



<https://doi.org/10.29326/2304-196X-2024-13-3-298-300>
УДК 619:578.842.1:575.28(470)



Первое выявление рекомбинантного варианта вируса африканской чумы свиней в Российской Федерации (краткое сообщение)

А. С. Иголкин¹, Р. С. Чернышев¹, Н. Г. Зиняков¹, Е. О. Морозова¹, А. Р. Шотин¹, К. Н. Груздев¹, И. А. Чвала¹, А. Мазлум²

¹ ФГБУ «Федеральный центр охраны здоровья животных» (ФГБУ «ВНИИЗЖ»), мкр. Юрьево, г. Владимир, 600901, Россия

² Университет штата Луизиана, г. Батон-Руж, LA 70803, США

РЕЗЮМЕ

В рамках проведения комплексных молекулярно-генетических исследований изолятов вируса африканской чумы свиней, циркулирующих в России, идентифицирован рекомбинантный вариант с мозаичной структурой генома, вызвавший вспышку заболевания на территории свиноплекарства Приморского края в 2023 г. Охарактеризованный штамм ASFV/Primorsky_2023/DP-4560.Rec обладал феноменом «гемадсорбции», высокой репродукционной активностью в первичных культурах клеток макрофагов свиней, 99,9917%-й идентичностью с первыми рекомбинантными изолятами из Китайской Народной Республики, выявленными в 2021 г. Сайты рекомбинации включали 79 открытых рамок считывания, гомологичных изолятам генотипа II, 49 – генотипу I и 12 смешанных. Исследование методом полимеразной цепной реакции в режиме реального времени биологического материала, отобранного от павших свиней, не показало изменения чувствительности и специфичности, несмотря на значительные генетические различия рекомбинанта в сравнении с изолятами генотипа II, энзоотичными для Российской Федерации. Однако D. Zhao et al. в 2023 г. сообщалось о высоковирулентных свойствах родственных вариантов вируса в острых опытах на домашних свиньях. В связи с нарастающими темпами молекулярной эволюции вируса африканской чумы свиней в странах Восточной Азии (Китае, Вьетнаме и дальневосточных регионах России) необходимо усовершенствование мер контроля, общей и специфической профилактики, внутреннего и международного надзора за экономически значимой болезнью животных.

Ключевые слова: африканская чума свиней, рекомбинантный вариант, I генотип, II генотип, Приморский край, Дальний Восток

Благодарности: Работа выполнена за счет средств ФГБУ «ВНИИЗЖ» в рамках тематики научно-исследовательских работ «Ветеринарное благополучие».

Для цитирования: Иголкин А. С., Чернышев Р. С., Зиняков Н. Г., Морозова Е. О., Шотин А. Р., Груздев К. Н., Чвала И. А., Мазлум А. Первое выявление рекомбинантного варианта вируса африканской чумы свиней в Российской Федерации (краткое сообщение). *Ветеринария сегодня*. 2024; 13 (3): 298–300. <https://doi.org/10.29326/2304-196X-2024-13-3-298-300>

Конфликт интересов: Иголкин А. С. и Чвала И. А. являются членами редколлегии, Груздев К. Н. является главным редактором журнала «Ветеринария сегодня», но не имеют никакого отношения к решению опубликовать эту статью. Об иных конфликтах интересов авторы не заявляли.

Для корреспонденции: Иголкин Алексей Сергеевич, канд. вет. наук, заместитель руководителя лабораторно-диагностического центра, заведующий референтной лабораторией по африканской чуме свиней ФГБУ «ВНИИЗЖ», мкр. Юрьево, г. Владимир, 600901, Россия, igolkin_as@arriah.ru

First detection of recombinant variant of African swine fever virus in the Russian Federation (brief communication)

Alexey S. Igolkin¹, Roman S. Chernyshev¹, Nikolay G. Zinyakov¹, Elizaveta O. Morozova¹, Andrey R. Shotin¹, Konstantin N. Gruzdev¹, Ilya A. Chvala¹, Ali Mazloun²

¹ Federal Centre for Animal Health, Yur'evets, Vladimir 600901, Russia

² Louisiana State University, Baton Rouge, LA 70803, USA

ABSTRACT

As part of extensive molecular and genetic research into African swine fever virus isolates circulating in Russia, a recombinant variant with a mosaic genome structure has been identified. The one that caused an outbreak on a pig farm in the Primorsky Krai, in 2023. The characterized strain ASFV/Primorsky_2023/DP-4560.Rec demonstrates hemadsorption, active propagation in porcine primary macrophage cell culture, 99.9917% identity with the first recombinant isolates from the People's Republic of China, recovered in 2021. Recombination sites included 79 open reading frames homologous to genotype II isolates; 49 ones homologous to genotype I and 12 mixed ones. Testing biomaterial from dead pigs in real-time polymerase chain reaction showed no changes in sensitivity or specificity, despite significant genetic distinctions between the recombinant and genotype II isolates that are enzootic to the Russian Federation. However, in 2023, D. Zhao et al. reported on high virulence of the virus related variants as revealed by the challenge tests in domestic pigs. Given the accelerating rates of ASFV molecular evolution in the East Asian countries (China, Vietnam and the Far Eastern regions of Russia), it is required to improve control measures, general and specific prevention, national and international surveillance over the economically significant animal disease.

Keywords: African swine fever, recombinant variant, genotype I, genotype II, the Primorsky Krai, the Far East

Acknowledgements: The study was funded by the Federal Centre for Animal Health within the research topic "Veterinary Welfare".

© Иголкин А. С., Чернышев Р. С., Зиняков Н. Г., Морозова Е. О., Шотин А. Р., Груздев К. Н., Чвала И. А., Мазлум А., 2024

© ФГБУ «ВНИИЗЖ», 2024

For citation: Igolkin A. S., Chernyshev R. S., Zinyakov N. G., Morozova E. O., Shotin A. R., Gruzdev K. N., Chvala I. A., Mazloun A. First detection of recombinant variant of African swine fever virus in the Russian Federation (brief communication). *Veterinary Science Today*. 2024; 13 (3): 298–300. <https://doi.org/10.29326/2304-196X-2024-13-3-298-300>

Conflict of interests: Igolkin A. S., Chvala I. A. are members of the editorial board, Gruzdev K. N. is the editor-in-chief of the “Veterinary Science Today” journal. None of the authors were involved into decision making process related to the article publication. The authors declared no other conflicts of interests.

For correspondence: Aleksey S. Igolkin, Cand. Sci. (Veterinary Medicine), Deputy Head of the Laboratory Diagnostic Center, Head of Reference Laboratory for African Swine Fever, Federal Centre for Animal Health, Yur'evets, Vladimir 600901, Russia, igolkin_as@arria.ru

Эпизоотическая ситуация по африканской чуме свиней (АЧС) на территории России в 2023 г. оставалась неблагоприятной. Очаги болезни выявлены в популяциях диких кабанов и домашних свиней как в личных подсобных хозяйствах, так и на свиноводческих предприятиях ряда субъектов страны.

В рамках реализуемых в ФГБУ «ВНИИЗЖ» научно-исследовательских работ проведены комплексные исследования с использованием методов секвенирования и филогенетического анализа образца вируса АЧС (штамм ASFV/Primorsky_2023/DP-4560.Rec), выделенного из биологического материала во время вспышки (май 2023 г.) инфекции на свиноводческом комплексе Приморского края (с. Первомайское Михайловского района).

Проведен сравнительный анализ с данными из открытых источников, описывающими изоляты, выделенные в 2018–2023 гг. на территории Приморского края и других субъектов Российской Федерации. В качестве референс-образцов использованы генетические последовательности штаммов вируса АЧС I и II генотипов из международной базы данных GenBank (штамм OURT 88/3 – № AM712240.1; штамм Georgia 2007/1 – № FR682468.2 соответственно), а также последовательности рекомбинантных (I и II генотипа) изолятов, выявленных во время вспышек АЧС в 2021–2022 гг. от домашних свиней в следующих провинциях Китая: Хайнань, Внутренняя Монголия и Цзянсу [1].

В ходе исследований идентифицирован вирус АЧС, накапливающийся в культуре клеток костного мозга свиней в титре $(8,2 \pm 0,23) \lg \text{ГДЭ}_{50}/\text{см}^3$, демонстрирующий феномен «плотной гемадсорбции».

Полногеномные последовательности ASFV/Primorsky_2023/DP-4560.Rec и ASFV/Pig/Jiangsu/LG_China/2021 (рекомбинантный вариант, зарегистрированный в Китае в 2021 г.) продемонстрировали 99,9917%-ю гомологию (рис. 1).

Результаты филогенетического полногеномного анализа, представленные на рисунке 2, наглядно демонстрируют соответствие исследуемого вируса из

Приморского края отдельной кладе рекомбинантных изолятов из Китая (2021–2022 гг.).

Формирование сайтов рекомбинации (79 открытых рамок считывания (ОРС) принадлежат к генотипу II, 49 – к генотипу I, 12 – смешанным) в геноме штамма ASFV/Primorsky_2023/DP-4560.Rec представлены на рисунке 3.

Описанный в публикации D. Zhao et al. в 2023 г. рекомбинантный вариант охарактеризован как высоко-вирулентный для домашних свиней [1]. Также сообщается, что экспериментальные вакцины против АЧС, изготовленные на основе штамма HLJ/18-7GD (разработчик Harbin Veterinary Research Institute), обеспечивающие защиту от заражения вирулентным вирусом генотипа II, не защищали свиней от заражения рекомбинантным вариантом [2].

В 2023 г. подобный предыдущим рекомбинантный вариант вируса был обнаружен в северных провинциях Вьетнама [3].

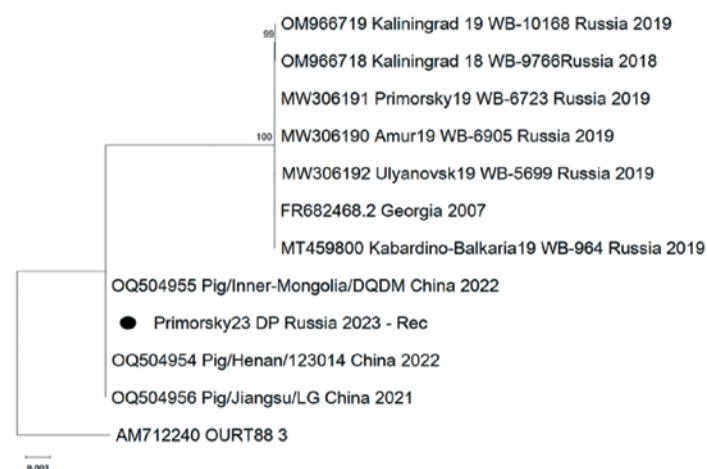


Рис. 2. Филогенетическое древо ASFV/Primorsky_2023/DP-4560.Rec (●) и других штаммов вируса АЧС

Fig. 2. Phylogenetic tree of ASFV/Primorsky_2023/DP-4560.Rec (●) and other ASF virus strains

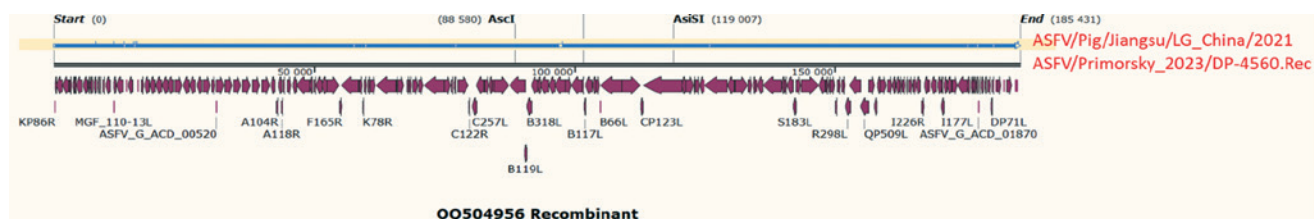


Рис. 1. Карта соответствия полногеномных последовательностей изолятов вируса АЧС ASFV/Primorsky_2023/DP-4560.Rec и ASFV/Pig/Jiangsu/LG_China/2021 (синий цвет показывает гомологию между последовательностями)

Fig. 1. Genome-wide map showing correspondence of sequences between ASF isolates ASFV/Primorsky_2023/DP-4560.Rec and ASFV/Pig/Jiangsu/LG_China/2021 (blue color shows homology between the sequences)

(ОРС с высоким процентом идентичности последовательности генотипа II обозначены фиолетовым цветом; ОРС, сходные с генотипом I, – зеленым; гены, имеющие идентичность последовательности с генотипом II, но мутации, идентичные генотипу I, обозначены оранжевым цветом)

В настоящее время специалистами ФГБУ «ВНИИЗЖ» ведутся работы по изучению иммунобиологических свойств изолята ASFV/Primorsky_2023/DP-4560.Rec, в том числе на восприимчивых животных. Первичные данные показывают, что изменения в его геноме не влияют на чувствительность и специфичность метода полимеразной цепной реакции в режиме реального времени, широко используемого при диагностике инфекции. О результатах дальнейших и проводимых экспериментов будет сообщено дополнительно.

Полученные данные в очередной раз подтверждают трансграничный характер АЧС, демонстрируют уязвимость мировой отрасли свиноводства и определяют

1. Zhao D, Sun E, Huang L, Ding L, Zhu Y, Zhang J, et al. Highly lethal genotype I and II recombinant African swine fever viruses detected in pigs. *Nature Communications*. 2023; 14:3096. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-38868-w>
2. Chen W, Zhao D, He X, Liu R, Wang Z, Zhang X, et al. A seven-gene-deleted African swine fever virus is safe and effective as a live attenuated vaccine in pigs. *Science China Life Sciences*. 2020; 63 (5): 623–634. <https://doi.org/10.1007/s11427-020-1657-9>
3. Le V. P., Nguyen V. T., Le T. B., Mai N. T. A., Nguyen V. D., Than T. T., et al. Detection of recombinant African swine fever virus strains of p72 genotypes I and II in domestic pigs, Vietnam, 2023. *Emerging Infectious Diseases*. 2024; 30 (5): 991–994. <https://doi.org/10.3201/eid3005.231775>

Иголкин Алексей Сергеевич, канд. вет. наук, заместитель руководителя лабораторно-диагностического центра, заведующий референтной лабораторией по африканской чуме свиней ФГБУ «ВНИИЗЖ», г.Владимир, Россия; <https://orcid.org/0000-0002-5438-8026>, iqolkin_as@arriah.ru

Чернышев Роман Сергеевич, аспирант, ветеринарный врач
референтной лаборатории по африканской чуме свиней
ФГБУ «ВНИИЖ», г. Владимир, Россия;
<https://orcid.org/0000-0003-3604-7161>, chernishev_rs@arriah.ru

Зиняков Николай Геннадьевич, канд. биол. наук, ведущий научный сотрудник референтной лаборатории вирусных болезней птиц ФГБУ «ВНИИЖ», г. Владимир, Россия;
<https://orcid.org/0000-0002-3015-5594>, zinyakov@arriah.ru

Морозова Елизавета Олеговна, аспирант, биолог референтной лаборатории по африканской чуме свиней ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия; <https://orcid.org/0000-0002-0955-9586>, morozova_eo@arriah.ru

Шотин Андрей Романович, канд. вет. наук, научный сотрудник референтной лаборатории по африканской чуме свиней ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия; <https://orcid.org/0000-0001-9884-1841>, shotin@arriah.ru

Груздев Константин Николаевич, д-р биол. наук, профессор,
главный научный сотрудник Информационно-аналитического центра
ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия;
<https://orcid.org/0000-0003-3159-1969>, gruzdev@arriah.ru

Чвала Илья Александрович, канд. вет. наук, заместитель директора
по НИР ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия;
<https://orcid.org/0000-0001-5982-3675>, chvala@vniizh.ru

Мазлум Али, канд. биол. наук, Университет штата Луизиана, г. Батон-Руж, США; <https://orcid.org/0000-0002-5982-8393>, ali.mazloum6@gmail.com

Alexey S. Igolkin, Cand. Sci. (Veterinary Medicine), Deputy Head of the Laboratory Diagnostic Center, Head of Reference Laboratory for African Swine Fever, Federal Centre for Animal Health, Vladimir, Russia;
<https://orcid.org/0000-0002-5438-8026>, igolkin_as@arriah.ru

Roman S. Chernyshev, Postgraduate Student, Veterinarian, Reference Laboratory for African Swine Fever, Federal Centre for Animal Health, Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0003-3604-7161>, chernishev_rs@arriah.ru

Nikolay G. Zinyakov, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, Reference Laboratory for Avian Viral Diseases, Federal Centre for Animal Health, Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0002-3015-5594>, zinyakov@arriah.ru

Elizaveta O. Morozova, Postgraduate Student, Biologist, Reference Laboratory for African Swine Fever, Federal Centre for Animal Health, Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0002-0955-9586>, morozova_eo@arriah.ru

Andrey R. Shotin, Cand. Sci. (Veterinary Medicine), Researcher, Reference Laboratory for African Swine Fever, Federal Centre for Animal Health, Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0001-9884-1841>, shotin@arriah.ru

Konstantin N. Gruzdev, Dr. Sci. (Biology), Professor, Chief Researcher, Information and Analysis Centre, Federal Centre for Animal Health, Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0003-3159-1969>, gruzdev@arriah.ru

Ilya A. Chvala, Cand. Sci. (Veterinary Medicine), Deputy Director for Research, Federal Centre for Animal Health, Vladimir, Russia;
<https://orcid.org/0000-0001-5982-3675>, chvala@arriah.ru

Ali Mazloun, Cand. Sci. (Biology), Louisiana State University, Baton Rouge, USA; <https://orcid.org/0000-0002-5982-8393>, ali.mazloun6@gmail.com