

# Базовая скорость репродукции для некоторых инфекционных заболеваний свиней: оценка необходимого уровня вакцинации или депопуляции восприимчивого поголовья животных

В. М. Гуленкин<sup>1</sup>, Ф. И. Коренной<sup>2</sup>, А. К. Караулов<sup>3</sup>

ФГБУ «Федеральный центр охраны здоровья животных» (ФГБУ «ВНИИЗЖ»), г. Владимир, Россия

<sup>1</sup> ORCID 0000-0002-3607-2765, e-mail: gulenkin@arriah.ru

<sup>2</sup> ORCID 0000-0002-7378-3531, e-mail: korennoy@arriah.ru

<sup>3</sup> ORCID 0000-0002-5731-5762, e-mail: karaulov@arriah.ru

## РЕЗЮМЕ

Одной из основных количественных характеристик в эпидемиологии/эпизоотологии инфекционных заболеваний человека и животных является базовая скорость репродукции ( $R_0$ ). Данный показатель отражает как биологические свойства самого инфекционного агента, социально-экономические способы ведения животноводства, природные факторы обитания той популяции животных, в которую внедряется вирус (микроб), так и эффективность выбора методов борьбы с инфекцией, включая проведение профилактических мероприятий, а также позволяет предвидеть количество и вероятность возможного появления новых вторичных очагов инфекции в зоне риска распространения заболевания. В работе представлены данные по оценке базовой скорости репродукции ( $R_0$ ) для ряда инфекционных болезней свиней. Проведен систематический анализ имеющихся публикаций по оценке этого показателя для различных изолятов вирусов африканской чумы свиней, классической чумы свиней, ящура, репродуктивно-респираторного синдрома свиней, болезни Ауески, гепатита E, энцефаломиокардита, цирковируса типа 2, а также актинобациллезной плеввропневмонии и заболеваний, вызываемых патогенными изолятами *Mycoplasma hyopneumoniae*. На основе полученных количественных значений показателя  $R_0$  даны рекомендации ветеринарным службам по проведению профилактической вакцинации свиней от перечисленных заболеваний в зонах риска распространения инфекции. Определены необходимые условия по депопуляции дикого кабана для предотвращения возникновения новых очагов африканской чумы свиней: уничтожение за время, равное одному инфекционному периоду, не менее 75% обитающей в угрожаемой зоне популяции животных.

**Ключевые слова:** инфекционные болезни свиней, базовая скорость репродукции ( $R_0$ ), вакцинация, депопуляция, дикие кабаны.

**Благодарность:** Работа выполнена в рамках бюджетного финансирования научно-исследовательских работ по теме «Изучение и оценка распространения заразных болезней животных на территории Российской Федерации и подготовка прогнозов и материалов для формирования доосье и подтверждения благополучия субъектов Российской Федерации требованиям Кодекса наземных животных в МЭБ (ящур, КПП, ЧМЖ, ГЭ)» (№081-00008-20-00 от 19.12.2019).

**Для цитирования:** Гуленкин В. М., Коренной Ф. И., Караулов А. К. Базовая скорость репродукции для некоторых инфекционных заболеваний свиней: оценка необходимого уровня вакцинации или депопуляции восприимчивого поголовья животных. *Ветеринария сегодня*. 2020; 3 (34): 179–185. DOI: 10.29326/2304-196X-2020-3-34-179-185.

**Конфликт интересов.** Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**Для корреспонденции:** Гуленкин Владимир Михайлович, кандидат биологических наук, заведующий сектором ИАЦ ФГБУ «ВНИИЗЖ», 600901, Россия, г. Владимир, мкр. Юрьеvec, e-mail: gulenkin@arriah.ru.

## Basic reproduction number for certain infectious porcine diseases: estimation of required level of vaccination or depopulation of susceptible animals

V. M. Gulenkin<sup>1</sup>, F. I. Korennoy<sup>2</sup>, A. K. Karaulov<sup>3</sup>

FGBI "Federal Centre for Animal Health" (FGBI "ARRIAH"), Vladimir, Russia

<sup>1</sup> ORCID 0000-0002-3607-2765, e-mail: gulenkin@arriah.ru

<sup>2</sup> ORCID 0000-0002-7378-3531, e-mail: korennoy@arriah.ru

<sup>3</sup> ORCID 0000-0002-5731-5762, e-mail: karaulov@arriah.ru

**SUMMARY**

Basic reproduction number ( $R_0$ ) is one of the fundamental quantitative characteristics in epidemiology of infectious human and animal diseases. This parameter reflects the biological properties of the infectious agent, the social and economic aspects of animal husbandry, natural factors associated with the habitat of the animal population invaded by the virus (microorganism), as well as the effectiveness of methods selected for infection control, in particular, the implementation of preventive measures; it also allows foreseeing the number and probability of occurrence of new secondary outbreaks in the area at risk of the disease spread. The paper presents data on the estimation of basic reproduction number ( $R_0$ ) for a range of infectious porcine diseases. A systematic analysis has been undertaken with respect to the publications available on the estimation of  $R_0$  for various virus isolates of African swine fever, classical swine fever, foot-and-mouth disease, porcine reproductive and respiratory syndrome, Aujeszky's disease, hepatitis E, encephalomyocarditis, porcine circovirus type 2, as well as pleuropneumonia associated with *Actinobacillus pleuropneumoniae*, and diseases caused by pathogenic isolates of *Mycoplasma hyopneumoniae*. Based on the obtained  $R_0$  values, recommendations for the veterinary services are made on preventive vaccination of pigs against the above mentioned diseases in the areas at risk of infection spread. The necessary conditions for wild boar depopulation aimed to prevent new African swine fever outbreaks are identified, namely, the elimination of at least 75% of the wild boar population living in the risk zone within the period of time equal to one infectious period.

**Key words:** infectious porcine diseases, basic reproduction number ( $R_0$ ), vaccination, depopulation, wild boars.

**Acknowledgements:** The study has been performed within state budget financed research activities on the topic "Studies and assessment of contagious animal disease spread in the territory of the Russian Federation and preparation of forecasts and materials to compile dossiers and demonstrate disease freedom of the Subjects of the Russian Federation according to the requirements of the Terrestrial Animal Health Code in the OIE (FMD, CBPP, PPR, BSE)" (No. 081-00008-20-00 of December 19, 2019).

**For citation:** Gulenkin V. M., Korennoy F. I., Karaulov A. K. Basic reproduction number for certain infectious porcine diseases: estimation of required level of vaccination or depopulation of susceptible animals. *Veterinary Science Today*. 2020; 3 (34): 179–185. DOI: 10.29326/2304-196X-2020-3-34-179-185.

**Conflict of interest.** The authors declare no conflict of interest.

**For correspondence:** Vladimir M. Gulenkin, Candidate of Science (Biology), Head of Sector, Information and Analysis Centre, FGBI "ARRIAH", 600901, Russia, Vladimir, Yur'evets, e-mail: [gulenkin@arriah.ru](mailto:gulenkin@arriah.ru).

**ВВЕДЕНИЕ**

Базовая скорость репродукции ( $R_0$ ) – одна из основных количественных характеристик в эпидемиологии/эпизоотологии инфекционных заболеваний человека и животных. В популяционной биологии для системы «паразит – хозяин» понятие базовой скорости репродукции является центральным и выражается средним числом потомков, которых способен продуцировать один паразит, при этом количество потомков будет зависеть от биологических особенностей паразита [1].

Для инфекционных болезней животных  $R_0$  – среднее количество вторично больных животных, которых способно «создать/воспроизвести» одно первично инфицированное животное, находясь в полностью восприимчивой популяции, за время, равное одному инфекционному периоду [1, 2].

То есть при введении одной инфицированной особи в некоторую ограниченную популяцию, в которой она имеет контакты с другими животными, до момента постановки диагноза с последующей изоляцией (обычно за время инфекционного периода) происходит заражение некоторого количества восприимчивых особей.

Данная величина непосредственно отражает как биологические свойства самого инфекционного агента, социально-экономические способы ведения животноводства, природные факторы обитания той популяции животных, в которую внедряется вирус (микроб), так и эффективность выбора методов борьбы с инфекцией, включая проведение профилактических мероприятий. Для внедрения и закрепления в популяции животных того или иного биологического агента должно выполняться соотношение  $R_0 > 1$ . В равновесии каждая инфицированная особь в однородно перемешанной популя-

ции восприимчивых животных порождает только одну вторично инфицированную особь, которая затем выздоравливает или погибает, т. е. в этом случае  $R_0 = 1$ . При  $R_0 < 1$  происходит затухание эпидемического процесса.

В эпизоотологии взаимодействие между популяцией паразитов (биоагентами) и их хозяевами (животными) с прямым механизмом передачи инфекции выражают в виде простой феноменологической модели типа «состояние – переход», или так называемой SIR-модели (см. рисунок). В этом случае в популяции выделяются несколько классов (состояний) животных: восприимчивые (S – susceptible), инфицированные (I – infectious) и иммунные (выздоровевшие) или удаленные (выведенные из стада) (R – recovered). То есть при внесении биоагента в популяцию восприимчивых животных и их последующем заражении они переходят в состояние инфицированных с дальнейшим приобретением постинфекционного иммунитета (выздоровления) или

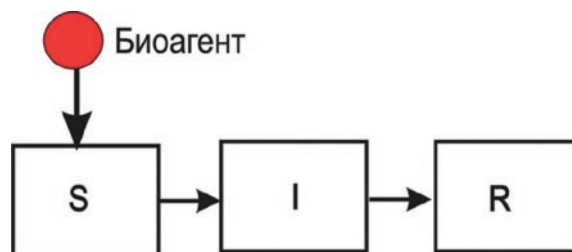


Рис. Простая феноменологическая модель эпизоотического процесса типа SIR

Fig. A simple phenomenological model (SIR model) of the epidemic process

удалением из популяции (смерть, вынужденный убой животных) – состояние (R).

На основании теории модели типа «состояние – переход», разработанной А. Г. McKendrick и W. О. Kermak в 1927–1933 гг., руководителем математического отдела Всемирной организации здравоохранения Н. Бейли была предложена математическая модель эпидемического процесса, которая представляет систему дифференциальных уравнений [1]. Теория математической модели эпизоотий начинается с рассмотрения однородно перемешанного стада, состоящего из популяции животных численностью в  $N$  особей. Пусть в начальный момент времени  $t$  в этом стаде находится  $S$  – восприимчивых к той или иной болезни животных,  $I$  – больных животных (источников инфекции) и  $R$  – удаленных, т. е.  $S + I + R = N$ . Было сделано предположение, что среднее число новых случаев болезни ( $\Delta I$ ) среди восприимчивых животных ( $S$ ) на каком-то интервале времени ( $\Delta t$ ) будет пропорционально как числу источников инфекции, так и количеству восприимчивых животных. Если частота контактов между животными в стаде будет постоянна и равна  $\beta$ , то среднее число новых случаев болезни животных за данный интервал наблюдений  $\Delta t$  будет равно  $\beta SI \Delta t$ , т. е.  $\Delta S = -\beta SI \Delta t$ .

Уравнение перехода  $S - I - R$  можно выразить в виде системы дифференциальных уравнений:

$$\begin{aligned}\frac{\partial S}{\partial t} &= -\beta SI \\ \frac{\partial I}{\partial t} &= \beta SI - \gamma I \\ \frac{\partial R}{\partial t} &= \gamma I\end{aligned}$$

при начальном условии  $(S, I, R) = (S_0, I_0, 0)$  в момент времени  $t = 0$ .

В этой системе уравнений вводится параметр  $\gamma$  – частота случаев удаления зараженных животных, т. е. в интервале времени  $\Delta t$  из стада будет удалено  $\gamma I \Delta t$  больных животных.

Классическое уравнение расчета величины  $R_0$  из вышеприведенной системы уравнений будет определяться как:

$$R_0 = \beta / \gamma.$$

При значении  $R_0 > 1$  инфекция получает дальнейшее распространение.

## МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В представленной работе использовались данные зарубежных и отечественных исследователей в области ветеринарии, которые провели оценку величины  $R_0$  экспериментальным путем на восприимчивом поголовье животных при заражении их разными биоагентами с использованием модели динамики наблюдаемого перехода состояний животных типа SIR. Для оценки необходимого уровня вакцинации восприимчивого поголовья животных ( $P$ ), гарантирующего предохранение от распространения особо опасных инфекционных заболеваний, использовали общепринятую формулу, имеющую вид [3]:

$$P = 1 - 1/R_0.$$

Эта же формула была применена для расчета необходимого уровня депопуляции диких кабанов в зоне риска распространения такого инфекционного заболевания, как африканская чума свиней (АЧС).

## РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

В связи с увеличением количества случаев АЧС в некоторых странах Европы и Азии как среди популяции домашних свиней, так и среди диких кабанов ветеринарные специалисты проводят обширные научные исследования по изучению пространственно-временной динамики распространения данного инфекционного заболевания [4, 5]. Для количественной оценки динамики возможного распространения болезни среди животных на ферме в случае инфицирования хотя бы одного животного (замкнутая популяция), а также между фермами необходимо предвидеть количество и вероятность возможного появления новых вторичных очагов инфекции в зоне риска распространения АЧС. Это является одним из условий принятия строгого контроля передвижения/торговли животными и животноводческой продукцией на некотором расстоянии от первичного очага. Одним из возможных эпизоотологических параметров может быть оценочная величина  $R_0$ , которая показывает, что в случае возникновения одной вспышки АЧС в зоне вероятного риска распространения инфекции за время, равное одному инфекционному периоду, могут появиться новые очаги. Особый интерес для эпизоотологии представляет вероятностное определение количественных данных потенциальной эпизоотии, т. е. сколько может возникнуть вторично заболевших животных в стаде в случае появления хотя бы одного больного животного (внутристадное  $R_0$ ) или сколько может возникнуть вторичных очагов в зоне риска распространения инфекции (межстадное  $R_0$ ) в зависимости от различных социальных, природных и экономических факторов. С этой целью были проанализированы доступные научные публикации на данную тему, результаты которых отражены в таблице 1.

Полученные результаты показывают, что в случае выявления хотя бы одного больного АЧС животного на ферме (внутри стада) величина последующего инфицирования восприимчивого поголовья может колебаться от 2 животных до 15 (для серотипа II), а инфекционный период может достигать до 14 сут, что, по всей видимости, связано со спецификой и структурой производства [6–9]. В работах российских исследователей [10] значение величины  $R_0$  внутри популяции домашних свиней было определено в интервале от 4 до 11, а для распространения между фермами – от 2 до 3 (для серотипа II). С точки зрения развития эпизоотии это говорит о том, что в случае инфицирования вирусом АЧС одного животного на ферме в дальнейшем, по истечении одного инфекционного периода, в стаде ожидается заболевание по крайней мере еще 11 животных (в некоторых случаях до 47, как определено для серотипа I на острове Мальта) [11, 12]. При распространении вируса АЧС серотипа II в зоне риска из первичного очага (фермы) на другие фермы в течение инфекционного периода ожидается появление от 2 до 17 новых очагов [7, 10]. Для африканского вируса серотипа IX величина  $R_0$  может составить порядка 3 [13].

По причине отсутствия эффективных вакцин для проведения вынужденной иммунизации животных одним из способов борьбы с распространением инфекции может быть только быстрый убой (в течение инкубационного периода) всего поголовья животных в зоне риска распространения инфекции при строгом соблюдении карантина и выполнении соответствующих ограничений [14]. Необходимое условие для

**Таблица 1**  
**Оценочные величины внутрискладной и межскладной базовой скорости репродукции для АЧС по результатам проведенного анализа литературных источников**

**Table 1**  
**The estimated values of within-herd and between-herd basic reproduction number for ASF based on the results of literature data analysis**

| Публикация                                | Генотип | Изолят                     | Продолжительность инфекционного периода (сут) | Межскладное $R_0$   | Внутрискладное $R_0$  |
|---|---------|----------------------------|---|---|---|
| С. А. Белянин и др. (2011)                | II      |                            | 6,8 (5,0–8,6)                                 | –   | –   |
| H. C. De Carvalho Ferreira, et al. (2013) | I       | Malta-78<br>Netherlands-86 | 6,8 ± 1,8<br>4,6 ± 1,4                        | –   | 18,0 (6,9–46,9)   |
| J. Pietschmann, et al. (2015)             | II      | Armenia-08                 | 2–9   | –   | 6,1 (0,6–14,5)<br>5,0 (1,4–10,7)                                  |
| C. Guinat, et al. (2015)                  | II      | Georgia 2007/1             | 3–14  | –   | 2,8 (1,3–4,8)<br>внутри стойла<br>1,4 (0,6–2,4)<br>между стойлами |
| V. M. Gulenkin, et al. (2011)             | II      | Russia                     | 5–15  | 2–3   | 4–11  |
| M. B. Barongo, et al. (2015)              | IX      | Uganda                     | –   | 3,24<br>(3,21–3,27)<br>1,63<br>(1,6–1,72)<br>1,9<br>(1,87–1,94) | –   |
| F. I. Korennoy, et al. (2017)             | I       | Ukraine, 1977              | 7 (внутри фермы)<br>19 (между фермами)        | 1,65<br>(1,42–1,88)   | 7,46<br>(5,68–9,21)   |
| C. Guinat, et al. (2018)                  | II      | Russia                     | 4,5–8,3                                       | 4,4–17,3  | –   |
| I. Iglesias, et al. (2016)                | II      | Russia                     | –<br>(дикий кабан)                            | 1,58<br>(1,13–3,77)   | –   |
| A. Marcon, et al. (2020)                  | II      | Czech Republic<br>Belgium  | 6<br>(дикий кабан)                            | 1,95<br>1,65  | –   |

предотвращения дальнейшего распространения инфекции из первичного очага в зоне риска (применительно к территории Российской Федерации) сводится к депопуляции не менее  $P = 1 - 1/2 = 0,5$  (или 50%) восприимчивой популяции животных, находящейся в первой угрожаемой зоне [10].

Одной из мер, предпринимаемых для ликвидации АЧС среди диких кабанов, является их депопуляция (отстрел) в зоне риска распространения инфекции вокруг первичного очага заболевания (павшее от АЧС животное или получение положительного диагноза при диагностическом отстреле на территории обитания). С учетом полученных значений величины  $R_0$  для популяции дикого кабана, максимальное значение которого может достигать 4 (3,77) [15, 16], необходимое и достаточное условие депопуляции (по верхнему доверительному интервалу) для дальнейшего предотвращения распространения заболевания будет определяться из соотношения  $P = 1 - 1/4 = 0,75$  (или 75%). То есть при обнаружении в той или иной местности павшего от АЧС кабана необходимо немедленно (в течение инфекционного периода от 6 до 15 сут) уничтожить в зоне его обитания не менее 75% популяции. Обычно ареал обитания одной семьи может находиться в радиусе 2–5 км, однако, в зависимости от природно-ландшафтных условий местности, расстояние, преодолеваемое отдельными особями, может достигать 12–25 км за несколько дней [17]. Если, например,

в зоне риска находится популяция из 30 кабанов (около 3–4 семей), то после обнаружения хотя бы одного инфицированного животного необходимо быстро (по истечении одного инкубационного периода, по рекомендации МЭБ это 15 сут) уничтожить не менее 23 кабанов и провести соответствующие диагностические исследования. Только в этом случае могут быть выполнены необходимые и достаточные условия для предотвращения дальнейшего распространения АЧС в популяции дикого кабана.

В таблице 2 показаны количественные данные по величине  $R_0$  для ряда заболеваний свиней. Данные получены зарубежными исследователями при постановке экспериментов по заражению восприимчивого поголовья полевым вирусом либо с помощью математического моделирования с использованием численных значений параметра трансмиссии ( $\beta$ ), определенных при анализе развития естественных эпизоотий [18–21].

Как видно из представленных в таблице 2 данных, для такого инфекционного заболевания, как классическая чума свиней, наибольшее значение величины  $R_0$  может быть порядка 81,3 (для поросят-отъемышей) [23, 24]. Это означает, что при проведении профилактической вакцинации в стаде необходимо обеспечить защитный иммунитет у 99% животных  $[(1 - 1/81,3) \times 100\%]$ , поэтому применяемые вакцины должны обладать высокой иммуногенностью.

Таблица 2

Внутристадная и межстадная оценочные величины базовой скорости репродукции для некоторых болезней свиней, полученные по результатам проведенного анализа данных литературы

Table 2

The estimated values of within-herd and between-herd basic reproduction number for certain porcine diseases based on the results of literature data analysis

| Публикация                            | Болезнь (геном/штамм)                                 | Продолжительность инфекционного периода (сут)           | Межстадное $R_0$   | Внутристадное $R_0$  |
|---------------------------------------|---|---|--|--|
| A. Stegeman, et al. (1999)            | классическая чума свиней                              | 18  | 2,9  | –  |
| E. Weesendorp, et al. (2009)          | классическая чума свиней шт. Paderborn шт. Brescia    | –   | –  | 36<br>17   |
| D. Klinkenberg, et al. (2002)         | классическая чума свиней                              | –   | 3,39 (между стойлами)  | 15,5 (внутри стойла)   |
| H. Laevens, et al. (1999)             | классическая чума свиней                              | 32  | –  | 13,7<br>81,3 (для поросят-отъемышей)   |
| M. Andraud, et al. (2008)             | цирковирус типа 2                                     | 35  | 1,47   | 5,9 (1,8–10,1)   |
| M. Kluijvers, et al. (2006)           | энцефаломиокардит                                     | –   | –  | 1,4 (внутри стойла)  |
| H. Maurice, et al. (2016)             | энцефаломиокардит                                     | –   | –  | 4,2  |
| H. Maurice, et al. (2002)             | энцефаломиокардит                                     | –   | –  | 1,24 (0,39–4,35)   |
| V. Spyrou, et al. (2004)              | энцефаломиокардит                                     | –   | –  | 9,87 (комбинированная оценка по нескольким вирусам)  |
| M. C. M. De Jong, T. G. Kimman (1994) | болезнь Ауески  | –   | –  | 10 (невакцинированные)<br>0,53 (вакцинированные)   |
| P. L. Eble, et al. (2008)             | ящур  | 2,3–6,5   | –  | 40 (невакцинированные)<br>11 (вакцинированные однократно)<br>1 (вакцинированные четырехкратно) |
| A. G. J. Velthuis, et al. (2003)      | <i>Actinobacillus pleuropneumoniae</i>                | от 2 сут до нескольких недель (при хронической болезни) | 10   | –  |
| T. Meyns, et al. (2004)               | <i>Mycoplasma hyorhynchiae</i> (вирулентные изоляты)  | позитивные после инокуляции 14–32                       | –  | 1,47 (0,68–5,38)   |
| E. Pileri (2015)                      | репродуктивно-респираторный синдром свиней генотипа 1 | 12–14   | невакцинированные 2,78 (2,13–3,43)<br>вакцинированные 0,53 (0,19–0,76) | 3,53 (2,89–4,18) ферма 1<br>7,11 (3,55–10,68) ферма 2  |
| C. Charpin, et al. (2012) [22]        | репродуктивно-респираторный синдром свиней генотипа 1 | 7–63  | –  | 2,6 (1,8–3,3)  |
| M. Bouwknegt, et al. (2008)           | гепатит E   | 49 (блок 1)<br>13 (блок 2)                              | –  | 8,8 (4–19)<br>(контактное заражение)   |

Для предотвращения распространения инфекции в зоне риска (между фермами) необходимо провести вынужденную вакцинацию (или депопуляцию) не менее чем 67% животных, входящих в эту зону  $[(1 - 1/2,9) \times 100\%]$ , при  $R_0 = 2,9$  [20, 25].

Полученные P. L. Eble et al. данные по ящурю говорят о том, что применяемые в исследовании вакцины при однократной иммунизации не обеспечили защиту свиней в замкнутой популяции животных (стаде) от распространения заболевания. Только при

четырёхкратной вакцинации заболевание может не получить дальнейшего распространения, но способно перейти в равновесное состояние (с гибелью или выздоровлением одного животного, при  $R_0 = 1$ ) ввиду возможного образования не совсем устойчивого иммунитета у некоторых особей вакцинированной популяции животных [19]. Эти результаты указывают на то, что для иммунизации свиней должны быть созданы вакцины с высокой протективной активностью (иммуногенностью) и разработаны соответствующие схемы вакцинации, учитывающие возможность внедрения DIVA-стратегии.

Примененная в опубликованном М. С. М. De Jong и Т. Г. Kimmap исследовании вакцина против болезни Ауески, обеспечивающая защиту не менее 90% животных в популяции, способна предотвратить дальнейшее распространение инфекции на ферме (стаде) при значении  $R_0 = 10$  [18].

Для предотвращения распространения в стаде репродуктивно-респираторного синдрома свиней необходимо получить защитный иммунитет не менее чем у 91% вакцинированных животных  $[(1 - 1/10,68) \times 100\%]$  при максимальном значении  $R_0 = 10,68$  [18, 26]. Проведенные исследования показывают, что, если в зоне риска до возникновения вспышки была проведена надлежащая профилактическая вакцинация, заболевание не получит дальнейшего распространения между фермами, т. к. максимальное значение  $R_0$  равно 0,76 [26]. При наличии восприимчивой популяции животных на фермах в зоне риска распространения инфекции необходимо создать защитный иммунитет не менее чем у 71% животных при максимальном значении  $R_0 = 3,43$   $[(1 - 1/3,43) \times 100\%]$ .

Для циркулирования типа 2, чтобы не допустить дальнейшего распространения инфекции, при максимальном значении  $R_0 = 10,1$  при иммунизации необходимо получить защитный иммунитет у 90% животных [27]. Аналогичный результат установлен и для энцефаломиокардита (при  $R_0 = 9,87$ ) [28–31].

При гепатите Е защитный иммунитет, получаемый в результате вакцинации (для максимального значения величины  $R_0 = 19$ , определенного в опытах при контактном заражении свиней), должен составлять порядка 95% [32].

Установлено, что для вирулентного изолята *Mycoplasma hyopneumoniae* [33] проведенная вакцинация на ферме должна защищать не менее 81% животных  $[(1 - 1/5,38) \times 100\%]$  при верхнем доверительном интервале значения  $R_0 = 5,38$ . При данном уровне защиты популяции свиней, в случае заноса в нее инфекции, болезнь на ферме не должна возникнуть.

Данные, полученные для *Actinobacillus pleuropneumoniae* [21], указывают на тот факт, что, в случае появления хотя бы одного очага инфекции (ферма), животных в зоне риска дальнейшего распространения заболевания необходимо привить высокоактивными вакцинами. Охват поголовья должен составлять не менее 90% от общего количества ферм  $[(1 - 1/10) \times 100\%]$ .

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Приведенные значения базовой скорости репродукции  $R_0$  для некоторых инфекционных заболеваний свиней показывают их определенную вариабельность. Это, по всей видимости, может зависеть от условий проведения лабораторных экспериментов,

выбора возрастной категории популяции животных для опыта, способов инфицирования, вирулентности используемого для заражения вируса и т. д. Тем не менее определение параметра  $R_0$  вносит определенный научный вклад в основы прикладной эпизоотологии ряда инфекционных заболеваний свиней и необходимо при планировании противоэпизоотических мероприятий по проведению профилактической иммунизации или депопуляции восприимчивого поголовья животных для предотвращения возникновения вспышек заболевания и дальнейшего распространения инфекции. Так, для проведения депопуляции дикого кабана в зоне риска распространения АЧС необходимым условием прекращения дальнейшего распространения инфекции является уничтожение за время, равное одному инфекционному периоду, не менее 75% обитающей в угрожаемой зоне популяции животных.

## СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

### (п. п. 2–4, 7–13, 15–33 см. REFERENCES)

1. Бейли Н. Математика в биологии и медицине. М.: Мир; 1970. 326 с.
5. Африканская чума свиней в странах мира. ИАЦ ФГБУ «ВНИИЗЖ». 27.02.2020. Режим доступа: [http://fsvps.ru/fsvps-docs/ru/iac/foreign/2020/february/asf\\_world.pdf](http://fsvps.ru/fsvps-docs/ru/iac/foreign/2020/february/asf_world.pdf).
6. Белянин С. А., Васильев А. П., Колбасов Д. В., Цыбанов С. Ж., Балышев В. М., Куриннов В. В., Черных О. Ю. Вирулентность изолятов вируса АЧС. *Ветеринария Кубани*. 2011; 5: 9–10. eLIBRARY ID: 16911088.
14. Об утверждении ветеринарных правил осуществления профилактических, диагностических, ограничительных и иных мероприятий, установления и отмены карантина и иных ограничений, направленных на предотвращение распространения и ликвидацию очагов африканской чумы свиней: приказ МСХ РФ от 31.05.2016 № 213. Режим доступа: <https://www.garant.ru/products/ipo/prime/doc/71373924/>.

## REFERENCES

1. Bailey N. T. J. The Mathematical Approach to Biology and Medicine. M.: Mir; 1970. 326 p. (in Russian)
2. Basic reproduction number. Available at: [https://en.wikipedia.org/wiki/Basic\\_reproduction\\_number](https://en.wikipedia.org/wiki/Basic_reproduction_number).
3. Plotkin S. A., Orenstein W. A., Offin P. A. eds. Vaccines. 5<sup>th</sup> ed. Philadelphia: Saunders Company; 2008. 1725 p.
4. Guberti V., Khomenko S., Masiulis M., Kerba S. African swine fever in wild boar ecology and biosecurity. Rome. *FAO Animal Production and Health Manual*. 2019; No. 22. Rome: FAO, OIE and EC. Available at: <http://www.fao.org/3/ca5987en/CA5987EN.pdf>.
5. African swine fever in the countries of the world. Information and Analysis Centre, FGBI "ARRIAH". 27.02.2020. Available at: [http://fsvps.ru/fsvps-docs/ru/iac/foreign/2020/february/asf\\_world.pdf](http://fsvps.ru/fsvps-docs/ru/iac/foreign/2020/february/asf_world.pdf). (in Russian)
6. Belyanin S. A., Vasilev A. P., Kolbasov D. V., Tsybanov S. Zh., Balyshchev V. M., Kurinnov V. V., Chernykh O. Yu. Virulence of African swine fever isolates. *Veterinaria Kubani*. 2011; 5: 9–10. eLIBRARY ID: 16911088. (in Russian)
7. Guinat C., Porphyre T., Gogin A., Dixon L., Pfeiffer D. U. Inferring within-herd transmission parameters for African swine fever virus using mortality data from outbreaks in the Russian Federation. *Transbound. Emerg. Dis.* 2018; 65 (2): e264–e271. DOI: 10.1111/tbed.12748.
8. Guinat C., Gubbins S., Vergne T., Gonzales J. L., Dixon L., Pfeiffer D. U. Experimental pig-to-pig transmission dynamics for African swine fever virus, Georgia 2007/1 strain. *Epidemiol. Infect.* 2016; 144 (1): 25–34. DOI: 10.1017/S0950268815000862.
9. Pietschmann J., Guinat C., Beer M., Pronin V., Tauscher K., Petrov A., et al. Course and transmission characteristics of oral low-dose infection of domestic pigs and European wild boar with a Caucasian African swine fever virus isolate. *Arch. Virol.* 2015; 160: 1657–1667. DOI: 10.1007/s00705-015-2430-2.
10. Gulenkin V. M., Korennoy F. I., Karaulov A. K., Dudnikov S. A. Cartographical analysis of African swine fever outbreaks in the territory of the Russian Federation and computer modeling of the basic reproduction ratio. *Prev. Vet. Med.* 2011; 102 (3): 167–174. DOI: 10.1016/j.prevetmed.2011.07.004.
11. De Carvalho Ferreira H. C., Backer J. A., Weesendorp E., Klinkenberg D., Stegeman J. A., Loeffen W. L. A. Transmission rate of African swine fever virus under experimental conditions. *Vet. Microbiol.* 2013; 165 (3–4): 296–304. DOI: 10.1016/j.vetmic.2013.03.026.

12. Korennoy F. I., Gulenkin V. M., Gogin A. E., Vergne T. Estimating the basic reproductive number for African swine fever using the Ukrainian historical epidemic of 1977. *Transbound. Emerg. Dis.* 2017; 64 (6): 1858–1866. DOI: 10.1111/tbed.12583.
13. Barongo M. B., Stahl K., Bett B., Bishop R. P., Fevre E. M., Aliro T., et al. Estimating the basic reproductive number ( $R_0$ ) for African swine fever virus (ASFV) transmission between pig herds in Uganda. *PLoS One*. 2015; 10 (5):e0125842. DOI: 10.1371/journal.pone.0125842.
14. On approval of the veterinary rules for implementation of preventive, diagnostic, restrictive and other measures, the imposition and lifting of quarantine and other restrictions aimed to prevent the spread and eradicate the outbreaks of African swine fever [Об утверждении ветеринарных правил осуществления профилактических, диагностических, ограничительных и иных мер по предотвращению распространения и ликвидации очагов африканской чумы свиней]: Order of the RF Ministry of Agriculture No. 213 dated May 31, 2016. Available at: <https://www.garant.ru/products/ipo/prime/doc/71373924/>. (in Russian)
15. Iglesias I., Munoz M., Montes F., Perez A., Gogin A., Kolbasov D., de la Torre A. Reproductive ratio for the local spread of African swine fever in wild boars in the Russian Federation. *Transbound. Emerg. Dis.* 2016; 63 (6): e237–e245. DOI: 10.1111/tbed.12337.
16. Marcon A., Linden A., Satran P., Gervasi V., Licoppe A., Guberti V.  $R_0$  estimation for the African swine fever epidemics in wild boar of Czech Republic and Belgium. *Vet. Sci.* 2020; 7:2. DOI: 10.3390/vetsci7010002.
17. Garza S. J., Tabak M. A., Miller R. S., Farnsworth M. L., Burdett C. L. Abiotic and biotic influences on home-range size of wild pigs (*Sus scrofa*). *J. Mammal.* 2018; 99 (1): 97–107. DOI: 10.1093/jmammal/gyx154.
18. De Jong M. C. M., Kimman T. G. Experimental quantification of vaccine-induced reduction in virus transmission. *Vaccine*. 1994; 12 (8): 761–766. DOI: 10.1016/0264-410X(94)90229-1.
19. Eble P. L., De Koeijer A. A., De Jong M. C. M., Engel B., Dekker A. A meta-analysis quantifying transmission parameters of FMDV strain O Taiwan among non-vaccinated and vaccinated pigs. *Prev. Vet. Med.* 2008; 83 (1): 98–106. DOI: 10.1016/j.prevetmed.2007.06.004.
20. Klinkenberg D., De Bree J., Laevens H., De Jong M. C. M. Within- and between-pen transmission of classical swine fever virus: a new method to estimate the basic reproduction ratio from transmission experiments. *Epidemiol. Infect.* 2002; 128 (2): 293–299. DOI: 10.1017/s0950268801006537.
21. Velthuis A. G. J., De Jong M. C. M., Kamp E. M., Stockhofe N., Verheijden J. H. M. Design and analysis of an *Actinobacillus pleuropneumoniae* transmission experiment. *Prev. Vet. Med.* 2003; 60 (1): 53–68. DOI: 10.1016/s0167-5877(03)00082-5.
22. Charpin C., Mahé S., Keranflec’h A., Belloc C., Cariolet R., Le Potier M.-F., Rose N. Infectiousness of pigs infected by the porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSV) is time-dependent. *Vet. Res.* 2012; 43:69. DOI: 10.1186/1297-9716-43-69.
23. Laevens H., Koenen F., Deluyker H., De Kruijff A. Experimental infection of slaughter pigs with classical swine fever virus: Transmission of the virus, course of the disease and antibody response. *Vet. Rec.* 1999; 145 (9): 243–248. DOI: 10.1136/vr.145.9.243.
24. Weesendorp E., Backer J., Stegeman A., Loeffen W. Effect of strain and inoculation dose of classical swine fever virus on within-pen transmission. *Vet. Res.* 2009; 40:59. DOI: 10.1051/vetres/2009041.
25. Stegeman A., Elbers A. R. W., Bouma A., De Smit H., De Jong M. C. M. Transmission of classical swine fever virus within herds during the 1997–1998 epidemic in the Netherlands. *Prev. Vet. Med.* 1999; 42 (3–4): 201–218. DOI: 10.1016/S0167-5877(99)00076-8.
26. Pileri E. Transmission of porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSV): Assessment of the reproduction rate ( $R$ ) in different conditions: PhD Thesis. Bellaterra: Universitat Autònoma de Barcelona, 2015. 130 p. Available at: <https://pdfs.semanticscholar.org/a65c/8ebc1dfc3ff3402867816d5a35bcfdda0f2f.pdf>.
27. Andraud M., Glasland B., Durand B., Cariolet R., Jestin A., Madec F., et al. Modeling the time-dependent transmission rate for porcine circovirus type 2 (PCV2) in pigs using data from serial transmission experiments. *J. R. Soc. Interface.* 2008; 6 (30): 39–50. DOI: 10.1098/rsif.2008.0210.
28. Kluivers M., Maurice H., Vyt P., Koenen F., Nielen M. Transmission of encephalomyocarditis virus in pigs estimated from field data in Belgium by means of  $R_0$ . *Vet. Res.* 2006; 37 (6): 757–766. DOI: 10.1051/vetres:2006035.
29. Maurice H., Nielen M., Stegeman J. A., Vanderhallen H., Koenen F. Transmission of encephalomyocarditis virus (EMCV) among pigs experimentally quantified. *Vet. Microbiol.* 2002; 88: 301–314. DOI: 10.1016/S0378-1135(02)00127-X.
30. Maurice H., Thulke H. H., Schmid J. S., Stegeman A., Nielen M. Impact of compartmentalised housing on direct encephalomyocarditis virus (EMCV) transmission among pigs; insight from a model. *Prev. Vet. Med.* 2016; 127: 105–112. DOI: 10.1016/j.prevetmed.2016.03.006.
31. Spyrou V., Maurice H., Billinis C., Papanastassopoulou M., Psalla D., Nielen M., et al. Transmission and pathogenicity of encephalomyocarditis virus (EMCV) among rats. *Vet. Res.* 2004; 35 (1): 113–122. DOI: 10.1051/vetres:2003044.
32. Bouwknecht M., Frankena K., Rutjes S. A., Wellenberg G. J., De Roda Husman A. M., Van der Poel W. H. M., De Jong M. C. M. Estimation of hepatitis E virus transmission among pigs due to contact-exposure. *Vet. Res.* 2008; 39 (5):40. DOI: 10.1051/vetres:2008017.
33. Meyns T., Maes D., Dewulf J., Vicca J., Haesebrouck F., De Kruijff A. Quantification of the spread of *Mycoplasma hyopneumoniae* in nursery pigs using transmission experiment. *Prev. Vet. Med.* 2004; 66 (1–4): 265–275. DOI: 10.1016/j.prevetmed.2004.10.001.

Поступила 06.05.2020

Принята в печать 26.06.2020

Received on 06.05.2020

Approved for publication on 26.06.2020

## ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ / INFORMATION ABOUT THE AUTHORS

**Гуленкин Владимир Михайлович**, кандидат биологических наук, заведующий сектором ИАЦ ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия.

**Коренной Федор Игоревич**, кандидат географических наук, научный сотрудник ИАЦ ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия.

**Караулов Антон Константинович**, кандидат ветеринарных наук, руководитель ИАЦ ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия.

**Vladimir M. Gulenkin**, Candidate of Science (Biology), Head of Sector, Information and Analysis Centre, FGBI «ARRIAH», Vladimir, Russia.

**Fedor I. Korennoy**, Candidate of Science (Geography), Researcher, Information and Analysis Centre, FGBI «ARRIAH», Vladimir, Russia.

**Anton K. Karaulov**, Candidate of Science (Veterinary Medicine), Head of Information and Analysis Centre, FGBI «ARRIAH», Vladimir, Russia.