

## Анализ вспышек ящура серотипов SAT-1, -2, -3 на территории Африканского континента за 2017–2019 гг.

М. В. Сидоровская<sup>1</sup>, С. Н. Фомина<sup>2</sup>, С. Р. Кременчугская<sup>3</sup>

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

<sup>1</sup> ORCID 0000-0001-6218-5846, e-mail: sidorovskaya@arriah.ru

<sup>2</sup> ORCID 0000-0002-2122-9096, e-mail: fomina@arriah.ru

<sup>3</sup> ORCID 0000-0002-8634-8205, e-mail: kremenchugskaya@arriah.ru

### РЕЗЮМЕ

Представлены результаты анализа данных Всемирной организации здравоохранения животных (МЭБ) и Всемирной референтной лаборатории по ящуру (WRLFMD) о распространении ящура на территории Африканского континента в 2017–2019 гг. с акцентом на современную эпизоотическую ситуацию в Северной Африке. Дана краткая историческая справка об открытии серотипов SAT-1, -2, -3 вируса ящура в Африке. Как показывают результаты диагностических исследований, указанные серотипы циркулируют в странах Южной, Восточной и Западной Африки. Однако имеются сообщения об обнаружении серотипа SAT-1 на Ближнем Востоке (1961–1965 и 1970 гг.) и SAT-2 в Саудовской Аравии (2000 г.), Ливии (2003 г.), Бахрейне, Египте и Ливии (2012 г.). Заболеваемость крупного рогатого скота ящуром серотипов SAT-1, -2, -3 в Южной и Восточной Африке обусловлена контактом домашнего скота с дикими парнокопытными, в частности сафрианским буйволом (*Syncerus caffer*). Вирус ящура персистирует в организме буйволов до 4–5 лет, а в стадах буйволов, обитающих на ограниченных территориях национальных парков, – до 24 лет. Буйволы считаются естественным резервуаром вируса. Основной мерой борьбы с заболеванием на Африканском континенте является пресечение контактов восприимчивого поголовья скота с буйволами в национальных парках и охотничьих заповедниках. Кроме того, важным аспектом профилактики ящура является вакцинация крупного рогатого скота, находящегося в буферных зонах вокруг ареалов обитания диких парнокопытных, против тех серотипов, которые переносятся ими. Ящур остается одной из наиболее экономически значимых инфекций животных в мире, при которой убытки складываются за счет снижения уровня производства сельскохозяйственной продукции и ограничения международной торговли.

**Ключевые слова:** Ящур, серотипы, топотипы, Африка, естественный резервуар.

**Благодарность:** Работа выполнена за счет средств ФГБУ «ВНИИЗЖ» в рамках научно-исследовательских работ по теме «Ветеринарное благополучие».

**Для цитирования:** Сидоровская М. В., Фомина С. Н., Кременчугская С. Р. Анализ вспышек ящура серотипов SAT-1, -2, -3 на территории Африканского континента за 2017–2019 гг. *Ветеринария сегодня*. 2021; 2 (37): 113–120. DOI: 10.29326/2304-196X-2021-2-37-113-120.

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

**Для корреспонденции:** Сидоровская Мирослава Владимировна, аспирант, сотрудник референтной лаборатории диагностики ящура ФГБУ «ВНИИЗЖ», 600901, Россия, г. Владимир, мкр. Юрьевец, e-mail: sidorovskaya@arriah.ru.

UDC 619:616.98:578.835.2:616-036.22(6)

## Analysis of SAT-1, -2, -3 FMD outbreaks in Africa in 2017–2019

M. V. Sidorovskaya<sup>1</sup>, S. N. Fomina<sup>2</sup>, S. R. Kremenchugskaya<sup>3</sup>

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

<sup>1</sup> ORCID 0000-0001-6218-5846, e-mail: sidorovskaya@arriah.ru

<sup>2</sup> ORCID 0000-0002-2122-9096, e-mail: fomina@arriah.ru

<sup>3</sup> ORCID 0000-0002-8634-8205, e-mail: kremenchugskaya@arriah.ru

### SUMMARY

Data on FMD spread in Africa in 2017–2019 provided by the World Animal Health Organization (OIE) and World Reference Laboratory for Foot-and-Mouth Disease (WRLFMD) were analyzed with the emphasis on the current epidemic situation in Northern Africa, and the analysis results are demonstrated as well. Brief historical information on SAT-1, -2, -3 FMDV recovery in Africa is presented. Diagnostic test results demonstrate that the abovementioned virus serotypes are circulating in the Southern, East and West African countries. However, there are reports on detection of SAT-1 FMDV in the Near East (1961–1965 and 1970) and SAT-2 FMDV in Saudi Arabia (2000), Lebanon (2003), Bahrain, Egypt and Lebanon (2012). Infection of cattle with SAT-1, -2, -3 FMDV in Southern and East Africa is associated with the contacts between the domestic livestock and wild cloven-hoofed ungulates, specifically with African buffaloes (*Syncerus caffer*). FMDV persists in buffaloes for up to 4–5 years and in buffalo herds living within the limited area of the national reserves – for up to 24 years. Buffaloes are considered to be natural reservoir of the virus. The basic disease control measure in Africa is prevention of any contacts between FMD susceptible livestock and buffaloes in the national

reserves and game sanctuaries. Moreover, crucial component of FMD prevention is vaccination of bovines kept in buffer zones around the wild cloven-hoofed ungulates' habitats against the virus serotypes spread by the latter. Foot-and-mouth disease remains one of the most economically significant infections in the world and it involves losses due to the decrease of the agricultural production as well as due to the international trade restrictions.

**Keywords:** Foot-and-mouth disease, serotypes, topotypes, Africa, natural reservoir.

**Acknowledgements:** The study was funded by the FGBI "ARRIAH" within the framework of "Veterinary Welfare" research work.

**For citation:** Sidorovskaya M. V., Fomina S. N., Kremenchugskaya S. R. Analysis of SAT-1, -2, -3 FMD outbreaks in Africa in 2017–2019. *Veterinary Science Today*. 2021; 2 (37): 113–120. DOI: 10.29326/2304-196X-2021-2-37-113-120.

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

**For correspondence:** Miroslava V. Sidorovskaya, Post-Graduate Student, Researcher, Reference Laboratory for FMD Diagnosis, FGBI "ARRIAH", 600901, Russia, Vladimir, Yur'evets, e-mail: [sidorovskaya@arriah.ru](mailto:sidorovskaya@arriah.ru).

## ВВЕДЕНИЕ

Ящур (*Aphthae epizooticae* – лат., foot-and-mouth disease – англ.) впервые был описан в XVI веке и до сих пор остается одной из наиболее часто встречающихся везикулярных болезней парнокопытных животных, наносящих урон экономике государств и требующей значительных затрат, направленных на предупреждение и ликвидацию последствий вспышек инфекции. Несмотря на принятый «План поэтапной борьбы с ящуром», разработанный Продовольственной и сельскохозяйственной организацией ООН (ФАО) и Европейской комиссией по борьбе с ящуром (EuFMD), болезнь продолжает регистрироваться во многих странах мира. Указанный документ лежит в основе «Глобальной стратегии ФАО/МЭБ по борьбе с ящуром» и предусматривает возможность ФАО/МЭБ принимать выработанную страной национальную программу борьбы с ящуром, которая должна включать в себя ряд последовательных этапов, в том числе план вакцинации восприимчивого поголовья. Особое значение отводится Африканскому континенту, на территории которого регистрируют наибольшее количество вспышек. По данным Всемирной организации здравоохранения животных (МЭБ), с 2017 по 2019 г. ящур был зафиксирован в 41 государстве Африканского континента. На рисунке 1 приведена карта, которая отражает эпизоотическую ситуацию по ящурю в мире на конец 2019 г. и наглядно иллюстрирует, что Африканский континент в сравнительном аспекте занимает лидирующую позицию по количеству неблагополучных стран. В указанный период в мире насчитывалось 55 неблагополучных по ящурю стран, из них 33 – страны Африки, 23 – страны Азии и лишь две – страны Европы (Российская Федерация, Турция).

На территории Африканского континента на протяжении многих десятилетий регистрируются спорадические случаи возникновения инфекции. На рисунке 2 показана эпизоотическая ситуация по ящурю в Африке за период с 2017 по 2019 г. При изучении вируса, вызвавшего заболевание восприимчивого поголовья, отмечают преобладание серотипа О над другими серотипами вируса ящура (рис. 3). Однако доля регистрации серотипов SAT-1, -2, -3 составляет 29% от общего числа обнаружений ящура в регионе. Поэтому данное обстоятельство заслуживает особого внимания при изучении вспышек ящура в Африке. Кроме того, за рассматрива-

емый период в 15% случаев обнаружения ящура у домашнего скота вирус остается нетипированным.

В связи с увеличением риска проникновения экзотических изолятов на территорию Российской Федерации вследствие интенсификации торговых отношений со странами Северной Африки, а также угрозой заноса серотипов SAT вируса ящура из неблагополучных регионов Африканского континента в страны Ближнего Востока и Западной Азии и их дальнейшего распространения на территории сопредельных государств, целью нашей работы было углубленное изучение эпизоотической ситуации по ящурю серотипов SAT в Африке.

### История открытия вируса ящура серотипов SAT-1, -2, -3 в Африке

Болезнь регулярно отмечалась в странах Южной Африки еще в колониальный период, однако только в первой половине XX века при изучении вируса ящура ученым удалось установить его типовое различие с помощью проведения последовательных исследований перекрестной защиты на морских свинках и крупном рогатом скоте. Разработка и применение такого метода, как реакция связывания комплемента, позволили проводить более масштабные исследования по типизации возбудителя ящура. С появлением такого инструмента диагностики, как полимеразная цепная реакция, стало возможным изучение вируса на молекулярном уровне [1, 2].

Вирус ящура серотипов SAT-1, -2 и -3 был впервые идентифицирован в 1948 г. Всемирной референтной лабораторией по ящурю (WRLFMD; Пирбрайт, Великобритания) в образцах, полученных от скота из Бечуаналенда (Ботсвана) и Северной Родезии (Замбия). Ретроспективное исследование вирусов, выделенных ранее, в 1931 и 1937 гг., в Южной Родезии (Зимбабве), показало близкое родство изолятам, полученным в 1948 г. Еще один вирусный изолят из Южной Родезии 1934 г. оказался третьим новым серотипом. В дальнейшем открытые серотипы были названы South Africa Territories 1, 2 и 3 (сокращенно SAT-1, SAT-2 и SAT-3). Данные о выявлении указанных серотипов были изложены в трудах J. V. Brooksby [1].

Согласно результатам, полученным F. Duchatel et al. [3] в ходе филогенетических исследований на основе секвенирования, серотипы SAT-1 и SAT-2 вируса ящура циркулируют в дикой природе на территории



Рис. 1. Эпизоотическая ситуация в мире по ящуру в 2019 г. (карта подготовлена сотрудниками информационно-аналитического центра ФГБУ «ВНИИЗЖ»)

Fig. 1. Global FMD epidemic situation in 2019 (the map is made by the experts of the Information Analysis Center, FGBI "ARRIAH")

Африки уже более 400 лет. Учеными была реконструирована эволюция вируса ящура различных серотипов, в том числе SAT-1 и -2, за период с начала XVI века по 2016 г. и дана оценка влияния потенциальных экологических и антропологических факторов на его распространение. Итоги исследования были представлены в виде филогенетических карт [3, 4].

**Современная эпизоотическая ситуация по ящуру (SAT-1, -2, -3) в Африке**

**Распространение вируса ящура серотипа SAT-1**

Вирус серотипа SAT-1 распространен в странах Тропической Африки (часть континента, которая располагается южнее пустыни Сахара). Тем не менее сообщалось о вызванных данным серотипом единичных вспышках заболевания на Ближнем Востоке в период с 1962 по 1965 г. и в 1969–1970 гг., затем в Греции в 1962 г. [5]. Серотип включает в себя 13 топотипов, обозначаемых в настоящее время римскими цифрами I–XIII. Топотип I также известен, как Northwest Zimbabwe (NWZ), топотип II – Southeast Zimbabwe (SEZ), топотип III – Western Zimbabwe (WZ), топотип IV – East Africa 1 (EA-1), топотип VII – East Africa 2 (EA-2) и топотип VIII – East Africa 3 (EA-3) [6].

В Кении в 2017 г. был обнаружен геном вируса ящура серотипа SAT-1 в пробах, полученных от крупного рогатого скота. Секвенирование структурного белка VP1 показало, что серотип принадлежал к топотипу I, ранее не встречавшемуся на данной территории. В Малави также регистрировался вирус ящура серотипа SAT-1 топотипа I. В августе и октябре 2017 г. на территории

Большого Гьяни в Лимпопо (ЮАР) среди крупного рогатого скота было зарегистрировано в общей сложности 6 вспышек ящура серотипа SAT-1 [7, 8].

В начале 2018 г. в Зимбабве отмечались 62 вспышки заболевания в восточных и западных провинциях, к июлю очаги ящура возникли на северо-востоке страны вблизи границы с Мозамбиком. Необходимо отметить, что вспышки ящура редко регистрируются в этой области. К сентябрю 2018 г. насчитывалось уже более 100 вспышек, вызванных вирусом ящура серотипа SAT-1. Новые вспышки возникли в провинциях Мидлендс и Масвинго [9, 10].

В январе 2019 г. в Зимбабве вновь было зарегистрировано 2 вспышки ящура (SAT-1) среди крупного рогатого скота на территории провинций Масвинго и Матабелеленд [11]. На протяжении 2019 г. в провинции Масвинго было зафиксировано более 20 вспышек ящура данного типа [12]. В третьем квартале этого же года вирус ящура серотипа SAT-1 был выделен на территории Камеруна, последний раз заболевание, вызванное этим серотипом, отмечали в регионах Северный и Адамава страны в августе – сентябре 2016 г. Филогенетический анализ выделенных тогда изолятов показал их принадлежность к топотипу X и тесное филогенетическое родство с вирусом, выделенным на территории Нигерии в 2015–2016 гг. [13].

**Распространение вируса ящура серотипа SAT-2**

Данный серотип включает в себя 14 топотипов, обозначаемых римскими цифрами I–XIV [6]. Вирус ящура серотипа SAT-2 является наиболее распространенным



Рис. 2. Эпизоотическая ситуация в Африке по ящуру в 2017–2019 гг. (карта подготовлена сотрудниками информационно-аналитического центра ФГБУ «ВНИИЗЖ»)

Fig. 2. FMD epidemic situation in Africa in 2017–2019 (the map is made by the experts of the Information Analysis Center, FGBI "ARRIAH")

(из трех серотипов SAT) в субсахарской части Африканского континента и поэтому достаточно изучен. Однако вспышки, обусловленные ящуром данного серотипа, регистрировались на северо-востоке Африки и Ближнем Востоке: в Йемене в 1990 г., в Кувейте и Саудовской Аравии в 2000 г. В 2012 г. эпизоотии ящура серотипа SAT-2 были зарегистрированы в Египте, Ливии и Палестине. Вирус данного серотипа также был обнаружен в Бахрейне [5]. В период с февраля по март 2012 г. произошло 43 вспышки ящура указанного серотипа в 14 провинциях Египта. При проведении WRLFMD исследований нуклеотидной последовательности гена VP1 было установлено, что выделенные изоляты принадлежат к топотипу VII и двум генетическим линиям: Ghb-12 и Alx-12, которые были широко распространены ранее. Необходимо подчеркнуть, что вызванная ящуром серотипа SAT-2 эпизоотия в Египте стала его первым появлением в стране с 1950 г. Филогенетический анализ изолятов, вызвавших вспышки ящура в апреле 2012 г. в Палестине (сектор Газа), указал на принадлежность вируса к топотипу VII генетической линии Ghb-12 и родство с изолятами из Египта. Также в феврале 2012 г. изоляты вируса ящура серотипа SAT-2, относящиеся к топотипу VII генетической линии Lib-12, были выделены в Ливии. В марте – апреле этого же года на территории Северной области Королевства Бахрейн произошла вспышка инфекции у импортированного скота, был зарегистрирован вирус ящура серотипа SAT-2 топотипа IV генетической линии Ken-09. Появление данного серотипа в стране было отмечено впервые [14].

В январе 2017 г. вирус ящура серотипа SAT-2 был зарегистрирован в Зимбабве в провинциях Северный Матабелеленд и Мидлендс. Эпизоотия продолжалась до марта 2017 г., в общей сложности было зафиксировано 5 вспышек среди крупного рогатого скота. В мае на территории этих же провинций вновь была отмечена вспышка ящура. О генотипировании вируса не сообщалось. Также в марте в пределах буферной зоны в Бушбакридже провинции Мпумаланга ЮАР был отмечен единичный очаг ящура типа SAT-2, вызвавший заболевание крупного рогатого скота. Необходимо указать, что указанные очаги были обнаружены вблизи Национального заповедника Крюгера [15, 16].

В феврале – июле 2017 г. в Ботсване сообщалось о вспышке ящура в Наманьяне округа Нгамилленд. В Региональной справочной лаборатории МЭБ для стран Субсахарской Африки (SSARRL, Ботсвана) был идентифицирован серотип SAT-2 и определена генетическая последовательность капсидного белка VP1 вируса. Анализ изолята, проведенный в WRLFMD, показал его принадлежность к топотипу III и тесное родство с вирусами, выделенными от крупного рогатого скота в Ботсване в 2015 г. [7].

В Намибии с июля по сентябрь 2017 г. было зарегистрировано 5 вспышек среди поголовья крупного рогатого скота, вызванных вирусом ящура серотипа SAT-2. Очаги располагались вблизи города Катимамуло в области Замбези. Вирус ящура серотипа SAT-2 топотипа VII был зафиксирован также на территории Уганды [7].

В октябре – декабре 2017 г. вирус ящура типа SAT-2 топотипа III был обнаружен в Ботсване, Мозамбике, Намибии, топотипа II – в Зимбабве [17].

Результаты серотипирования и генотипирования вируса ящура, выделенного на территории Эфиопии в марте 2018 г., показали принадлежность его к серотипу SAT-2 топотипу VII генетической линии Ghb-12 [9].

В мае 2018 г. сообщалось о единичной вспышке ящура типа SAT-2 в населенном пункте Тхуламела провинции Лимпопо (ЮАР). Генотипирование не проводилось [9].

В период с июня по август 2018 г. в Ботсване продолжил распространение среди крупного рогатого скота вирус ящура типа SAT-2 топотипа III. В общей сложности было выявлено не менее 17 очагов инфекции в Северо-Западном округе страны [10].

В августе 2018 г. Французским агентством по вопросам продовольствия, охраны окружающей среды и гигиены труда (ANSES) были представлены результаты филогенетических исследований вируса, выделенного из образца от крупного рогатого скота в декабре 2016 г. в субпрефектуре Кунджурю Республики Чад. Согласно приведенным данным, изолят относился к серотипу SAT-2 топотипа VII генетической линии Lib-12 [10].

В период с мая по август 2018 г. было зарегистрировано 14 вспышек ящура типа SAT-2 среди крупного рогатого скота Южной (Нено) и Центральной (Нчеу, Дедза и Лилонгве) провинций Малави [9, 10].

В июле 2018 г. при проведении диагностических исследований 39 образцов, отобранных от крупного рогатого скота и поступивших в WRLFMD из Судана, в пяти из них выявили вирус ящура серотипа SAT-2. Генотипирование показало, что вирус относится к топотипу VII генетической линии Alx-12. А в пробах из Кении, собранных в период с января 2017 г. по июнь 2018 г. от крупного рогатого скота, было установлено наличие генома вируса ящура серотипа SAT-2 топотипа IV [10].

В конце 2018 г. на территории ЮАР было зарегистрировано три новых вспышки ящура серотипа SAT-2 у крупного рогатого скота в провинции Лимпопо.

О результатах генотипирования не сообщалось. Субклиническая инфекция была обнаружена среди поголовья африканского буйвола в районе Маруленг провинции Лимпопо [18].

На протяжении 2019 г. вспышки ящура серотипа SAT-2 продолжали регистрировать на территории Малави, Замбии, Зимбабве и Нигерии [11–13, 19].

В 2019 г. в WRLFMD были исследованы образцы, собранные на территории Арабской Республики Египет за период с января 2017 г. по ноябрь 2018 г. В пробах был выявлен возбудитель ящура типа SAT-2, дальнейшее генотипирование которого показало, что вирус относится к топотипу VII генетических линий Ghb-12 и Lib-12 [11].

В январе 2019 г. в ЮАР возникло еще 5 вспышек ящура серотипа SAT-2 среди поголовья крупного рогатого скота провинции Лимпопо [11].

В феврале этого же года была отмечена вспышка ящура указанного серотипа среди крупного рогатого скота в Северной провинции Малави. В результате филогенетических исследований было установлено, что вирус относится к топотипу I и является родственным вирусам, ранее встречавшимся в Замбии [19].

В марте – апреле 2019 г. в Зимбабве среди крупного рогатого скота были зарегистрированы 8 вспышек ящура серотипа SAT-2 в Восточном Машоналенде, а также 14 вспышек – в Центральном Машоналенде [11, 19].

Отобранные в период с января по апрель 2019 г. 12 образцов биологического материала от крупного рогатого скота из Замбии были исследованы в WRLFMD, в четырех из них был идентифицирован вирус ящура серотипа SAT-2 топотипа I [19]. Также сообщалось об очередной вспышке ящура типа SAT-2, которая произошла в апреле 2019 г. среди крупного рогатого скота в Малави в регионе, пограничном с Замбией [13].

Еще три вспышки ящура были зарегистрированы во втором квартале 2019 г. в Восточной провинции Замбии. Исследование полученных изолятов указало на присутствие в данной местности вируса ящура серотипа SAT-2 топотипа I [13].

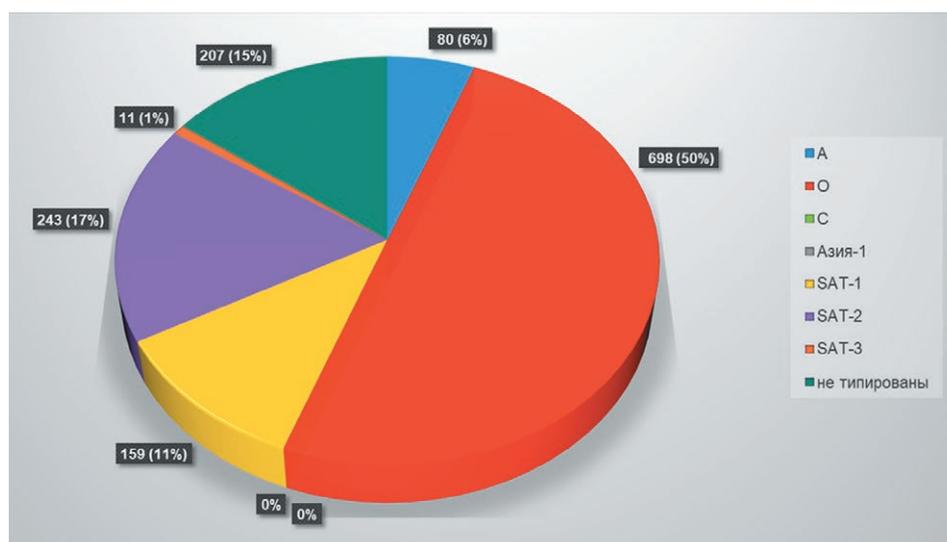


Рис. 3. Соотношение случаев обнаружения ящура разных серотипов на Африканском континенте в 2017–2019 гг. (по данным квартальных отчетов WRLFMD МЭБ/ФАО)

Fig. 3. Proportion of different FMDV serotypes detected in Africa in 2017–2019 (according to the OIE/FAO WRLFMD quarterly reports)

Канадским агентством по инспектированию пищевых продуктов (CFIA/ACIA) совместно с Национальным научно-исследовательским ветеринарным институтом Нигерии (NVRI) в декабре 2019 г. была получена последовательность генома вируса ящура, выделенного из проб от крупного рогатого скота из штатов Плато и Баучи Нигерии в 2017–2018 гг. В 8 образцах был обнаружен вирус ящура серотипа SAT-2. Секвенирование структурного белка VP1 показало, что данный вирус принадлежал к топотипу VII генетической линии Lib-12 [12].

В сентябре 2019 г. в Центральном Машоналенде Зимбабве вновь была зарегистрирована единичная вспышка ящура серотипа SAT-2. В период с ноября по декабрь этого же года в провинции Лимпопо (ЮАР) среди крупного рогатого скота зафиксирована серия из 15 вспышек ящура типа SAT-2. Необходимо отметить, что эпизоотия произошла в буферной зоне страны [12].

#### Распространение вируса ящура серотипа SAT-3

Из трех серотипов SAT вируса ящура SAT-3 имеет относительно небольшое количество топотипов и наиболее ограниченное распространение. На сегодняшний день идентифицировано 5 различных топотипов, обозначаемых римскими цифрами I–V. Исследованные вирусы были получены из семи стран: ЮАР, Зимбабве, Замбия, Намибия, Ботсвана, Малави и Уганда [6, 20].

SAT-3 является одним из наименее изученных серотипов вируса. Спустя 16 лет после последней вспышки ящура данного серотипа, произошедшей в 2006 г. в провинции Лимпопо на территории Национального парка Крюгера в ЮАР, вирус серотипа SAT-3 был выделен в 2013 г. от клинически здорового теленка длиннорогой породы Анколе, который контактировал при выпасе с дикими буйволами в районе Национального парка королевы Елизаветы в Уганде. Появившийся штамм вируса по нуклеотидной последовательности, кодирующей вирусный белок VP1, примерно на 20% отличался от родственных изолятов, ранее выделенных от буйволов в Уганде в 1997 г. Считается, что африканские буйволы играют важную роль в поддержании циркуляции вируса ящура в национальных парках Уганды, но масштабных мониторинговых исследований в популяции данных животных не проводится [21–23].

За рассматриваемый период (2017–2019 гг.) вспышки ящура серотипа SAT-3 были зафиксированы в Замбии, Мозамбике и Намибии.

Исследование образца, полученного от крупного рогатого скота в Лукулу (Западная провинция Замбии) в мае 2017 г., показало наличие вируса ящура серотипа SAT-3 топотипа II, а также его близкое филогенетическое родство к изолятам, выделенным на данной территории в 2015 г. [17].

В декабре 2017 г. среди крупного рогатого скота в районе Чикуналакуала (провинция Газа, Мозамбик) произошла вспышка ящура. Как было установлено в SSARRL (Ботсвана), ее причиной стал вирус ящура серотипа SAT-3. Проведенное генотипирование показало его принадлежность к топотипу I и филогенетическое отличие от других вирусов этого топотипа [8].

В июле 2019 г. две вспышки ящура серотипа SAT-3 были зарегистрированы у крупного рогатого скота в городе Катима-Мулило (область Замбези, Намибия). Данные о нуклеотидной последовательности, кодирующей вирусный белок VP1, были получены в августе 2019 г. Дальнейшие генетические исследования показали, что вирус принадлежит к топотипу II [13]. В период с октяб-

ря по декабрь этого же года сообщалось о 5 новых вспышках ящура серотипа SAT-3 топотипа II у крупного рогатого скота в данном регионе [12].

Как показывают данные квартальных отчетов WRLFMD, на территории африканских стран циркулируют вирусы ящура серотипов SAT-1, -2, -3 различных топотипов.

В Восточной Африке (Эфиопии, Кении, Судане и Уганде) распространены серотипы вируса ящура: SAT-1 топотипа I, SAT-2 топотипа IV и SAT-2 топотипа VII генетических линий Alx-12 и Ghb-12.

Для территории стран Западной Африки (Камерун, Республика Чад, Нигерия) актуален вирус ящура серотипов SAT-1 топотипа X, SAT-2 топотипа VII генетической линии Lib-12.

В странах Южной Африки (ЮАР, Зимбабве, Ботсвана, Малави, Намибия, Мозамбик, Замбия) регистрируется ящур серотипов: SAT-1 топотипа I; SAT-2 топотипов I, II, III; SAT-3 топотипов I и II.

С 2012 г. вирус ящура серотипа SAT-2 топотипа VII генетических линий Lib-12 и Ghb-12 стал отмечаться и на территории Северной Африки, в частности в Египте и Ливии.

Все три серотипа SAT вируса ящура циркулируют только в Южной Африке и поражают жвачных парнокопытных. Вспышки ящура на территории стран Южной, Восточной и Западной Африки обусловлены тесным контактом при выпасе домашнего скота с дикими парнокопытными, в частности с африканским буйволом и импалой (*Aepyceros melampus*) [3]. Уникальная особенность эпизоотологии ящура в Африке заключается в постоянном поддержании всех трех серотипов SAT в популяциях африканских буйволов. При скоплении эти животные служат потенциальным источником спорадической инфекции для домашнего скота и других восприимчивых к вирусу ящура видов животных. Точный механизм передачи ящура от буйволов скоту изучен недостаточно, по данным F. Maree et al., инфицированию способствует прямой контакт между этими двумя видами [23]. На Африканском континенте образовался природный очаг ящура и буйволы служат естественным резервуаром возбудителя для домашних и диких животных. Это обусловлено персистенцией вируса в организме диких парнокопытных, который сохраняется у отдельно взятых буйволов до 4–5 лет, а в небольших изолированных стадах (30–100 голов) – до 24 лет [24].

А. Н. Бурдов и соавт. [24] определили 4 фактора распространения ящура в Африке, обусловленного передвижением животных:

1. С целью реализации живых животных скот из Нигера, Чада, Северной Нигерии и Мали направляется к городским центрам на побережье Атлантики, а из Северо-Восточной Африки – на Ближний Восток.

2. Передвижение домашнего скота, связанное с использованием общинных пастбищ, натуральным обменом, а также кочевничеством.

3. В период сезона засухи, приходящейся ежегодно на период с января по февраль, происходит массовая миграция людей и скота на территории Западной Африки от Мали на юг, а с наступлением сезона дождей – обратно на север.

4. Естественная миграция диких животных в районе восточноафриканских и южноафриканских плато.

Несмотря на предпринимаемые рядом стран Африки мероприятия, направленные на борьбу с ящуром,

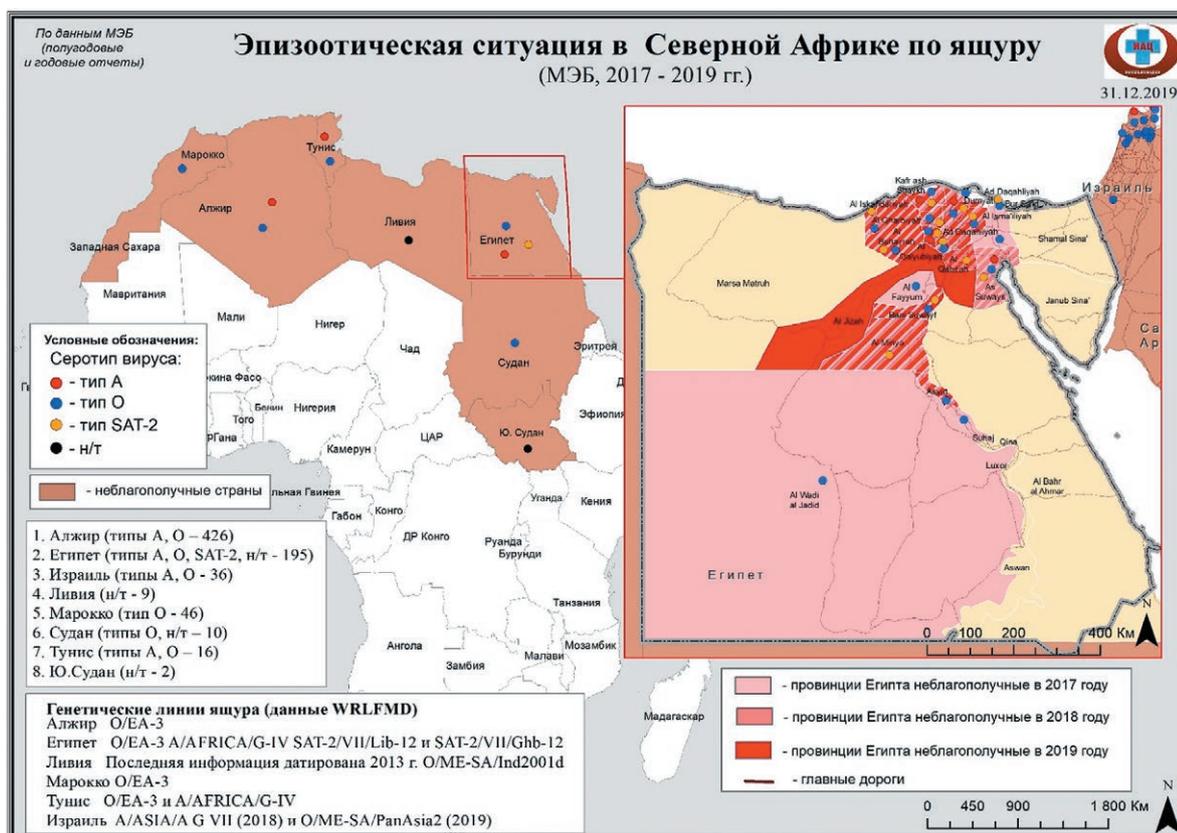


Рис. 4. Эпизоотическая ситуация в Северной Африке по ящуру в 2017–2019 гг. (карта подготовлена сотрудниками информационно-аналитического центра ФГБУ «ВНИИЗЖ»)

Fig. 4. FMD epidemic situation in North Africa in 2017–2019 (the map is made by the experts of the Information Analysis Center, FGBI "ARRIAH")

ситуация на данном континенте по-прежнему остается нестабильной [25].

Подавляющее большинство вспышек заболевания регистрируется на территории Восточной и Западной Африки, но серотипы, которые циркулируют в основном на территории Южной Африки, имеют тенденцию к распространению вглубь континента. Исходя из данных, приведенных в отчетах WRLFMD, также можно сделать вывод о продвижении ящура серотипа SAT-2 на территорию Северной Африки. Подробная информация о вспышках вируса на территории Северной Африки в 2017–2019 гг. представлена на рисунке 4. Стоит отметить и тот факт, что не все вспышки остаются типированными. Это обстоятельство отягчает борьбу с ящуром на данном континенте.

Согласно опубликованным I. McLachlan et al. данным, многие владельцы скота в странах Африки сталкиваются с ежегодными вспышками ящура. Значительные экономические потери связаны со снижением уровня производства сельскохозяйственной продукции и утратой крупного рогатого скота в качестве тягловой силы. Деятельность частных животноводческих ферм и личных подсобных хозяйств основывается на содержании и разведении домашнего скота как источника средств к существованию и обеспечения продовольственной безопасности. В развивающихся странах с низким и средним уровнем дохода сокращение прибыли в сфере сельского хозяйства приводит к снижению расходов на здравоохранение, образование и питание. Домашний скот также является неотъемлемой частью соци-

ального статуса и культурной самобытности населения в значительной части стран Африканского континента. Поэтому необходимо предпринять дальнейшие меры для усиления контроля над ящуром в энзоотичных районах Африки [26].

### ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Сложившаяся эпизоотическая ситуация по ящуру серотипов SAT-1, SAT-2 и SAT-3 на территории Африканского континента указывает на то, что ящур серотипа SAT-2 продолжает продвигаться в направлении Северной Африки и представляет реальную угрозу заноса на территорию Ближнего Востока и Западной Азии. Распространению заболевания сопутствуют все более интенсивные торговые отношения между странами Северной Африки, в частности Египтом, Тунисом, Алжиром, и Западной Азии, а также с Российской Федерацией. Это обстоятельство вызывает интерес к углубленному изучению особенностей распространения эпизоотических изолятов вируса ящура в Африке, поскольку в генетическом отношении они отличаются от штаммов, ранее выявленных на территории нашей страны и сопредельных государств.

Вирусы ящура серотипов SAT-1, -2, -3 обладают значительной инфекционной активностью и способностью поражать разные виды животных в смешанных популяциях не только в африканских государствах, но и за пределами континента в целом.

Стоит также учитывать и тот факт, что африканские буйволы и импалы служат естественным резервуаром

для вируса ящура трех серотипов SAT. В организме диких парнокопытных вирус может сохраняться многие годы. Это обуславливает существование и поддержание стационарного природного очага ящура в Африке, и поэтому угроза возникновения новых вспышек инфекции остается высокой.

## СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ (п. п. 1–23, 26 см. REFERENCES)

24. Бурдов А. Н., Дудников А. И., Малярец П. В. и др. Ящур. Под ред. А. Н. Бурдова. М.: Агропромиздат; 1990. 320 с.

25. Тимитей А., Паршин П. А., Сухарев О. И., Макаров В. В. Особенности эпизоотологии ящура в Западной Африке. *Ветеринарная патология*. 2009; 4 (31): 107–114. eLIBRARY ID: 16769804.

## REFERENCES

1. Brooksby J. B. The virus of foot-and-mouth disease. *Adv. Virus Res.* 1958; 5: 1–37. DOI: 10.1016/s0065-3527(08)60670-3.

2. Guerrini L., Pfukenyi D. M., Etter E., Bouyer J., Njagu C., Ndhlovu F., et al. Spatial and seasonal patterns of FMD primary outbreaks in cattle in Zimbabwe between 1931 and 2016. *Vet. Res.* 2019; 50 (1):73. DOI: 10.1186/s13567-019-0690-7.

3. Duchatel F., Bronsvort B. M. de C., Lycett S. Phylogeographic analysis and identification of factors impacting the diffusion of foot-and-mouth disease virus in Africa. *Front. Ecol. Evol.* 2019; 7:371. DOI: 10.3389/fevo.2019.00371.

4. Lycett S., Tanya V. N., Hall M., King D. P., Mazeri S., Mioulet V., et al. The evolution and phylogenetics of serotype A and SAT 2 foot-and-mouth disease viruses in endemic regions of Africa. *Sci. Rep.* 2019; 9 (1):5614. DOI: 10.1038/s41598-019-41995-4.

5. Jamal S. M., Belsham G. J. Foot-and-mouth disease: past, present and future. *Vet. Res.* 2013; 44 (1):116. DOI: 10.1186/1297-9716-44-116.

6. OIE/FAO Reference Laboratory Network for Foot-and-Mouth Disease. Foot-and-Mouth Disease Virus Serotypes, Topotypes and Lineages. Available at: <https://www.foot-and-mouth.org/FMDV-nomenclature-working-group/nomenclature#topotypes>.

7. WRLFMD Quartely Report. Foot-and-Mouth Disease: July to September 2017. Available at: [https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick\\_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Jul-Sep%202017.pdf](https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Jul-Sep%202017.pdf).

8. WRLFMD Quartely Report. Foot-and-Mouth Disease: January to March 2018. Available at: [https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick\\_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Jan-Mar%202018.pdf](https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Jan-Mar%202018.pdf).

9. WRLFMD Quartely Report. Foot-and-Mouth Disease: April to June 2018. Available at: [https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick\\_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Apr-Jun%202018.pdf](https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Apr-Jun%202018.pdf).

10. WRLFMD Quartely Report. Foot-and-Mouth Disease: July to September 2018. Available at: [https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick\\_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Jul-Sep%202018.pdf](https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Jul-Sep%202018.pdf).

11. WRLFMD Quartely Report. Foot-and-Mouth Disease: January to March 2019. Available at: [https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick\\_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Jan%20-%20Mar%202019.pdf](https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Jan%20-%20Mar%202019.pdf).

12. WRLFMD Quartely Report. Foot-and-Mouth Disease: October to December 2019. Available at: [https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick\\_media/OIE-FAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Oct%20-%20Dec%202019%20v2.pdf](https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick_media/OIE-FAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Oct%20-%20Dec%202019%20v2.pdf).

13. WRLFMD Quartely Report. Foot-and-Mouth Disease: July to September 2019. Available at: [https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick\\_media/OIE-FAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Jul%20-%20Sep%202019.pdf](https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick_media/OIE-FAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Jul%20-%20Sep%202019.pdf).

14. OIE/FAO FMD Reference Laboratory Network Annual Report 2012. Available at: [http://www.fao.org/fileadmin/user\\_upload/eufmd/docs/Pirbright\\_reports/OIE-FAO\\_FMD\\_Reference\\_Laboratory\\_Network\\_report\\_2012\\_.pdf](http://www.fao.org/fileadmin/user_upload/eufmd/docs/Pirbright_reports/OIE-FAO_FMD_Reference_Laboratory_Network_report_2012_.pdf).

15. WRLFMD Quartely Report. Foot-and-Mouth Disease: January to March 2017. Available at: [https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick\\_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Jan-Mar%202017.pdf](https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Jan-Mar%202017.pdf).

16. WRLFMD Quartely Report. Foot-and-Mouth Disease: April to June 2017. Available at: [https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick\\_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Apr-Jun%202017.pdf](https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Apr-Jun%202017.pdf).

17. WRLFMD Quartely Report. Foot-and-Mouth Disease: October to December 2017. Available at: [https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick\\_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Oct-Dec%202017.pdf](https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Oct-Dec%202017.pdf).

18. WRLFMD Quartely Report. Foot-and-Mouth Disease: October to December 2018. Available at: [https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick\\_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Oct-%20Dec%202018.pdf](https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Oct-%20Dec%202018.pdf).

19. WRLFMD Quartely Report. Foot-and-Mouth Disease: April to June 2019. Available at: [https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick\\_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Apr%20-%20Jun%202019.pdf](https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick_media/OIEFAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Report%20Apr%20-%20Jun%202019.pdf).

20. Vosloo W., Bastos A. D., Sangare O., Hargreaves S. K., Thomson G. R. Review of the status and control of foot and mouth disease in sub-Saharan Africa. *Rev. Sci. Tech.* 2002; 21 (3): 437–449. DOI: 10.20506/rst.21.3.1349.

21. Dhikusooka M. T., Tjørnehøj K., Ayebazibwe C., Namatovu A., Ruhweza S., Siegmund H.R., et al. Foot-and-mouth disease virus serotype SAT 3 in long-horned Ankole calf, Uganda. *Emerg. Infect. Dis.* 2015; 21 (1): 111–114. DOI: 10.3201/eid2101.140995.

22. Bastos A. D., Anderson E. C., Bengis R. G., Keet D. F., Winterbach H. K., Thomson G. R. Molecular epidemiology of SAT3-type foot-and-mouth disease. *Virus Genes.* 2003; 27 (3): 283–290. DOI: 10.1023/a:1026352000959.

23. Maree F. F., Kasanga C. J., Scott K. A., Opperman P. A., Melanie C., Sangula A. K., et al. Challenges and prospects for the control of foot-and-mouth disease: An African perspective. *Veterinary Medicine: Research and Reports.* 2014; 5: 119–138. DOI: 10.2147/VMRR.S62607.

24. Burdov A. N., Dudnikov A. I., Malyarets P. V. Foot-and-mouth disease [Yashchur]. Ed. by A. N. Burdov. M.: Агропромиздат; 1990. 320 p. (in Russian)

25. Timitei A., Parshin P. A., Sukharev O. I., Makarov V. V. Special aspects of FMD epidemiology in West Africa [Osobennosti epizootologii yashchura v Zapadnoj Afrike]. *Veterinarnaya patologiya*. 2009; 4 (31): 107–114. eLIBRARY ID: 16769804. (in Russian)

26. McLachlan I., Marion G., McKendrick I. J., Porphyre T., Handel I. G., Bronsvort B. M. D. Endemic foot and mouth disease: pastoral in-herd disease dynamics in sub-Saharan Africa. *Sci. Rep.* 2019; 9 (1):17349. DOI: 10.1038/s41598-019-53658-5.

Поступила 11.03.2021

Принята в печать 20.04.2021

Received on 11.03.2021

Approved for publication on 20.04.2021

## ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ / INFORMATION ABOUT THE AUTHORS

**Сидоровская Мирослава Владимировна**, аспирант, сотрудник референтной лаборатории диагностики ящура ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия.

**Фомина Светлана Николаевна**, кандидат ветеринарных наук, заведующий референтной лабораторией диагностики ящура ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия.

**Кременчугская Светлана Ревдитовна**, доктор ветеринарных наук, ведущий научный сотрудник референтной лаборатории диагностики ящура ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия.

**Miroslava V. Sidorovskaya**, Post-Graduate Student, Researcher, Reference Laboratory for FMD Diagnosis, FGBI "ARRIAH", Vladimir, Russia.

**Svetlana N. Fomina**, Candidate of Science (Veterinary Medicine), Head of Reference Laboratory for FMD Diagnosis, FGBI "ARRIAH", Vladimir, Russia.

**Svetlana R. Kremenchugskaya**, Doctor of Science (Veterinary Medicine), Leading Researcher, Reference Laboratory for FMD Diagnosis, FGBI "ARRIAH", Vladimir, Russia.