



<https://doi.org/10.29326/2304-196X-2024-13-4-330-337>
УДК 619:616.98:578.833.3:616-073(470.54)



Комплексные исследования и видовая идентификация вируса вирусной диареи крупного рогатого скота в популяциях высокопродуктивных животных на территории Свердловской области

Н. А. Безбородова, В. В. Кожуховская, Е. В. Печура, Н. А. Мартынов, О. Г. Томских, А. Н. Васильева

ФГБНУ «Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук» (ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН), ул. Белинского, 112а, г. Екатеринбург, 620142, Россия

РЕЗЮМЕ

Представлены результаты комплексных исследований вируса диареи крупного рогатого скота, циркулирующего в популяциях крупного рогатого скота на территории Свердловской области. В период с 2018 по 2024 г. с помощью полимеразной цепной реакции было исследовано 113 проб биологического материала, при этом специфические участки РНК вируса были обнаружены в 15,9% случаев. Геном возбудителя вирусной диареи крупного рогатого скота был выделен из биологических проб, полученных от абортировавших коров (61,1%) и молодняка до 1 месяца (38,9%). В результате типирования обнаруженные в 4 пробах (смывы из носоглотки телят, суспензия из органов абортированных плодов и плаценты) изоляты вируса были отнесены к вирулентным генотипам BVDV-1. В 44% проб влажных смывов от абортировавших коров и единично в плаценте и паренхиматозных органах от павших телят одновременно выявляли РНК BVDV, ДНК *Mycoplasma bovis* и *Chlamydia pecorum*; в 16% проб патматериала от павших телят – РНК BVDV и ДНК *Bovine herpesvirus* 1-го типа. В единичных случаях в смывах из носоглотки телят обнаруживали РНК BVDV, ДНК *Chlamydia pecorum* и *Mycoplasma bovis genitalium*. Внедренная в 2018 г. на территории Свердловской области «Комплексная программа биологической защиты и оздоровления сельскохозяйственных организаций от вирусной диареи крупного рогатого скота» привела к снижению количества сельскохозяйственных предприятий, неблагополучных по вирусной диарее крупного рогатого скота. Острая и персистентная форма инфекций среди молодняка регистрировалась в 4 и 3,5 раза реже соответственно, но при этом отмечали увеличение в 2,5 раза диагностируемой латентной формы течения болезни у взрослого поголовья, что связано с увеличением количества проводимых лабораторных исследований.

Ключевые слова: вирусная диарея крупного рогатого скота, BVDV, генотипирование, вирусно-бактериальные инфекции, смешанные инфекции, оздоровительные мероприятия

Благодарности: Исследование выполнено в рамках государственного задания № 0532-2021-0007 «Изучение структуры антигенного пейзажа возбудителей эмерджентных инфекций сельскохозяйственных животных, биологических особенностей механизмов их взаимодействия с макроорганизмом».

Для цитирования: Безбородова Н. А., Кожуховская В. В., Печура Е. В., Мартынов Н. А., Томских О. Г., Васильева А. Н. Комплексные исследования и видовая идентификация вируса вирусной диареи крупного рогатого скота в популяциях высокопродуктивных животных на территории Свердловской области. *Ветеринария сегодня*. 2024; 13 (4): 330–337. <https://doi.org/10.29326/2304-196X-2024-13-4-330-337>

Конфликт интересов: Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Для корреспонденции: Безбородова Наталья Александровна, канд. вет. наук, старший научный сотрудник отдела геномных исследований и селекции животных ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, а/я 269, ул. Белинского, 112а, г. Екатеринбург, 620142, Россия, info@urnivi.ru

BVDV comprehensive studies and species identification in high-yielding livestock populations in the Sverdlovsk Oblast

Natalia A. Bezborodova, Veronika V. Kozhukhovskaya, Elena V. Pechura, Nikolay A. Martynov, Oksana G. Tomskikh, Anna N. Vasilyeva

Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 112a Belinsky str., Ekaterinburg 620142, Russia

ABSTRACT

The paper presents results of comprehensive studies of the bovine viral diarrhea virus circulating in cattle populations in the Sverdlovsk Oblast. In 2018–2024, 113 biological samples were tested using polymerase chain reaction, the viral RNA specific regions were detected in 15.9% of cases. The BVDV RNA was isolated from biological samples collected from aborted cows (61.1%) and calves under one month of age (38.9%). Based on typing results, the virus isolates detected in four samples (nasopharyngeal swabs of calves, suspension prepared from aborted fetus organs and placenta) were classified as BVDV-1 virulent genotypes. The BVDV

RNA, *Mycoplasma bovis* and *Chlamydomphila pecorum* DNAs were detected simultaneously in 44% of vaginal swab samples from aborted cows and, in single cases, in the placenta and parenchymatous organs of dead calves; BVDV RNA and *Bovine herpesvirus* type 1 DNA were detected in 16% of pathological samples from dead calves. In some cases, the BVDV RNA, *Chlamydomphila pecorum* and *Mycoplasma bovis* DNA were detected in nasopharyngeal swabs of calves. The "Comprehensive Programme for Biosecurity and Bovine Viral Diarrhea Situation Improvement in Agricultural Organizations" implemented in the Sverdlovsk Oblast in 2018 resulted in decreased number of agricultural establishments affected by bovine viral diarrhea. Acute and persistent infection forms among young animals were recorded 4 and 3.5 times less frequently, respectively, but at the same time, a 2.5-fold increase in the diagnosed latent form of the disease was observed in adult livestock, which is associated with an increase in the number of laboratory tests performed.

Keywords: bovine viral diarrhea, BVDV, genotyping, viral and bacterial infections, mixed infections, health improvement measures

Acknowledgements: The study was carried out within the framework of Federal Programme No. 0532-2021-0007 "Study of the structure of the antigen pattern of livestock emergent infectious pathogens, and biological features of the mechanisms of their interaction with the macroorganism".

For citation: Bezborodova N. A., Kozhukhovskaya V. V., Pechura E. V., Martynov N. A., Tomskikh O. G., Vasilyeva A. N. BVDV comprehensive studies and species identification in high-yielding livestock populations in the Sverdlovsk Oblast. *Veterinary Science Today*. 2024; 13 (4): 330–337. <https://doi.org/10.29326/2304-196X-2024-13-4-330-337>

Conflict of interests: The authors declare no conflict of interests.

For correspondence: Natalia A. Bezborodova, Cand. Sci. (Veterinary Medicine), Senior Researcher, Department of Animal Genomics and Selection, Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, PO Box 269, 112a Belinsky str., Ekaterinburg 620142, Russia, info@urnivi.ru

ВВЕДЕНИЕ

Всемирная организация здравоохранения животных (WOAH) относит вирусную диарею крупного рогатого скота (ВД КРС, Bovine viral diarrhea, BVD) к инфекционным заболеваниям класса В. В США, Великобритании и большинстве стран Европы действуют государственные программы эпизоотологического контроля и оздоровления поголовья крупного рогатого скота (КРС) от данной инфекции [1].

Для животноводческой отрасли нашей страны в контексте выполнения приоритетных направлений Стратегии научно-технологического развития Российской Федерации (пункт 21г) задача по созданию высокопродуктивных молочных стад КРС является одной из первостепенных [2]. Однако, как и для зарубежных стран, для Российской Федерации вирусные инфекционные заболевания представляют собой негативный сдерживающий фактор развития животноводческой отрасли [3, 4, 5].

Экономические потери от ВД КРС для товарно-племенных хозяйств складываются из аборт, рождения слабого и нежизнеспособного молодняка, вынужденного убоя телят, снижения молочной продуктивности и сокращения продолжительности жизни сельскохозяйственных животных [6]. В неблагополучных хозяйствах наблюдается высокая летальность от болезни (до 10%). Наличие в стадах бессимптомно протекающей ВД КРС ухудшает ситуацию на сельскохозяйственных предприятиях, приводя к поголовному заражению животных, снижению продуктивности и воспроизводства, повышению затрат на лечебные мероприятия [6, 7].

Снижение экономического ущерба, по мнению как российских, так и зарубежных ученых, возможно при регулярном оздоровлении сельскохозяйственных животных от вирусных инфекций [8, 9, 10]. Процесс оздоровления поголовья от ВД КРС очень долгий и не всегда заканчивается успехом, что напрямую связано с патогенетическими особенностями возбудителя [8].

Вирус ВД КРС (BVDV) делят на виды: BVDV-1, BVDV-2, НоВи-подобный (атипичный) пестивирус жвачных животных. Виды подразделяются на подгенотипы на основе филогенетического анализа [11, 12]. BVDV можно разделить на цитопатические (CP) и нецитопатические (NCP) биотипы [13, 14]. Цитопатический биотип BVDV может приводить к разным цитопатическим эффектам (CPE) в клеточных системах организма: цитоплазматической вакуолизации и разрушению клеток, что не наблюдается при NCP-биотипах вируса [15]. Поскольку иммунная система плода незрелая, BVDV NCP-типа (BVDV-1, BVDV-2) ингибирует способность организма животных индуцировать продукцию интерферона I типа. Таким образом, BVDV-1 или BVDV-2 NCP-типа у коров на ранних сроках беременности могут вызывать аборты или мертворождение [13, 14, 15, 16].

Пестивирус 1-го типа (BVDV-1) считается более распространенным по всему миру среди КРС, возбудитель 2-го типа (BVDV-2) чаще регистрируют в США и Канаде, реже – в Японии, Индии, Южной Америке, в единичных случаях – в европейских странах [17]. Появление новых штаммов, а также штаммов BVDV с большей вирулентностью, например вызывающих геморрагическую болезнь у животных (Северная Америка, генотип 2), подчеркивает необходимость проведения диагностических исследований, связанных с генотипированием вируса [18]. Доза и вирулентность штаммов возбудителя, возраст и иммунокомпетентность животного – все это влияет на уровень патогенности [19].

Фекалии и выделения животных содержат большое количество вирусных частиц, поэтому они являются одним из важных источников заражения [13]. Кишечная форма ВД КРС проявляется у животных высокой температурой, анорексией, диареей, сильным обезвоживанием, при этом в фекалиях животных наблюдается примесь крови. Заболевание, как правило, носит спорадический характер, инкубационный период составляет одну – две недели, смертность больных животных чрезвычайно высока [14]. Клиническими

особенностями у коров с заболеванием слизистых оболочек являются геморрагические, некротические и язвенные поражения. Кроме того, ВД КРС может проявляться потерей кишечных крипт, эрозиями, язвами и крупномасштабным некрозом слизистой частично или во всем желудочно-кишечном тракте [16]. Животные, обладающие иммунотолерантностью к BVDV, переболевая, выделяют вирус всю жизнь, становясь источником инфекции в популяции животных, что затрудняет искоренение болезни [20, 21].

Кроме того, BVDV-1 обнаруживают в сперме, что представляет серьезную угрозу вертикальной передачи и свидетельствует о необходимости постоянного исследования быков-производителей на вирусоносительство [22, 23, 24].

Поскольку клинические проявления заболевания ВД КРС схожи с другими болезнями, такими как микоплазмоз, хламидиоз, паратуберкулез, парагрипп-3, инфекционный ринотрахеит КРС, то лабораторные исследования в диагностике имеют решающее значение [1].

В последнее время большое количество выявляемых случаев респираторно-кишечных заболеваний у КРС, содержащегося на территории Свердловской области, протекают в виде смешанных инфекций, когда патогенами являются и вирусы, и бактерии, и грибы [1]. В связи с чем отмечается выраженное тяжелое течение заболевания с клинической картиной, не характерной для моноинфекций, и чаще всего преобладает бактериальная инфекция, что усложняет процесс диагностики. В развитии вышеуказанных форм патологии у КРС доминирующими возбудителями признаны герпесвирус 1-го типа (BHV-1), BVDV, а также хламидии (*Chlamydia abortus*, *Chlamydia pecorum*), патогенные виды микоплазм (*Mycoplasma bovis*, *Mycoplasma bovis genitalium*, *Mycoplasma spp.*), различные бактерии и их ассоциации [5, 25, 26].

Цель работы – провести комплексное исследование циркулирующего вируса диареи крупного рогатого скота и сопутствующих патогенов, видовую идентификацию BVDV в популяциях КРС на территории Свердловской области.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Работа проведена в отделе мониторинга и прогнозирования инфекционных болезней и в лаборатории микробиологических и молекулярно-генетических методов исследований Уральского научно-исследовательского ветеринарного института – структурного подразделения ФГБНУ «Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Ураль-

ского отделения Российской академии наук» в рамках Государственного задания № 0532-2021-0007 «Изучение структуры антигенного пейзажа возбудителей эмерджентных инфекций сельскохозяйственных животных, биологических особенностей механизмов их взаимодействия с макроорганизмом».

Комплексные лабораторные исследования проводили в 21 животноводческой организации Свердловской области, оздоравливаемой от ВД КРС в период с 2018 по 2024 г.

Материалом для исследования служил биологический материал, отобранный от КРС голштинской породы: кровь и сыворотка крови; соскобы из цервикального канала и смывы с влагалища коров; смывы из носоглотки телят; сперма быков-производителей; образцы плаценты; кусочки внутренних органов от павших телят (печень, почки, легкие) и аборттированных плодов ($n = 113$).

Полимеразную цепную реакцию (ПЦР) в реальном времени проводили в соответствии с инструкциями производителя по применению тест-систем. Использовали тест-наборы для выявления РНК BVDV (ООО «Лаборатория Изоген», Россия), ДНК *Mycoplasma spp.*, *Mycoplasma bovis* и *Mycoplasma bovis genitalium* (Россия), ДНК BHV1 GenPak DNA PCR Test BHV1, ДНК *Chlamydia abortus*, *Chlamydia pecorum* (ООО «ВекторБест», Россия). Амплификацию проводили на приборе QuantStudio 5 (Thermo Fisher Scientific Inc., США).

Дополнительно было отобрано 16 проб биологического материала, положительного на наличие РНК BVDV, которые поместили на хранение в ультранизкотемпературный морозильник (-70°C) для дальнейшей типизации вируса методом ПЦР. Виды проб: объединенные пробы смывов из носоглотки телят (возраст 20 сут), сыворотки крови, аборттированные плоды, плацента.

Для генотипирования BVDV проводили: выделение РНК из проб набором «АмплиПрайм® РИБО-Преп ВЕТ» (ООО «НекстБио», Россия), ПЦР с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР), амплификацию в реальном времени, электрофорезный анализ. В работе использовались синтетические олигонуклеотиды, ранее разработанные С. Letellier and P. Kerkhofs [18] (табл. 1).

Данные пары праймеров специфичны для высококонсервативных областей 5' UTR. Последовательности зондов, маркированных красителями FAM и ROX с различием в три нуклеотида, позволили проводить дифференциацию между генотипами 1 и 2 BVDV.

Наработку кДНК производили с использованием коммерческого «Набора реактивов для обратной транскрипции с MMLV-RH» (ООО «Диаэм», Россия) по представленной программе амплификации в соответствии с инструкцией по применению.

После проведения ОТ-ПЦР и получения кДНК проводили постановку ПЦР в реальном времени с использованием реагентов мастер-микс «БиоМастер HS-Taq ПЦР (2x)» (ООО «Диаэм», Россия); 100 mM Трис-НСl, pH 8,5 (при 25°C), 100 mM KCl, 0,4 mM каждого дезокси-нуклеозидтрифосфата, 4 mM MgCl_2 , 0,06 ед. акт/мкл Taq ДНК-полимеразы, 0,2% Tween 20, стабилизаторы HS-Taq ДНК-полимеразы. Для оптимизации подбирались разные концентрации веществ для отработки праймеров. Амплификацию проводили на приборе CFX96 Touch (Bio-Rad Laboratories, Inc., США), параметры указаны в таблице 2.

Таблица 1
Нуклеотидные последовательности праймеров

Table 1
Primer nucleotide sequences

Наименование	Последовательность 5'-3'	Длина продукта
BVDV_F	CTCGAGATGCCATGTGGAC	172 п. н.
BVDV_PESTERS	CTCCATGTGCCATGTACAGA	
BVDV_I	FAM-CAGCCTGATAGGGTGCTGCAGAGGC-BHQ1	
BVDV_II	ROX-CACAGCCTGATAGGGGTAGCAGAGACCTG-BHQ2	

В качестве контролей использовали РНК, выделенную из лекарственного препарата ветеринарного назначения Бови-шилд Голд FP5 L5 (Zoetis Inc., США), содержащего аттенуированные вирусы: инфекционного ринотрахеита КРС (*Bovine herpesvirus*, тип 1), диареи (BVDV, типы 1 и 2), парагриппа-3 (PIV-3), респираторно-синцитиальной инфекции (BRSV).

Детекция полученного ПЦП-продукта проводилась методом гель-электрофореза с применением агарозного геля и мини-камеры Mini-Sub Cell GT с визуализацией в камере ChemiDoc XRS+ и интерпретацией результатов с помощью Gel Doc XR+ (Bio-Rad Laboratories, Inc., США). Использовали размерный стандарт с шагом 100 п. н. (ООО «СибЭнзайм», Россия).

Полученные данные обрабатывали с помощью программы Microsoft Excel, входящей в пакет программ Microsoft OfficePro 19.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

В 2018 г. на территории Свердловской области началось внедрение «Комплексной программы биологической защиты и оздоровления сельскохозяйственных организаций от вирусной диареи крупного рогатого скота». Ранее опубликованные О. В. Соколовой [15] результаты исследования по изучению динамики распространения ВД КРС на предприятиях Свердловской области дополнены новыми данными и представлены на рисунке 1.

В течение периода реализации программы оздоровительных мероприятий наблюдалась тенденция

Таблица 2
Программа амплификации

Table 2
Amplification programme

Температура	Время	Количество циклов
95 °C	5 мин	1
94 °C	20 сек	40 (FAM/ROX)
56 °C	20 сек	
72 °C	20 сек	

снижения количества животноводческих хозяйств, неблагополучных по ВД КРС. У молодняка острая и персистентная форма инфекции регистрировалась в 4 и 3,5 раза реже соответственно. Следует отметить увеличение в 2,5 раза диагностируемой латентной формы течения болезни у взрослого поголовья, что связано с повышением уровня лабораторной диагностики, применяемой на сельскохозяйственных предприятиях. В то же время имело место нарушение регламентов специфической профилактики. Так, при анализе выполнения этапов программы оздоровительных мероприятий в хозяйствах в 47,7% случаев выявлены несоответствия, связанные с человеческим фактором (рис. 2).

На предприятиях с установленным нарушением графиков вакцинации и выборочной вакцинацией

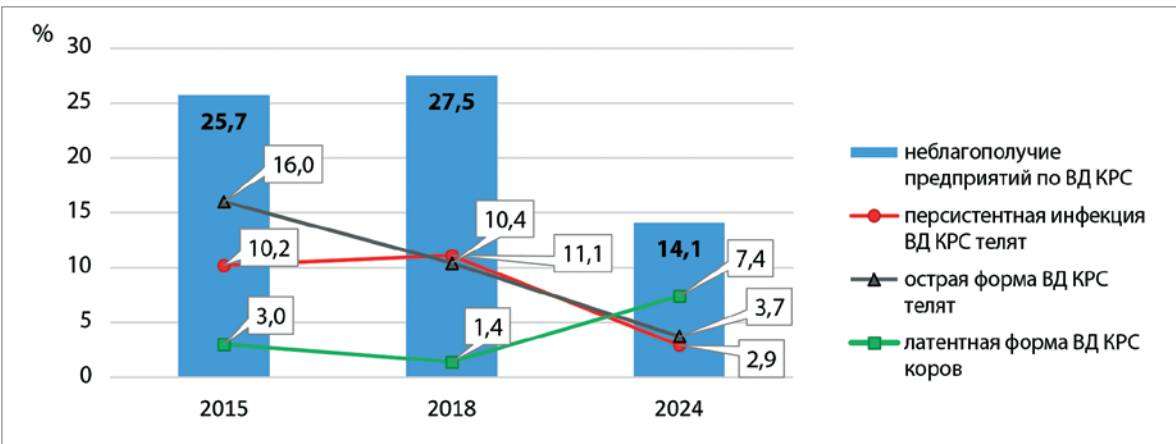


Рис. 1. Динамика распространения ВД КРС на предприятиях Свердловской области (2015–2024 гг.)

Fig. 1. BVD transmission dynamics in establishments in the Sverdlovsk Oblast (2015–2024)



Рис. 2. Оценка выполнения программы оздоровительных мероприятий

Fig. 2. Assessment of Animal Health Improvement Programme implementation

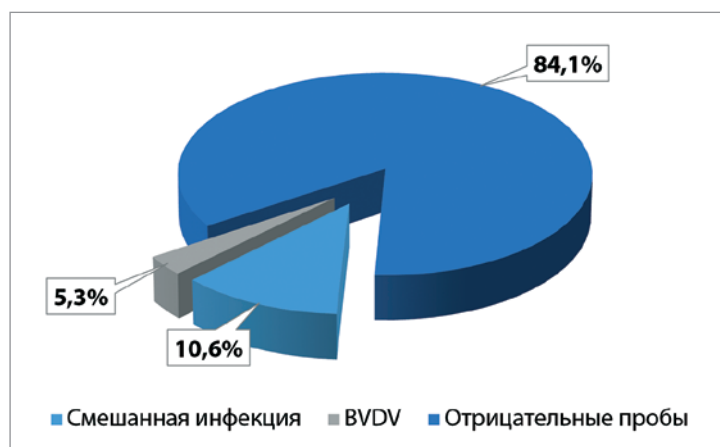


Рис. 3. Результаты ПЦР-исследований биологических проб на наличие РНК BVDV и возбудителей сопутствующих смешанных инфекций (2018–2024 гг.), $n = 113$

Fig. 3. PCR results for biological samples tested for presence of BVDV RNA and agents of mixed co-infections (2018–2024), $n = 113$

физиологических групп латентная форма течения ВД КРС у взрослого поголовья регистрируется в 67% случаев от числа обследованных проб.

При исследовании в 2018–2024 гг. поступивших из 21 сельскохозяйственной организации 113 проб биологического материала от КРС с заболеваниями репродуктивной системы, респираторного и желудочно-кишечного тракта неясной этиологии специфические участки РНК BVDV определялись в 15,9% случаев: смешанная инфекция – 10,6%, BVDV – 5,3% (рис. 3).

Геном возбудителя ВД КРС был выявлен в 61,1% проб биологического материала от коров, абортировавших на разных сроках беременности, а также в 38,9% проб, полученных от телят.

В поступившем на ПЦР-исследование материале от взрослых абортировавших на разных сроках бере-

менности коров генетический материал BVDV чаще обнаруживали в гомогенате органов абортировавших плодов (38,8% случаев), в смывах с влагалища и в плаценте (11,2% случаев). Также геном возбудителя ВД КРС в 27,7% случаев выявляли в смывах с носовых ходов телят, имеющих признаки острых респираторных и желудочно-кишечных заболеваний неясной этиологии, и в 11,1% случаев – в паренхиматозных органах (сuspension из кусочков печени, сердца, селезенки, почки и тонкого отдела кишечника) павших телят.

Дополнительные исследования по типизации BVDV с применением праймерной системы позволили установить наличие вируса 1-го типа в 4 из 16 проб биоматериала (смывы из носоглотки 20-суточных телят, suspension из органов абортировавших плодов и плаценты). Вирус 2-го генотипа в исследуемых пробах выявлен не был. Можно предположить, что выделенный изолят BVDV-1 (смывы из носоглотки телят, абортировавшие плоды и плаценты) является высоковирулентным, поскольку летальность молодняка составляла до 20%, а количество/частота абортосов у молочного скота – до 5%.

Результаты типирования BVDV методом ОТ-ПЦР представлены на рисунке 4.

В 10,6% проб, помимо BVDV, были обнаружены и другие инфекционные агенты. В 44,0% проб влагалищных смывов от абортировавших коров и единично в плаценте и паренхиматозных органах от павших телят одновременно выявляли РНК BVDV, ДНК *Mycoplasma bovis* и *Chlamydia pecorum*. В 16,0% проб патматериала от павших телят также было обнаружено несколько патогенов: BVDV + *Bovine herpesvirus* 1-го типа. В единичных случаях в смывах из носоглотки телят выявляли РНК BVDV, ДНК *Chlamydia pecorum* и *Mycoplasma bovigenitalium*.

Таким образом, реализация всех мероприятий, включающих мониторинговые исследования, диагностику «индикаторных» групп, создание «закрытых

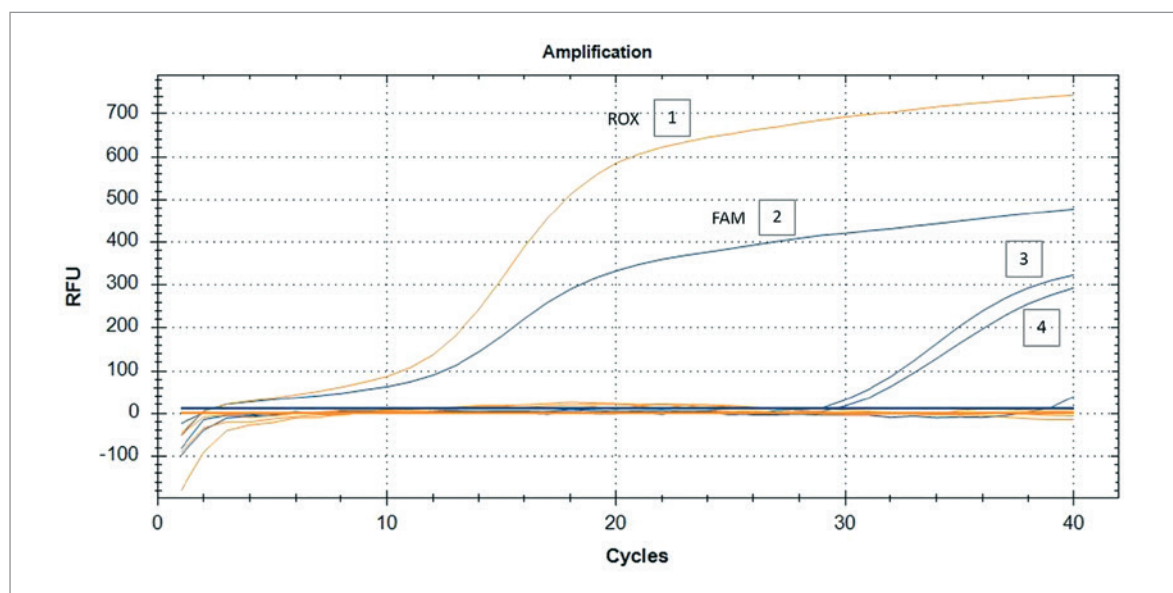


Рис. 4. Результаты типирования BVDV, выявленного в объединенных пробах смывов из носоглотки телят, методом ОТ-ПЦР, $n = 6$. Кривые флуоресценции: 1, 2 – контроль плюс (канал FAM – BVDV-1; канал ROX – BVDV-2); 3, 4 – положительные пробы (канал FAM – BVDV-1)

Fig. 4. Typing of BVDV detected in pooled samples of nasopharyngeal swabs from calves using RT-PCR, $n = 6$. Fluorescence curves: 1, 2 – control plus (FAM channel – BVDV-1; ROX channel – BVDV-2); 3, 4 – positive samples (FAM channel – BVDV-1)

стад», вакцинопрофилактику и биологическую защиту животных, выявление скрытых носителей возбудителя инфекции и своевременные лечебные мероприятия, является результативной мерой, а дальнейший мониторинг ее качества, устранения отклонений обеспечит оздоровление от ВД КРС в условиях промышленных предприятий.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В результате проведенных с 2018 по 2024 г. ПЦР-исследований 113 проб биологического материала, полученного от коров и телят, было обнаружено наличие РНК возбудителя ВД КРС в 15,9% случаев. Геном BVDV выявлен в пробах от абортировавших на разных сроках беременности коров в 61,1% случаев, а также от телят в 38,9% случаев. При проведении типизации вируса установлена его принадлежность к 1-му типу (в 4 пробах: смывы из носоглотки телят, суспензия из органов абортированных плодов и плаценты). Помимо BVDV, в 10,6% проб были обнаружены другие инфекционные агенты, указывающие на наличие смешанной инфекции. Были выявлены сочетания BVDV с такими патогенами, как *Mycoplasma bovis*, *Mycoplasma bovigenitalium*, *Chlamydophila pecorum*, *Bovine herpesvirus* (тип 1).

Проведенные мониторинговые диагностические исследования указывают на наличие положительной динамики по снижению случаев выявления ВД КРС на предприятиях Свердловской области, что говорит об успешности внедрения «Комплексной программы биологической защиты и оздоровления сельскохозяйственных организаций от вирусной диареи крупного рогатого скота». В настоящее время наблюдается уменьшение количества неблагополучных по ВД КРС хозяйств в 2 раза, при этом доля выявленных случаев латентной формы инфекции у взрослого поголовья увеличилась в 2,5 раза, что связано с расширением панели диагностических тестов, регулярным мониторингом стад, а также с нарушением регламента вакцинации животных при реализации указанной программы.

Дальнейший мониторинг качества ее выполнения, в том числе клинко-лабораторные исследования, направленные на выявление циркуляции BVDV и устранение отклонений в регламентах специфической профилактики, обеспечит оздоровление стад в условиях промышленных предприятий.

Также будет продолжена работа с типизацией BVDV, которая включит в себя количественную оценку геномов вируса, секвенирование для последующего генетического анализа BVDV (субтипирование, вирулентность изолятов), циркулирующего в стадах животных Свердловской области.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Безбородова Н. А., Кожуховская В. В., Порываева А. П., Шилова Е. Н., Печура Е. В. Значение полимеразной цепной реакции в выявлении инфекционных агентов у крупного рогатого скота. *Вестник КрасГАУ*. 2022; (12): 127–133. <https://elibrary.ru/krzily>
- О стратегии научно-технологического развития Российской Федерации: указ Президента Российской Федерации от 28.02.2024 № 145. <https://www.garant.ru/products/ipo/prime/doc/408518353/?ysclid=m1z-1siqrn7980575754>
- Chi S., Chen S., Jia W., He Y., Ren L., Wang X. Non-structural proteins of bovine viral diarrhoea virus. *Virus Genes*. 2022; 58 (6): 491–500. <https://doi.org/10.1007/s11262-022-01914-8>
- Котенева С. В., Нефедченко А. В., Глотова Т. И., Судорогина Т. Е., Семенова О. В., Глов А. Г. Выявление вируса диареи крупного рогатого

- скота субтипа 1f (BVD-1f) при вспышке респираторного заболевания у телят. *Ветеринария*. 2023; (8): 15–21. <https://elibrary.ru/ohaybu>
- Семенова О. В., Котенева С. В., Нефедченко А. В., Судорогина Т. Е., Глотова Т. И., Глов А. Г. Вспышка болезни слизистых оболочек у крупного рогатого скота, вызванная *Pestivirus H. Сибирский вестник сельскохозяйственной науки*. 2023; 53 (4): 71–80. <https://doi.org/10.26898/0370-8799-2023-4-8>
- Кожуховская В. В. Анализ распространения вирусной диареи крупного рогатого скота на территории Уральского региона. *Научные достижения генетики и биотехнологии в ветеринарной медицине и животноводстве: сборник материалов научно-практической конференции с международным участием (Екатеринбург, 27–28 мая 2021 г.)*. Екатеринбург: ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН; 2021; 53–58. <https://elibrary.ru/bxbqyb>
- Порываева А. П., Печура Е. В., Петрова О. Г., Безбородова Н. А., Лысова Я. Ю., Белоусова Д. А. Эффективность научно-обоснованных программ мониторинга и лечебно-профилактических мероприятий при управляемых инфекционных болезнях животных. *Международный вестник ветеринарии*. 2023; (4): 96–110. <https://doi.org/10.52419/issn2072-2419.2023.4.96>
- Глов А. Г., Глотова Т. И., Нефедченко А. В., Гребеникова Т. В., Алипер Т. И. Применение ПЦР для диагностики вирусной диареи – болезни слизистых оболочек крупного рогатого скота. *Ветеринария*. 2007; (12): 27–29. <https://elibrary.ru/iirtuh>
- Su A., Fu Y., Meens J., Yang W., Meng F., Herrler G., Becher P. Infection of polarized bovine respiratory epithelial cells by bovine viral diarrhoea virus (BVDV). *Virulence*. 2021; 12 (1): 177–187. <https://doi.org/10.1080/21505594.2020.1854539>
- Oguejiofor C. F., Thomas C., Cheng Z., Wathes D. C. Mechanisms linking bovine viral diarrhoea virus (BVDV) infection with infertility in cattle. *Animal Health Research Reviews*. 2019; 20 (1): 72–85. <https://doi.org/10.1017/S1466252319000057>
- Bielefeldt-Ohmann H. Special issue: Bovine viral diarrhoea virus and related pestiviruses. *Viruses*. 2020; 12 (10):1181. <https://doi.org/10.3390/v12101181>
- Goto Y., Yaegashi G., Fukunari K., Suzuki T. An importance of long-term clinical analysis to accurately diagnose bovine persistently and acutely infected by bovine viral diarrhoea virus 2. *Viruses*. 2021; 13 (12):2431. <https://doi.org/10.3390/v13122431>
- Klimowicz-Bodys M. D., Polak M. P., Płoneczka-Janeczko K., Bagnicka E., Zbroja D., Rypula K. Lack of fetal protection against bovine viral diarrhoea virus in a vaccinated heifer. *Viruses*. 2022; 14 (2):311. <https://doi.org/10.3390/v14020311>
- Li Y., Liu T., Chen G., Wang L., Guo A., Li Z., et al. Th17 cell differentiation induced by cytopathogenic biotype BVDV-2 in bovine PBLCs. *BMC Genomics*. 2021; 22:884. <https://doi.org/10.1186/s12864-021-08194-w>
- Соколова О. В. Морфофункциональные изменения в системе «мать-плацента-плод» у коров при вирусной, бактериальной и протозойной инфекциях: дис. ... д-ра вет. наук. Екатеринбург; 2020. 287 с.
- Bianchi M. V., Silveira S., Mósena A. C. S., de Souza S. O., Konradt G., Canal C. W., et al. Pathological and virological features of skin lesions caused by BVDV in cattle. *Brazilian Journal of Microbiology*. 2019; 50 (1): 271–277. <https://doi.org/10.1007/s42770-018-0019-0>
- Wang W., Shi X., Tong Q., Wu Y., Xia M. Q., Ji Y., et al. A bovine viral diarrhoea virus type 1a strain in China: isolation, identification, and experimental infection in calves. *Virology Journal*. 2014; 11:8. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-11-8>
- Letellier C., Kerkhofs P. Real-time PCR for simultaneous detection and genotyping of bovine viral diarrhoea virus. *Journal of Virological Methods*. 2003; 114 (1): 21–27. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2003.08.004>
- Нефедченко А. В., Глов А. Г., Глотова Т. И., Кунгурцева О. В. Выявление животных, персистентно инфицированных вирусом ВД-БС крупного рогатого скота, методом ПЦР. *Ветеринария*. 2011; (12): 21–25. <https://elibrary.ru/oooulv>
- Quintana M. E., Barone L. J., Trotta M. V., Turco C., Mansilla F. C., Capozzo A. V., Cardoso N. P. In-vivo activity of IFN-λ and IFN-α against bovine-viral-diarrhoea virus in a mouse model. *Frontiers in Veterinary Science*. 2020; 7:45. <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.00045>
- Read A. J., Gestier S., Parrish K., Finlaison D. S., Gu X., O'Connor T. W., Kirkland P. D. Prolonged detection of bovine viral diarrhoea virus infection in the semen of bulls. *Viruses*. 2020; 12 (6):674. <https://doi.org/10.3390/v12060674>
- Liu C., Liu Y., Liang L., Cui S., Zhang Y. RNA-Seq based transcriptome analysis during bovine viral diarrhoea virus (BVDV) infection. *BMC Genomics*. 2019; 20 (1):774. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-6120-4>
- Newcomer B. W. 75 years of bovine viral diarrhoea virus: Current status and future applications of the use of directed antivirals. *Antiviral Research*. 2021; 196:105205. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2021.105205>

24. Yao R., Xu Y., Wang L., Wang D., Ren L., Ren C., et al. CRISPR-Cas13a-based detection for bovine viral diarrhoea virus. *Frontiers in Veterinary Science*. 2021; 8:603919. <https://doi.org/10.3389/fvets.2021.603919>
25. Jokar M., Rahmadian V., Farhoodi M., Abdous A., Shams F., Karami N. Seroprevalence of bovine viral diarrhoea virus (BVDV) infection in cattle population in Iran: a systematic review and meta-analysis. *Tropical Animal Health and Production*. 2021; 53 (5):449. <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02918-6>
26. Котенева С. В., Глотова Т. И., Неведченко А. В., Глотов А. Г. Вспышка коронавирусной инфекции с респираторным синдромом у телят на молочном комплексе. *Ветеринария*. 2023; (1): 16–22. <https://doi.org/10.30896/0042-4846.2023.26.1.16-23>

REFERENCES

1. Bezborodova N. A., Kozhukhovskaya V. V., Poryvaeva A. P., Shilova E. N., Pechura E. V. The importance of PCR in the infectious agents detection in cattle. *Bulletin of KSAU*. 2022; (12): 127–133. <https://elibrary.ru/krzily> (in Russ.)
2. About the strategy of scientific and technological development of the Russian Federation: Decree of the President of the Russian Federation No. 145 of 28 February 2024. <https://www.garant.ru/products/ipo/prime/doc/408518353/?ysclid=m1z1siqrm7980575754> (in Russ.)
3. Chi S., Chen S., Jia W., He Y., Ren L., Wang X. Non-structural proteins of bovine viral diarrhoea virus. *Virus Genes*. 2022; 58 (6): 491–500. <https://doi.org/10.1007/s11262-022-01914-8>
4. Koteneva S. V., Nefedchenko A. V., Glotova T. I., Sudorgina T. E., Semenova O. V., Glotov A. G. Detection of BVDV-1f in a respiratory disease outbreak in calves. *Veterinariya*. 2023; (8): 15–21. <https://elibrary.ru/ohayby> (in Russ.)
5. Semenova O. V., Koteneva S. V., Nefedchenko A. V., Sudorgina T. E., Glotova T. I., Glotov A. G. An outbreak of mucosal disease in cattle caused by Pestivirus H. *Siberian Herald of Agricultural Science*. 2023; 53 (4): 71–80. <https://doi.org/10.26898/0370-8799-2023-4-8>
6. Kozhukhovskaya V. V. Analysis of the spread of viral diarrhoea in cattle in the Ural Region. *Nauchnye dostizheniya genetiki i biotekhnologii v veterinarnoi meditsine i zhivotnovodstve: sbornik materialov nauchno-prakticheskoi konferentsii s mezhdunarodnym uchastiem (Ekaterinburg, 27–28 maya 2021 g.) = Scientific achievements of genetics and biotechnology in veterinary medicine and animal husbandry: collection of proceedings from a scientific and practical conference with international participation (Ekaterinburg, May 27–28, 2021)*. Ekaterinburg: Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences; 2021; 53–58. <https://elibrary.ru/bxbqyb> (in Russ.)
7. Poryvaeva A. P., Pechura E. V., Petrova O. G., Bezborodova N. A., Lysova Ya. Yu., Belousova D. A. The effectiveness of scientifically based monitoring programs and therapeutic and preventive measures for controlled infectious diseases of animals. *International Bulletin of Veterinary Medicine*. 2023; (4): 96–110. <https://doi.org/10.52419/issn2072-2419.2023.4.96> (in Russ.)
8. Glotov A. G., Glotova T. I., Nefedchenko A. V., Grebennikova T. V., Ali-per T. I. The use of PCR for the diagnosis of viral diarrhoea – disease of shell mucous in cattle. *Veterinariya*. 2007; (12): 27–29. <https://elibrary.ru/iirtuh> (in Russ.)
9. Su A., Fu Y., Meens J., Yang W., Meng F., Herrler G., Becher P. Infection of polarized bovine respiratory epithelial cells by bovine viral diarrhoea virus (BVDV). *Virulence*. 2021; 12 (1): 177–187. <https://doi.org/10.1080/21505594.2020.1854539>
10. Oguejiofor C. F., Thomas C., Cheng Z., Wathes D. C. Mechanisms linking bovine viral diarrhoea virus (BVDV) infection with infertility in cattle. *Animal Health Research Reviews*. 2019; 20 (1): 72–85. <https://doi.org/10.1017/S1466252319000057>
11. Bielefeldt-Ohmann H. Special issue: Bovine viral diarrhoea virus and related pestiviruses. *Viruses*. 2020; 12 (10):1181. <https://doi.org/10.3390/v12101181>
12. Goto Y., Yaegashi G., Fukunari K., Suzuki T. An importance of long-term clinical analysis to accurately diagnose calves persistently and acutely infected by bovine viral diarrhoea virus 2. *Viruses*. 2021; 13 (12):2431. <https://doi.org/10.3390/v13122431>
13. Klimowicz-Bodys M. D., Polak M. P., Płoneczka-Janeczko K., Bagnicka E., Zbroja D., Rypula K. Lack of fetal protection against bovine viral diarrhoea virus in a vaccinated heifer. *Viruses*. 2022; 14 (2):311. <https://doi.org/10.3390/v14020311>
14. Li Y., Liu T., Chen G., Wang L., Guo A., Li Z., et al. Th17 cell differentiation induced by cytopathogenic biotype BVDV-2 in bovine PBLs. *BMC Genomics*. 2021; 22:884. <https://doi.org/10.1186/s12864-021-08194-w>
15. Sokolova O. V. Morphofunctional changes in the mother-placenta-fetus system in cows with viral, bacterial and protozoal infections: Author's Thesis for Degree of Dr. Sci. (Veterinary Medicine). Ekaterinburg; 2020. 287 p. (in Russ.)
16. Bianchi M. V., Silveira S., Mósena A. C. S., de Souza S. O., Konradt G., Canal C. W., et al. Pathological and virological features of skin lesions caused by BVDV in cattle. *Brazilian Journal of Microbiology*. 2019; 50 (1): 271–277. <https://doi.org/10.1007/s42770-018-0019-0>
17. Wang W., Shi X., Tong Q., Wu Y., Xia M. Q., Ji Y., et al. A bovine viral diarrhoea virus type 1a strain in China: isolation, identification, and experimental infection in calves. *Virology Journal*. 2014; 11:8. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-11-8>
18. Letellier C., Kerkhofs P. Real-time PCR for simultaneous detection and genotyping of bovine viral diarrhoea virus. *Journal of Virological Methods*. 2003; 114 (1): 21–27. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2003.08.004>
19. Nefedchenko A. V., Glotov A. G., Glotova T. I., Kungurtseva O. V. Detection of cattle persistently infected by bovine viral diarrhoea virus with PCR. *Veterinariya*. 2011; (12): 21–25. <https://elibrary.ru/oooulv> (in Russ.)
20. Quintana M. E., Barone L. J., Trotta M. V., Turco C., Mansilla F. C., Capozzo A. V., Cardoso N. P. In-vivo activity of IFN-λ and IFN-α against bovine-viral-diarrhoea virus in a mouse model. *Frontiers in Veterinary Science*. 2020; 7:45. <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.00045>
21. Read A. J., Gestier S., Parrish K., Finlaison D. S., Gu X., O'Connor T. W., Kirkland P. D. Prolonged detection of bovine viral diarrhoea virus infection in the semen of bulls. *Viruses*. 2020; 12 (6):674. <https://doi.org/10.3390/v12060674>
22. Liu C., Liu Y., Liang L., Cui S., Zhang Y. RNA-Seq based transcriptome analysis during bovine viral diarrhoea virus (BVDV) infection. *BMC Genomics*. 2019; 20 (1):774. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-6120-4>
23. Newcomer B. W. 75 years of bovine viral diarrhoea virus: Current status and future applications of the use of directed antivirals. *Antiviral Research*. 2021; 196:105205. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2021.105205>
24. Yao R., Xu Y., Wang L., Wang D., Ren L., Ren C., et al. CRISPR-Cas13a-based detection for bovine viral diarrhoea virus. *Frontiers in Veterinary Science*. 2021; 8:603919. <https://doi.org/10.3389/fvets.2021.603919>
25. Jokar M., Rahmadian V., Farhoodi M., Abdous A., Shams F., Karami N. Seroprevalence of bovine viral diarrhoea virus (BVDV) infection in cattle population in Iran: a systematic review and meta-analysis. *Tropical Animal Health and Production*. 2021; 53 (5):449. <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02918-6>
26. Koteneva S. V., Glotova T. I., Nefedchenko A. V., Glotov A. G. An outbreak coronavirus infection with respiratory syndrome in calves at the big dairy farm. *Veterinariya*. 2023; (1): 16–22. <https://doi.org/10.30896/0042-4846.2023.26.1.16-23> (in Russ.)

Поступила в редакцию / Received 29.08.2024

Поступила после рецензирования / Revised 30.09.2024

Принята к публикации / Accepted 22.10.2024

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ / INFORMATION ABOUT THE AUTHORS

Безбородова Наталья Александровна, канд. вет. наук, старший научный сотрудник отдела геномных исследований и селекции животных, ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, г. Екатеринбург, Россия; <https://orcid.org/0000-0003-2793-5001>, n-bezborodova@mail.ru

Кожуховская Вероника Валентиновна, младший научный сотрудник отдела ветеринарно-лабораторной диагностики с испытательной лабораторией ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, г. Екатеринбург, Россия; <https://orcid.org/0000-0001-7924-6844>, tetramegon@yandex.ru

Natalia A. Bezborodova, Cand. Sci. (Veterinary Medicine), Senior Researcher, Department of Animal Genomics and Selection, Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; <https://orcid.org/0000-0003-2793-5001>, n-bezborodova@mail.ru

Veronika V. Kozhukhovskaya, Junior Researcher, Department of Veterinary Laboratory Diagnostics with a Testing Laboratory, Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; <https://orcid.org/0000-0001-7924-6844>, tetramegon@yandex.ru

Печура Елена Владимировна, д-р вет. наук, ведущий научный сотрудник отдела мониторинга и прогнозирования инфекционных болезней, ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, г. Екатеринбург, Россия; <https://orcid.org/0000-0003-1344-4834>, ev-pechura@bk.ru

Мартынов Николай Александрович, лаборант отдела геномных исследований и селекции животных, ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, г. Екатеринбург, Россия; <https://orcid.org/0000-0001-9251-0056>, martynov_kolya98@mail.ru

Томских Оксана Григорьевна, канд. вет. наук, старший научный сотрудник отдела мониторинга и прогнозирования инфекционных болезней, ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, г. Екатеринбург, Россия; <https://orcid.org/0000-0003-3306-8346>, tomskiy1982@mail.ru

Васильева Анна Николаевна, младший научный сотрудник отдела ветеринарно-лабораторной диагностики с испытательной лабораторией ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, г. Екатеринбург, Россия; <https://orcid.org/0009-0002-0723-0434>, info@urnivi.ru

Elena V. Pechura, Dr. Sci. (Veterinary Medicine), Leading Researcher, Department of Monitoring and Forecasting of Infectious Animal Diseases, Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; <https://orcid.org/0000-0003-1344-4834>, ev-pechura@bk.ru

Nikolay A. Martynov, Laboratory Assistant, Department of Animal Genomics and Selection, Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; <https://orcid.org/0000-0001-9251-0056>, martynov_kolya98@mail.ru

Oksana G. Tomskikh, Cand. Sci. (Veterinary Medicine), Senior Researcher, Department of Monitoring and Forecasting of Infectious Animal Diseases, Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; <https://orcid.org/0000-0003-3306-8346>, tomskiy1982@mail.ru

Anna N. Vasilyeva, Junior Researcher, Department of Veterinary Laboratory Diagnostics with a Testing Laboratory, Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; <https://orcid.org/0009-0002-0723-0434>, info@urnivi.ru

Вклад авторов: Безбородова Н. А. – формирование идеи, развитие ключевых целей и задач, анализ и интерпретация полученных данных, принятие ответственности за все аспекты работы, целостность всех частей статьи и за ее окончательный вариант; Кожуховская В. В. – проведение исследований, анализ и интерпретация полученных данных; Печура Е. В. – разработка или дизайн методологии, создание моделей; Мартынов Н. А. – проведение экспериментов, сбор данных, анализ и интерпретация полученных данных, участие в научном дизайне; Томских О. Г. – предоставление материалов, лабораторных образцов, проведение исследований; Васильева А. Н. – сбор данных, анализ и интерпретация полученных данных.

Contribution: Bezborodova N. A. – conceptualization, formulation of key goals and objectives, data analysis and interpretation, taking responsibility for the article's aspects, integrity and final version; Kozhukhovskaya V. V. – conducting a research, data analysis and interpretation; Pechura E. V. – development or design of methodology, creation of models; Martynov N. A. – performing the experiments, data collection, evidence analysis and interpretation, participation in research design; Tomskikh O. G. – provision of study materials, laboratory samples, conducting tests; Vasilyeva A. N. – data collection, evidence analysis and interpretation.