



<https://doi.org/10.29326/2304-196X-2024-13-3-298-300>



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 AFSV 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".

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: 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, Yur'evets, Vladimir 600901, Russia, igolkin_as@arriah.ru

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. Юрьеvec, 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 свиного комплекса 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 интернационального надзора за экономически значимой болезнью животных.

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

Благодарности: Работа выполнена на 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. Юрьевец, г. Владимир, 600901, Россия, igolkin_as@arriah.ru

In 2023, African swine fever situation (ASF) in Russia was unfavourable. The ASF outbreaks were detected in populations of wild boars and domestic pigs both in backyards and on commercial pig farms in a number of subjects of the Russian Federation.

As part of the research project implemented by the Federal Centre for Animal Health, ASF virus isolate (ASFV/Primorsky_2023/DP-4560.Rec), recovered from an outbreak reported on a commercial pig farm in the Primorsky Krai (in May 2023; Settlement Pervomayskoye, Raion Mikhailovsky), was subjected to a comprehensive sequencing and phylogenetic analysis.

The obtained results were compared with the data from the open sources describing isolates recovered in 2018–2023 in the Primorsky Krai and other subjects of the Russian Federation. As reference samples we used sequences of ASFV genotypes I and II strains from the GenBank international database (i.e. OURT 88/3 – No. AM712240.1 strain and Georgia 2007/1 – No. FR682468.2 strain, respectively), as well as sequences of recombinant isolates (genotypes I and II) detected during ASF outbreaks in 2021–2022 in domestic pigs in the Provinces of Hainan, Inner Mongolia and Jiangsu (China) [1].

During the research, we identified ASF virus that is able to accumulate in porcine bone marrow cell culture at a titer of (8.2 ± 0.23) Ig HAD₅₀/cm³, demonstrating the phenomenon of hemadsorption.

Genome-wide sequencing of ASFV/Primorsky_2023/DP-4560.Rec and ASFV/Pig/Jiangsu/LG_China/2021 (recombinant variant registered in China in 2021) isolates demonstrated 99.9917% homology (Fig. 1).

Results of the genome-wide comparison of phylogenetic trees given in Figure 2 clearly demonstrate correspondence of the studied virus from the Primorsky Krai to a separate clade of recombinant isolates from China (2021–2022).

Formation of the recombination sites (79 open reading frames (ORF) belong to genotype II, 49 to genotype I, 12 are mixed) in the genome of ASFV/Primorsky_2023/DP-4560.Rec strain are shown in Figure 3.

The recombinant variant described by D. Zhao et al. in 2023 was characterized as highly virulent for domestic pigs [1]. It was also reported that pilot ASF vaccines manufactured from HLJ/18-7GD strain (developed by Harbin Veterinary Research Institute), protect from virulent genotype II virus but do not protect pigs from infection with the recombinant variant [2].

In 2023, the recombinant virus variant, similar to the previous ones, was detected in the northern provinces of Vietnam [3].

Currently, the Federal Centre for Animal Health researchers are studying biological properties

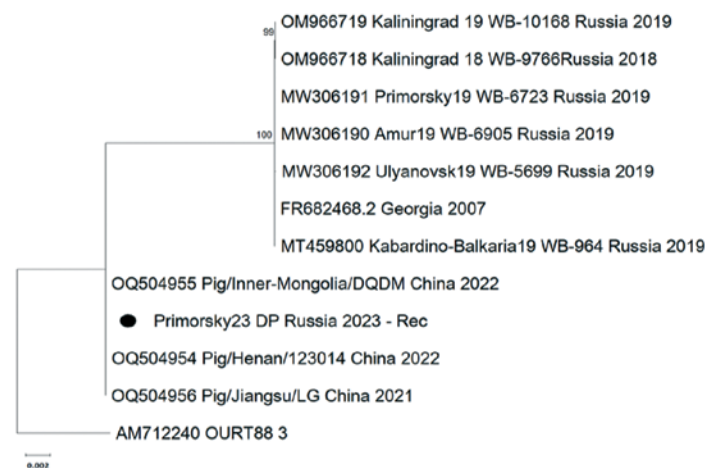


Fig. 2. Phylogenetic tree of ASFV/Primorsky_2023/DP-4560.Rec (●) and other ASF virus strains

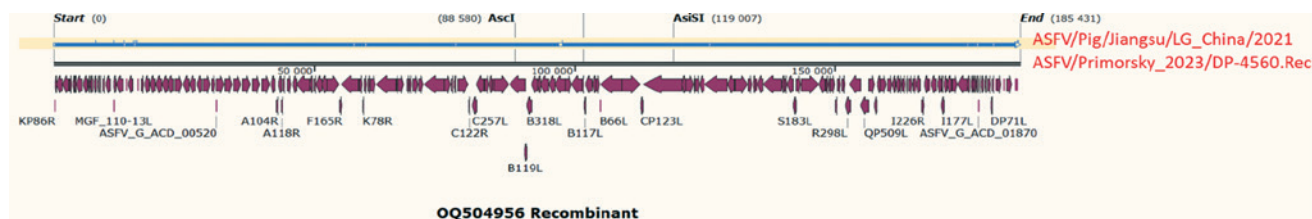


Fig. 1. Genome-wide map showing correspondence of sequences between ASF isolates ASFV/Primorsky_2023/DP-4560.Rec and ASFV/Pig/Jiangsu/LG_China/2021 (blue color shows homology between the sequences)

