well as the disease clinical manifestations and postmortem lesions are described. Results of molecular and genetic tests of biomaterials collected from pigs in 51 holdings located in 28 regions of the Russian Federation are presented. A total of 280 samples of biological materials of different types (organs, tissues, stillborn piglets) collected from domestic pigs with respiratory, reproductive and neurological disorders, dermatitis and from emaciated pigs were tested and PCV-3 genome was detected in 11 samples from 9 holdings located in 5 regions of the Russian Federation. Porcine

circovirus type 3 was detected in lung, bronchial and mediastinal lymph node, spleen tissues from grower and fattening piglets, adult pigs and aborted fetuses. Samples that were positive for PCV-3 DNA when tested with molecular methods (PCR, real-time PCR) were tested for other pathogens. The following pathogens were also detected in 6 out of 11 samples (55%): *Actinobacillus pleuropneumoniae*, *Mycoplasma hyorhinis*, *Streptococcus suis*, *Haemophilus parasuis*, *Mycoplasma hyopneumoniae* and *Pasteurella multocida*. Porcine circovirus type 2 was detected in one sample. Presented test results are indicative of probable combined etiology of respiratory and reproductive disorders in tested pigs that results in various clinical manifestations. Grower and fattening piglets were found to be the most susceptible to PCV-3-associated disease. Further studies are required for identification of actual PCV-3 pathogenicity and its prevalence in the territory of the Russian Federation.

Key words: polymerase chain reaction, porcine circovirus type 3 (PCV-3), pigs.

ВВЕДЕНИЕ

Цирковирусы входят в состав рода *Circovirus* семейства *Circoviridae*. Цирковиральные инфекции свиней распространены в странах с развитым свиноводством (Германия, Канада, США, Ирландия, Франция, Испания). До недавнего времени считалось, что в популяции свиней встречается два вида цирковируса: цирковир типа 1 (ЦВС-1) и типа 2 (ЦВС-2). В то время как ЦВС-1 не патогенен для рассматриваемого вида животных, ЦВС-2 является первичным этиологическим агентом синдрома мультисистемного истощения поросят-отъемышей (СМИО), ассоциирован с синдромом нефропатии и дерматитов поросят (СНДП), вовлечен в респираторную и репродуктивную патологию свиней, а также может вызывать клинические симптомы заболеваний пищеварительной, лимфатической, кровеносной, нервной системы, а также изменений на коже. В настоящее время антитела к ЦВС-2 обнаруживаются у свиней практически во всех хозяйствах, а число серопозитивных животных может достигать 100% [2, 8].

В 2015 г. в ветеринарной диагностической лаборатории Университета Миннесоты (UMN-VDL) в США был обнаружен новый цирковир 3-го типа – ЦВС-3. Предпосылкой его выявления послужили результаты метагеномного секвенирования образцов тканей, отобранных от свиней с мультисистемными поражениями, которые оказались отрицательными при исследовании их на наличие известных патогенных микроорганизмов, таких как ЦВС-2, вирус гриппа А, вирус репродуктивного и респираторного синдрома свиней, вирус классической чумы свиней, пестивирус, вирус ящура, парвовирус свиней 1-го и 2-го типов, вирус Западного Нила, вирус энцефаломиокардита, *Mycoplasma hyosynoviae*, *Mycoplasma hyopneumoniae* и *Erysipelothrix rhusiopathiae* [8]. Почти одновременно другая исследовательская группа в Соединенных Штатах с помощью метагеномного секвенирования обнаружила ЦВС-3 в тканях от свиноматок с хронической репродуктивной недостаточностью, а также в органах мумифицированных плодов с признаками, характерными для СНДП, от этих же свиноматок. R. Palinski и соавт. провели ретроспективные исследования 48 образцов тканей от животных с СНДП, в которых ранее не было выявлено ЦВС-2. Было установлено, что в 93,8% случаев образцы содержали ЦВС-3 [3].

Впоследствии было показано, что вирус широко распространен в Азии – Китае, Южной Корее, Таиланде [7, 13, 15, 16]. В других источниках сообщается о распространении вируса в странах

Европы – Ирландии, Польше, Дании, Италии, Испании, Великобритании, Германии, Швеции, а также Южной Америки – Бразилии [4, 5, 9–11].

R. Fux и соавт. провели филогенетический анализ полученных в ходе исследований полногеномных последовательностей штаммов ЦВС-3 и последовательностей, имеющихся в базе данных GenBank, что позволило выделить наличие двух отдельных групп штаммов, которые можно рассматривать как генотипы ЦВС-3 [11].

Хотя цирковир 3-го типа был обнаружен у животных разного возраста с различными клиническими признаками, его роль как вероятного патогена в инфекционной патологии свиней остается неясной.

Цель данной работы заключалась в изучении ситуации по ЦВС-3 у свиней в России с использованием молекулярно-генетических методов.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Патологический материал. Для диагностических исследований использовали свежие или замороженные кусочки легких и селезенки, лимфатические узлы от свиней с респираторными нарушениями и признаками истощения; ткани от животных с патологией нервной системы, дерматитами; органы от абортировавших свиноматок, плаценту, органы мертворожденных поросят, полученные из свиноводческих хозяйств РФ.

Выделение ДНК из 10%-й суспензии биологического материала осуществляли с использованием 6 М гуанидин изотиоцианата и стекловолокнистых фильтров GF/F [1].

Детекцию ЦВС-3 проводили методом классической полимеразной цепной реакции (ПЦР) с использованием пары праймеров, специфичных для данного вируса, по методике, описанной G. H. Chen в 2017 г. [6].

Дифференциальную диагностику вирусных и бактериальных заболеваний, ассоциированных с респираторной и репродуктивной патологиями, проводили молекулярными методами (ПЦР в реальном времени (ПЦР-РВ) и ПЦР) параллельно основному исследованию.

Данные о клиническом проявлении болезни и возрасте животных, от которых отбирались образцы патологического материала, были получены из описательной части сопроводительных документов, а также в ходе дополнительного опроса ветеринарных врачей из хозяйств, в которых у свиней регистрировали респираторный и репродуктивный синдромы.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Для достижения поставленной цели было исследовано 280 образцов патологического материала, полученных из различных свиноводческих хозяйств России. Пробы от свиней с поражениями различной этиологии поступили в 2018 г. в ФГБУ «ВНИИЗЖ» из 51 хозяйства 28 регионов РФ для обнаружения присутствующих в материале патогенов инфекционной природы.

На наличие ДНК ЦВС-3 исследовали органы и ткани от свиней с респираторной патологией (121 проба), мертворожденных поросят (3 пробы), свиноматок с нарушением воспроизводительной функции/абортами (26 проб), свиней с дерматитами (2 пробы), патологией нервной системы (3 пробы), а также другими клиническими признаками (125 проб). Основные данные о проведенном исследовании представлены в таблице 1.

Геном ЦВС-3 был обнаружен в 11 образцах (4%), полученных из 9 хозяйств 5 областей РФ: в легких,

Таблица 1
Обнаружение генома ЦВС-3 при различных формах патологии у свиней

Форма патологии	Количество проб	
	исследовано	положительных
Респираторная	121	10
Репродуктивная: мертворождение	3	–
Репродуктивная: аборты	26	1
Дерматиты	2	–
Нервная	3	–
Другое	125	–

бронхиальных и средостенных лимфоузлах, селезенке, а также в органах абортрованного плода.

Положительные по содержанию ДНК ЦВС-3 пробы были также исследованы на наличие других патогенов с помощью молекулярных методов (ПЦР, ПЦР-РВ). Результаты исследований представлены в таблице 2.

В 5 из 11 исследованных проб (45%) не удалось обнаружить присутствия генетического материала других инфекционных агентов. Однако в 6 исследованных пробах патматериала, кроме цирковируса 3-го типа, выявили *Actinobacillus pleuropneumoniae* (дважды), *Mycoplasma hyorhinis* (дважды), *Streptococcus suis* (дважды), *Haemophilus parasuis* (дважды), *Mycoplasma hyopneumoniae* и *Pasteurella multocida*. Примечательно, что в одной из проб наряду с ДНК ЦВС-3 была обнаружена также ДНК цирковируса свиней 2-го типа (табл. 2).

По данным зарубежных публикаций, число проб, в которых обнаруживали ЦВС-3, составляет значительную долю от количества исследованных: 73% (Южная

Корея), 35% (Китай), 22% (Польша), 20% (Ирландия), 13% (США) и 5% (Великобритания) [4, 14, 16].

Вирус обнаруживался в различных видах патологического материала. Так, в 2017 г. в Польше R. Palinski с соавт. установили присутствие ЦВС-3 у свиноматок с кожными поражениями, а также у мумифицированных плодов этих свиноматок. Кроме того, данный вирус был выявлен в 13% образцов легких, ротовой жидкости и мазков из носа от животных с респираторными заболеваниями [3]. В Китае ЦВС-3 выделили из легких поросят с признаками респираторной инфекции и температурой тела выше 40 °C [12]. Помимо этого, ЦВС-3 был выявлен у свиноматок с репродуктивными патологиями в 24 из 35 обследованных в Китае ферм [13].

По данным S. Hayashi (Япония), наиболее часто цирковирус типа 3 обнаруживается в лимфоузлах – подчелюстных и брыжеечных (33% и 25% случаев соответственно), реже – в тканях почек (29%), кишечнике (12%), легочных лимфоузлах (8%), легких (7%), мозге (8%),

Таблица 2

Результаты исследования образцов проб, содержащих ДНК ЦВС-3, на присутствие генетического материала других инфекционных агентов

№ пробы	Регион РФ	Возраст животного	Патология	Органы, взятые для исследования	Другие обнаруженные патогены
1	Воронежская область	Поросенок группы откорма	Респираторная	Легкие, селезенка, регионарные лимфатические узлы	–
2	Белгородская область	Поросенок группы откорма	Респираторная	Легкие, селезенка, регионарные лимфатические узлы	ЦВС-2
3	Курская область	Поросенок группы откорма	Респираторная	Легкие, регионарные лимфатические узлы	<i>Actinobacillus pleuropneumoniae</i>
4	Липецкая область	Поросенок группы откорма	Респираторная	Легкие, селезенка, регионарные лимфатические узлы	–
5	Белгородская область	Поросенок группы откорма	Респираторная	Легкие, регионарные лимфатические узлы	<i>Actinobacillus pleuropneumoniae</i> , <i>Mycoplasma hyopneumoniae</i>
6	Краснодарский край	Поросенок группы дорастивания	Респираторная	Легкие, регионарные лимфатические узлы	<i>Haemophilus parasuis</i> , <i>Mycoplasma hyorhinis</i> , <i>Streptococcus suis</i>
7	Воронежская область	Поросенок группы дорастивания	Респираторная	Легкие, селезенка, регионарные лимфатические узлы	<i>Streptococcus suis</i>
8	Белгородская область	Поросенок группы дорастивания	Респираторная	Легкие, регионарные лимфатические узлы	<i>Haemophilus parasuis</i> , <i>Mycoplasma hyorhinis</i> , <i>Pasteurella multocida</i>
9	Белгородская область	Свиноматка	Респираторная	Легкие, регионарные лимфатические узлы	–
10	Белгородская область	Свиноматка	Респираторная	Легкие, регионарные лимфатические узлы	–
11	Белгородская область	Абортрованный плод	Репродуктивная	Паренхиматозные органы	–

селезенке (4%), печени (3%) и органах плодов (2%) [9]. Х. Ки также выявлял ЦВС-3 в различных органах свиней. Обнаружив вирус в органах плода, он, подобно другим зарубежным авторам, предположил, что ЦВС-3 участвует в репродуктивной патологии с вертикальной передачей вируса. Исследования, проведенные в США, Китае и Таиланде, подтверждают подобную гипотезу [9, 13, 15].

Несмотря на то что геном ЦВС-3 был обнаружен во многих внутренних органах свиней, обозначить конкретный орган-мишень для инфицирования этим вирусом зарубежными исследователям не удалось [9]. Также остается малоизученной роль вируса в патогенезе различных по синдромам болезней у свиней. Кроме того, необходимо учитывать множество факторов, способствующих возникновению патологий (стресс, перенаселенность, иммунодефицитные состояния, некачественные корма).

Исходя из содержания сопроводительной документации к материалам, направленным на исследование в ФГБУ «ВНИИЗЖ», образцы, показавшие при исследовании положительный результат, были отобраны от поросят групп дорастивания и откорма (8 проб – 73%), взрослых животных (2 пробы – 18%) и абортинированного плода (1 проба – 9%) (табл. 2).

В зарубежной литературе можно найти данные по выявлению ЦВС-3 в образцах, отобранных от поросят в возрасте 14–21 сут и 63–70 сут, а также у абортинированных плодов [7]. Т. Stadejek с соавт. утверждают, что ЦВС-3 наиболее распространен среди поросят группы отъема, дорастивания и свиноматок, но почти не встречается у поросят-сосунков. Авторы предположили, что такая разница в частоте случаев выявления патогена среди возрастных групп обусловлена защитными факторами иммунной системы свиноматок [10]. По данным S. Hayashi, частота выявления ЦВС-3 составила 7% для абортинированных плодов, 13% – для подсосных поросят (3–4 нед.), 9% – для поросят-отъемышей (8–10 нед.) и 9% – для поросят группы откорма и взрослых свиней [9].

Представленные в таблице 2 результаты исследований свидетельствуют о возможности смешанной этиологии респираторных патологий и репродуктивных нарушений у обследованных свиней, что подтверждается обнаружением более чем в половине позитивных в отношении генома ЦВС-3 проб генетического материала других возбудителей инфекционных болезней (*A. pleuropneumoniae*, *M. hyopneumoniae*, *M. hyorhinis*, *S. suis*, *H. parasuis*, *P. multocida*).

За рубежом смешанная инфекция ЦВС-2 + ЦВС-3 обнаруживается довольно часто (в 46% случаев). Наряду с ЦВС-2 нередко выявляются такие коинфицирующие агенты, как парвовирус (60%), вирус репродуктивно-респираторного синдрома свиней (11%), а также *Staphylococcus suis*, *Escherichia coli* и *Staphylococcus haemolyticus* (количественные данные не представлены). На основании этих данных авторы предполагают, что подобные ассоциации возбудителей приводят к возникновению широкого спектра клинических признаков, в том числе системным проявлениям инфекции [9, 14].

Исходя из вышеизложенного, возникает необходимость проведения дополнительных исследований с целью изучения как моноинфекции ЦВС-3, так и его ассоциаций с другими патогенами.

Таким образом, результаты исследований подтверждают, что ЦВС-3 присутствует в свиноводческих хозяйствах Российской Федерации. Изложенные выше материалы дают основания предполагать, что ЦВС-3 может являться причиной возникновения, или как минимум способствовать развитию, респираторной патологии и репродуктивных расстройств у свиней. Целесообразно проведение дальнейших исследований по изучению распространения цирковируса 3-го типа на территории РФ и выяснению влияния данного патогена, а также ассоциированных с ним агентов вирусной и бактериальной этиологии на развитие различных патологий у свиней.

ВЫВОДЫ

1. Показано, что цирковирус 3-го типа распространен в свиноводческих хозяйствах Российской Федерации.

2. Цирковирус 3-го типа выявлен в патологическом материале, отобранном от животных с респираторной и репродуктивной патологиями, и, возможно, является этиологическим агентом, обуславливающим их возникновение, либо способствует развитию болезни.

3. Цирковирус 3-го типа обнаружен в патологическом материале от поросят групп дорастивания и откорма, взрослых животных и абортинированного плода.

4. Одновременно с цирковирусом 3-го типа выявляли *Actinobacillus pleuropneumoniae*, *Mycoplasma hyorhinis*, *Streptococcus suis*, *Haemophilus parasuis*, *Mycoplasma hyopneumoniae* и *Pasteurella multocida*, что может свидетельствовать о смешанной этиологии возникновения (течения) респираторных и репродуктивных болезней свиней.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Использование аэросила А-300 и фильтров GF/F (GF/C) для очистки фрагментов ДНК, ДНК-плазмид и РНК / О. Г. Грибанов, А. В. Щербанов, Н. А. Перевозчикова, А. А. Гусев // Биохимия. – 1996. – Т. 61, № 6. – С. 1064–1070.
2. Тимина А. М. Разработка методов лабораторной диагностики цирковиральной инфекции свиней: автореф. дис. ... канд. вет. наук. – Владимир, 2006. – 27 с.
3. A novel porcine circovirus distantly related to known circoviruses is associated with porcine dermatitis and nephropathy syndrome and reproductive failure / R. Palinski, P. Piñeyro, P. Shang [et al.] // J. Virol. – 2017. – Vol. 91 (1): e01879–16; DOI: 10.1128/JVI.01879-16.
4. Collins P. J., McKillen J., Allan G. Porcine circovirus type 3 in the UK // Vet. Rec. – 2017. – Vol. 181 (22). – P. 599; DOI: 10.1136/vr.j5505.
5. Detection and genetic characterization of porcine circovirus type 3 in Italy / S. Faccini, I. Barbieri, A. Gilioli [et al.] // Transbound. Emerg. Dis. – 2017. – Vol. 64 (6). – P. 1661–1664; DOI: 10.1111/tbed.12714.
6. Detection and genome sequencing of porcine circovirus 3 in neonatal pigs with congenital tremors in South China / G. H. Chen, K. J. Mai, L. Zhou [et al.] // Transbound. Emerg. Dis. – Vol. 64 (6). – P. 1650–1654; DOI: 10.1111/tbed.12702.
7. Detection and phylogenetic analysis of porcine circovirus type 3 in central China / P.-L. Xu, Y. Zhang, Y. Zhao [et al.] // Transbound. Emerg. Dis. – 2018. – Vol. 65 (5). – P. 1163–1169; DOI: 10.1111/tbed.12920.
8. Detection of a novel circovirus PCV3 in pigs with cardiac and multi-systemic inflammation / T. G. Phan, F. Giannitti, S. Rossow [et al.] // Virol. J. – 2016. – Vol. 13 (184); DOI: 10.1186/s12985-016-0642-z.
9. First detection of porcine circovirus type 3 in Japan / S. Hayashi, Y. Ohshima, Y. Furuya [et al.] // J. Vet. Med. Sci. – 2018. – Vol. 80 (9). – P. 1468–1472; DOI: 10.1292/jvms.18-0079.
10. First detection of porcine circovirus type 3 on commercial pig farms in Poland / T. Stadejek, A. Woźniak, D. Milek, K. Biernacka // Transbound. Emerg. Dis. – 2017. – Vol. 64 (5). – P. 1350–1353; DOI: 10.1111/tbed.12672.

11. Full genome characterization of porcine circovirus type 3 isolates reveals the existence of twodistinct groups of virus strains / R. Fux, Ch. Söckler, E. K. Link [et al.] // *Viol. J.* – 2018. – Vol. 15 (1):25; DOI: 10.1186/s12985-018-0929-3.
12. Genome characterization of a porcine circovirus type 3 in South China / H. Shen, X. Liu, P. Zhang [et al.] // *Transbound. Emerg. Dis.* – 2018. – Vol. 65 (1). – P. 264–266; DOI: 10.1111/tbed.12639.
13. Identification and genetic characterization of porcine circovirus type 3 in China / X. Ku, F. Chen, P. Li [et al.] // *Transbound. Emerg. Dis.* – 2017. – Vol. 64 (3). – P. 703–708; DOI: 10.1111/tbed.12638.
14. Molecular detection and genomic characterization of porcine circovirus 3 in pigs from Northeast China / Z. Ha, C.-Z. Xie, J.-F. Li [et al.] // *Vet. Res.* – 2018. – Vol. 14 (321); DOI: 10.1186/s12917-018-1634-6.
15. Porcine circovirus type 3 (PCV3) infection in grower pigs from a Thai farm suffering from porcine respiratory disease complex (PRDC) / R. Kedkovid, Y. Woonwong, J. Arunorat [et al.] // *Vet. Microbiol.* – 2018. – Vol. 215. – P. 71–76; DOI: 10.1016/j.vetmic.2018.01.004.
16. Prevalence of novel porcine circovirus 3 in Korean pig populations / T. Kwon, S. J. Yoo, C.-K. Park, Y. S. Lyoo // *Vet. Microbiol.* – 2017. – Vol. 207. – P. 178–180; DOI: 10.1016/j.vetmic.2017.06.013.
6. Detection and genome sequencing of porcine circovirus 3 in neonatal pigs with congenital tremors in South China. G. H. Chen, K. J. Mai, L. Zhou [et al.]. *Transbound. Emerg. Dis.* 2017; 64 (6): 1650–1654; DOI: 10.1111/tbed.12702.
7. Detection and phylogenetic analysis of porcine circovirus type 3 in central China. P.-L. Xu, Y. Zhang, Y. Zhao [et al.]. *Transbound. Emerg. Dis.* 2018; 65 (5): 1163–1169; DOI: 10.1111/tbed.12920.
8. Detection of a novel circovirus PCV3 in pigs with cardiac and multi-systemic inflammation. T. G. Phan, F. Giannitti, S. Rossow [et al.]. *Viol. J.* 2016; 13 (184); DOI: 10.1186/s12985-016-0642-z.
9. First detection of porcine circovirus type 3 in Japan. S. Hayashi, Y. Ohshima, Y. Furuya [et al.]. *J. Vet. Med. Sci.* 2018; 80 (9): 1468–1472; DOI: 10.1292/jvms.18-0079.
10. First detection of porcine circovirus type 3 on commercial pig farms in Poland. T. Stadejek, A. Woźniak, D. Miłek, K. Biernacka. *Transbound. Emerg. Dis.* 2017; 64 (5): 1350–1353; DOI: 10.1111/tbed.12672.
11. Full genome characterization of porcine circovirus type 3 isolates reveals the existence of twodistinct groups of virus strains. R. Fux, Ch. Söckler, E. K. Link [et al.]. *Viol. J.* 2018; 15 (1):25; DOI: 10.1186/s12985-018-0929-3.
12. Genome characterization of a porcine circovirus type 3 in South China. H. Shen, X. Liu, P. Zhang [et al.]. *Transbound. Emerg. Dis.* 2018; 65 (1): 264–266; DOI: 10.1111/tbed.12639.
13. Identification and genetic characterization of porcine circovirus type 3 in China. X. Ku, F. Chen, P. Li [et al.]. *Transbound. Emerg. Dis.* 2017; 64 (3): 703–708; DOI: 10.1111/tbed.12638.
14. Molecular detection and genomic characterization of porcine circovirus 3 in pigs from Northeast China. Z. Ha, C.-Z. Xie, J.-F. Li [et al.]. *Vet. Res.* 2018; 14:321; DOI: 10.1186/s12917-018-1634-6.
15. Porcine circovirus type 3 (PCV3) infection in grower pigs from a Thai farm suffering from porcine respiratory disease complex (PRDC). R. Kedkovid, Y. Woonwong, J. Arunorat [et al.]. *Vet. Microbiol.* 2018; 215: 71–76; DOI: 10.1016/j.vetmic.2018.01.004.
16. Prevalence of novel porcine circovirus 3 in Korean pig populations. T. Kwon, S. J. Yoo, C.-K. Park, Y. S. Lyoo. *Vet. Microbiol.* 2017; 207: 178–180; DOI: 10.1016/j.vetmic.2017.06.013.

REFERENCE

1. Use of AEROSIL A-300 and GF/F (GF/C) filter for purifying fragments of DNA, plasmid DNA and RNA [Ispol'zovanie aerosila A-300 i fil'trov GF/F (GF/C) dlya ochistki fragmentov DNK, DNK-plazmid i RNK]. O. G. Gribov, A. V. Shcherbakov, N. A. Perevozchikova, A. A. Gusev. *Biochemistry (Moscow)*. 1996; 61 (6): 1064–1070 (in Russian).
2. Timina A. M. Development of methods for porcine circovirus infection diagnosis in pigs [Razrabotka metodov laboratornoj diagnostiki cirkovirusnoj infekcii svinej]: author's abstract, PhD theses. Vladimir, 2006 (in Russian).
3. A novel porcine circovirus distantly related to known circoviruses is associated with porcine dermatitis and nephropathy syndrome and reproductive failure. R. Palinski, P. Piñeyro, P. Shang [et al.]. *J. Virol.* 2017; 91 (1):e01879-16; DOI: 10.1128/JVI.01879-16.
4. Collins P. J., McKillen J., Allan G. Porcine circovirus type 3 in the UK. *Vet. Rec.* 2017; 181 (22): 599; DOI:10.1136/vrj5505.
5. Detection and genetic characterization of porcine circovirus type 3 in Italy. S. Faccini, I. Barbieri, A. Gilioli [et al.]. *Transbound. Emerg. Dis.* 2017; 64 (6): 1661–1664; DOI: 10.1111/tbed.12714.

Поступила 28.05.19
Принята в печать 21.08.19