

DOI: 10.25205/978-5-4437-1843-9-192

**МОЛЕКУЛЯРНАЯ ЭПИДЕМИОЛОГИЯ ВИРУСА ЛЕЙКОЗА
КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА В РЕСПУБЛИКЕ ДАГЕСТАН*****MOLECULAR EPIDEMIOLOGY OF BOVINE LEUKEMIA VIRUS IN THE REPUBLIC OF DAGESTAN**

Д. А. Бабошко¹, А. В. Тотменин¹, М. Г. Даудова², К. А. Елфимов¹, П. Ю. Ачигечева¹, Д. К. Дандамаев²,
И. П. Осипова¹, Х. Г. Койчуев², Х. Ф.-К. Гапизова², Л. Г. Готфрид¹, З. Р. Шахбанова², Н. М. Гашникова¹

¹Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора, р. п. Кольцово

²Дагестанский государственный университет, Махачкала

D.A. Baboshko¹, A.V. Totmenin¹, M.G. Daudova², K.A. Elfimov¹, P.Y. Achigecheva¹, D.K. Dandamaev²,
I.P. Osipova¹, K.G. Koychuev², K.F.-K. Gapizova², L.G. Gotfrid¹, Z.R. Shakhbanova², N.M. Gashnikova¹

¹State Research Center of Virology and Biotechnology "Vector", Koltsovo

²Dagestan State University, Makhachkala

✉ d.baboshko@g.nsu.ru

Аннотация

Молекулярно-филогенетическое исследование ВЛКРС в Республике Дагестан включало ПЦР-диагностику 362 проб и анализ гена *env*. Общая пораженность составила 28,7 %. Выявлено преобладание генотипа G4 (≈ 80 %) над G7 (≈ 19 %). Последовательности G7 ВЛКРС образовали кластеры, указывающие на локальную передачу, последовательности G4 отличились большей генетической гетерогенностью и кластеризацией с последовательностями из Казахстана и Ростова-на-Дону.

Abstract

The molecular phylogenetic study of BLV (Bovine Leukemia Virus) in the Republic of Dagestan included PCR diagnostics of 362 samples and analysis of the *env* gene. The overall prevalence was 28.7 %. A predominance of genotype G4 (≈ 80 %) over G7 (≈ 19 %) was detected. The G7 BLV sequences formed clusters indicating local transmission, while the G4 sequences showed greater genetic heterogeneity and clustering with sequences from Kazakhstan and Rostov-on-Don.

Введение

Вирус лейкоза крупного рогатого скота (ВЛКРС) — это представитель рода дельтаретровирусов семейства ретровирусов, вызывающий энзоотический лейкоз крупного рогатого скота, который приводит к раковым заболеваниям и снижению продуктивности животного. Большинство инфицированных животных остаются бессимптомными носителями; лимфосаркома наблюдается только у 5 % инфицированных животных, однако около 30 % демонстрируют стойкий лимфоцитоз [1].

Штаммы ВЛКРС дифференцируются на 12 генотипов (G1-G12), при этом филогенетический анализ зачастую проводят по нуклеотидным последовательностям гена *env* [2].

Распространенность ВЛКРС может сильно различаться в зависимости от региона мира и отдельной страны. Например, страны Западной Европы рапортуют о практически полном искоренении ВЛКРС на своей территории за счет противоэпидемических мероприятий, а в Северной Америке, напротив, сохраняется высокая распространенность вируса (≈ 80 %) [3]. Для улучшения эпизоотической ситуации в России требуются новые исследования, посвященные диагностике и эпидемиологическому анализу ВЛКРС в разных регионах страны.

Материалы и методы

В исследовании использовалась геномная ДНК лейкоцитов периферической крови 362 голов молочного и мясного КРС из семи районов Республики Дагестан (РД) (рис. 1). Для диагностики ВЛКРС использовалась коммерческая тест-система на основе ПЦР-РВ РеалБест-Вет ДНК BLV («Вектор-Бест», Россия).

Для генотипирования и филогенетического анализа использовались последовательности генома ВЛКРС, кодирующие фрагмент гена *env*.

Филогенетический анализ проводился с использованием ПО MEGA6 методом присоединения ближайших соседей, основанным на двухпараметрической модели Кимуры, и с помощью веб-утилиты IQTree v1.6.12 методом максимального правдоподобия. Статистическая значимость топологии филогенетических деревьев оценива-

* Исследование выполнено в рамках государственного задания Государственного научного центра вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора (№ 4/21).

© Д. А. Бабошко, А. В. Тотменин, М. Г. Даудова, К. А. Елфимов, П. Ю. Ачигечева, Д. К. Дандамаев, И. П. Осипова, Х. Г. Койчуев, Х. Ф.-К. Гапизова, Л. Г. Готфрид, З. Р. Шахбанова, Н. М. Гашникова, 2025

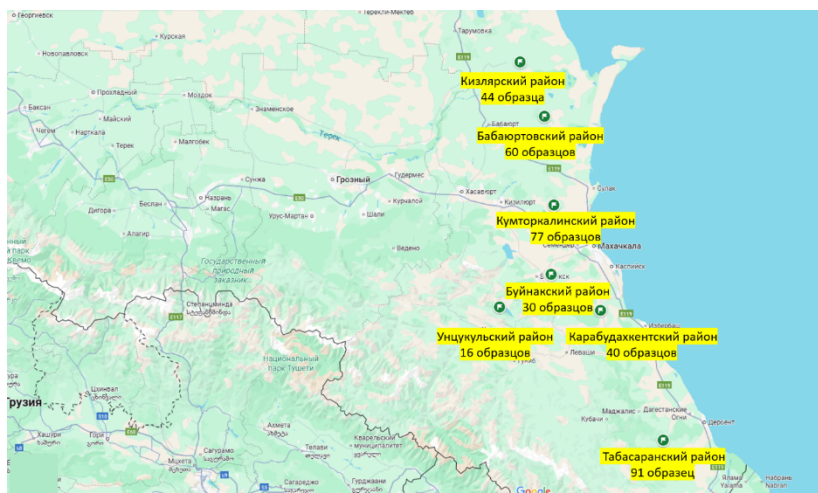


Рис. 1. Географическое расположение мест отбора проб в Республике Дагестан

лась с помощью бутстреп-анализа ($n = 1000$). Индексы идентичности нуклеотидных последовательностей были получены с помощью ПО SDT v1.2. Для получения аминокислотных последовательностей и их множественных выравниваний применялось ПО Geneious Pro 5.3.

Результаты

Разные районы РД сильно отличались по распространенности ВЛКРС. Так, в Унцукульском районе не было обнаружено ни одной инфицированной особи, в Буйнакском, Карабудахкентском и Табасаранском районах доля ВЛКРС-положительных особей КРС была крайне низкой (3,3; 5 и 3,3 % соответственно). Бабаюртовский район, напротив, отмечался высоким распространением ВЛКРС в стадах — 35 %.

После первичной диагностики ВЛКРС-положительные пробы использовались для секвенирования гена *env* ВЛКРС, генотипирования вирусов и филогенетического анализа (рис. 2).

Филогенетическое дерево показало, что большинство вариантов G7 образуют монофилетические кластеры. Это указывает на межхозяйственное распространение G7 ВЛКРС в пределах одного района (см. рис. 2, а). С другой стороны, G4 ВЛКРС в РД представляет более гетерогенную популяцию: некоторые последовательности гена *env* G4 группируются с последовательностями из Казахстана (см. рис. 2, б), в то время как другие — с секвенированными фрагментами гена *env* из Ростова-на-Дону в России (см. рис. 2, в). Стоит отметить, что случаи поражения молодняка и структурность кластеров близких вирусов подтверждают, что новые вспышки ВЛКРС

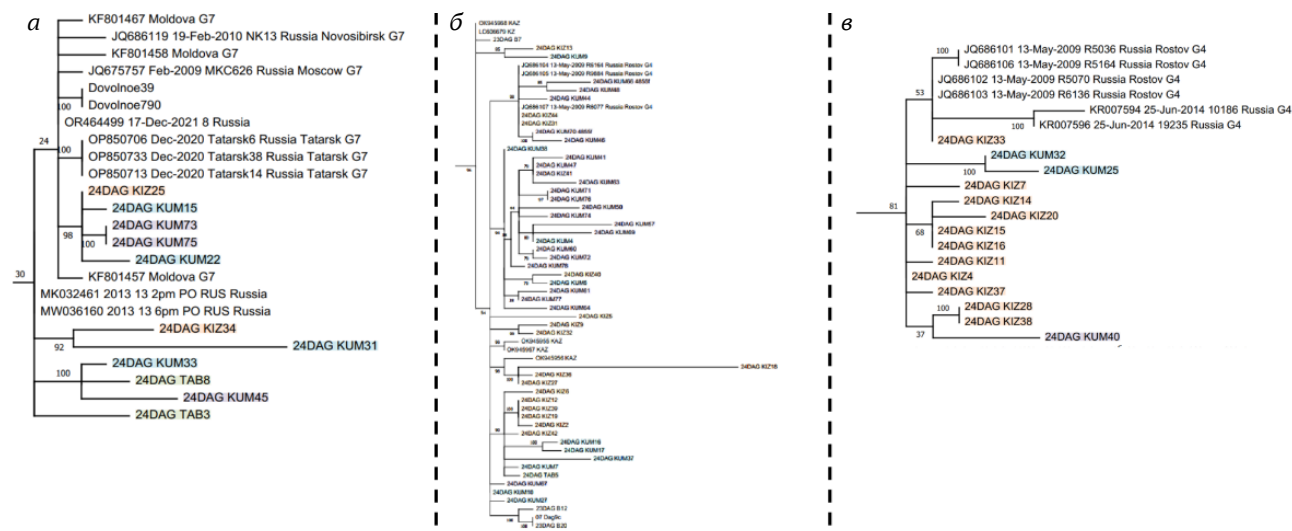


Рис. 2. Фрагменты филогенетического дерева, построенного для области *env* исследованных вариантов ВЛКРС из РД: а — фрагмент дерева для G7 ВЛКРС; б — фрагмент дерева для G4 ВЛКРС, имеющих близкое происхождение с G4 из Казахстана; в — фрагмент дерева для G4 ВЛКРС, имеющих близкое происхождение с G4 из Ростова-на-Дону

в основном обусловлены передачей инфекции внутри региона, а не ввозом из других мест. Однако корреляции между количеством инфицированных животных, породой и возрастом найдено не было.

Заключение

Изучение ВЛКРС в РД показало выраженную неравномерность его распространения: в одних районах вирус практически не выявляется (0–3,3 %), тогда как в Бабаюртовском районе доля инфицированных животных была велика — 35 %. При этом не установлено корреляции между наличием ВЛКРС и породой или возрастом КРС. Молекулярно-генетический анализ показал циркуляцию двух основных генотипов вируса: G4 и G7. Штаммы G7 образуют генетически однородные кластеры, отражающие локальные цепочки передачи, тогда как некоторые последовательности *env* генотипа G4 кластеризуются с последовательностями из Казахстана и Ростова-на-Дону.

Литература

1. Mousavi S. et al. Prevalence of bovine leukemia virus (BLV) infection in the northeast of Iran // *Veterinary Res. Forum: Int. Q. J.* 2014. Vol. 5, No. 2. P. 135.
2. Rola-Luszczak M. et al. Molecular characterization of the *env* gene of bovine leukemia virus in cattle from Pakistan with NGS-based evidence of virus heterogeneity // *Pathogens*. 2021. Vol. 10, No. 7. P. 910.
3. Lv G. et al. The global epidemiology of bovine leukemia virus: current trends and future implications // *Animals*. 2024. Vol. 14, No. 2. P. 297.