

Оригинальная статья / Original article

УДК 619:616.9-036.22 УДК 578.4

DOI: 10.18470/1992-1098-2025-2-3



Генетическое разнообразие вируса лейкоза крупного рогатого скота и его распространение в районах Республики Дагестан

Дмитрий А. Бабошко¹, Мадина Г. Даудова², Полина Ю. Ачигечева¹, Кирилл А. Елфимов¹,
Даниял К. Дандамаев², Заира Р. Шахбанова², Алексей В. Тотменин¹, Наталья М. Гашникова¹

¹Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора,
Кольцово, Новосибирская область, Россия

²Дагестанский государственный университет, Махачкала, Россия

Контактное лицо

Дмитрий А. Бабошко, аспирант НГУ, сотрудник
отдела Ретровирусов ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор»
Роспотребнадзора; 630559 Россия,
Новосибирская область, г. Новосибирск,
р/п Кольцово.

Тел. +79831283892

Email baboshko_da@vector.nsc.ru

ORCID <https://orcid.org/0009-0003-9052-6427>

Формат цитирования

Бабошко Д.А., Даудова М.Г., Ачигечева П.Ю.,
Елфимов К.А., Дандамаев Д.К., Шахбанова З.Р.,
Тотменин А.В., Гашникова Н.М. Генетическое
разнообразие вируса лейкоза крупного рогатого
скота и его распространение в районах
Республики Дагестан // Юг России: экология,
развитие. 2025. Т.20, N 2. С. 37-53.
DOI: 10.18470/1992-1098-2025-2-3

Получена 20 мая 2025 г.

Прошла рецензирование 10 июня 2025 г.

Принята 17 июня 2025 г.

Резюме

Цель – исследовать распространение инфекции, вызванной вирусом лейкоза крупного рогатого скота, в хозяйствах Республики Дагестан. Выполнена ПЦР-диагностика 212 проб крови КРС, собранных в хозяйствах Кизлярского, Кумторкалинского и Табасаранского районов, на наличие ДНК вируса лейкоза (ВЛКРС). Для ВЛКРС-положительных проб расшифрованы нуклеотидные последовательности фрагмента генома вируса, кодирующего основной белок оболочки (env), определен генотип вируса. Исследованы филогенетические отношения выделенных вариантов ВЛКРС с описанными ранее вирусами лейкоза коров.

Представленность генотипов вируса среди 80 ВЛКРС, выделенных в изученных районах, существенно отличалось. В Кизлярском и Кумторкалинском районе вирусы лейкоза G7 найдены в 7,4 %, в 92,6 % был выделен генотип G4. В одном хозяйстве Табасаранского района найдено 2 варианта G7 и один G4. При этом 10 из 11 вариантов G7 группировались друг с другом в три статистически достоверных кластера, включающих исследованные ВЛКРС, что указывает на передачу вируса внутри хозяйств и между ними. Филогенетический анализ 69 ВЛКРС генотипа G4 позволил заключить, что в Дагестане циркулирует гетерогенная популяция G4. Анализ случаев заражения лейкозом молодняка в неблагополучных хозяйствах и наличие филогенетических кластеров близких ВЛКРС подтверждают, что в настоящее время основной причиной регистрации новых случаев ВЛКРС является не занос ВЛКРС при закупках племенного скота, а передача инфекции внутри территорий Республики.

Молекулярно-генетический анализ ВЛКРС, выделенных в Дагестане, позволил описать связанные цепочки распространения вирусов как в одном хозяйстве, так и между хозяйствами. Результаты филогенетических исследований ВЛКРС имеют большую практическую значимость и могут быть использованы при планировании эффективных противозoonотических мероприятий в Дагестане. Кроме большой практической значимости выполненная работа демонстрирует новизну, так как вносит существенный вклад в изучение молекулярной эпидемиологии ВЛКРС в России.

Ключевые слова

ВЛКРС, генотип G4, генотип G7, филогенетический анализ, ПЦР-диагностика.

Genetic diversity of bovine leukemia virus and its distribution in the regions of the Republic of Dagestan, Russia

Dmitry A. Baboshko¹, Madina G. Daudova², Polina Y. Achigecheva¹, Kirill A. Elfimov¹, Daniyal K. Dandamaev², Zaira R. Shakhbanova², Alexey V. Totmenin¹ and Natalya M. Gashnikova¹

¹Vector State Research Center of Virology and Biotechnology, Koltsovo, Novosibirsk Region, Novosibirsk, Russia

²Dagestan State University, Makhachkala, Russia

Principal contact

Dmitry A. Baboshko, postgraduate student at Novosibirsk State University and employee Department of Retroviruses, Vector State Research Center of Virology and Biotechnology; Koltsovo, Novosibirsk, Novosibirskiy region, Russia 630559. Tel. +79831283892

Email baboshko_da@vector.nsc.ru

ORCID <https://orcid.org/0009-0003-9052-6427>

How to cite this article

Baboshko D.A., Daudova M.G., Achigecheva P.Y., Elfimov K.A., Dandamaev D.K., Shakhbanova Z.R., Totmenin A.V., Gashnikova N.M. Genetic diversity of bovine leukemia virus and its distribution in the regions of the Republic of Dagestan, Russia. *South of Russia: ecology, development*. 2025; 20(2):37-53. (In Russ.) DOI: 10.18470/1992-1098-2025-2-3

Received 20 May 2025

Revised 10 June 2025

Accepted 17 June 2025

Abstract

To study the spread of infection caused by the bovine leukemia virus in farms of the Republic of Dagestan.

PCR diagnostics of 212 cattle blood samples collected in farms of the Kizlyarsky, Kumtorkalinsky and Tabasaransky districts was performed for the presence of bovine leukemia virus DNA (BLV). For BLV-positive samples, nucleotide sequences of the viral genome fragment encoding the main envelope protein (env) were deciphered, and the virus genotype was determined. Phylogenetic relationships of the isolated BLV variants with previously described bovine leukemia viruses were studied.

The representation of virus genotypes among 80 BLV isolated in the studied districts differed significantly. In the Kizlyarsky and Kumtorkalinsky districts, G7 leukemia viruses were found in 7.4 %, and the G4 genotype was isolated in 92.6 %. In one farm in the Tabasaran district, 2 G7 variants and one G4 variant were found. At the same time, 10 out of 11 G7 variants were grouped with each other into three statistically significant clusters, including the studied BLV, which indicates virus transmission within and between farms. Phylogenetic analysis of 69 BLV of the G4 genotype allowed us to conclude that a heterogeneous G4 population circulates in Dagestan. Analysis of cases of leukemia infection of young animals in unfavourable farms and the presence of phylogenetic clusters of close BLV confirm that at present the main reason for registering new BLV cases is not the introduction of BLV during the purchase of breeding cattle, but the transmission of infection within the territories of the Republic.

Molecular genetic analysis of BLV isolated in Dagestan allowed us to describe the related chains of virus spread both within one farm and between farms. The results of phylogenetic studies of BLV have great practical significance and can be used in planning effective anti-epizootic measures in Dagestan. In addition to great practical significance, the work performed demonstrates novelty, as it makes a significant contribution to the study of molecular epidemiology of BLV in Russia.

Key Words

BLV, genotype G4, genotype G7, phylogenetic analysis, PCR diagnostics.

ВВЕДЕНИЕ

В Российской Федерации скотоводство является одной из ведущих отраслей животноводства. Республика Дагестан занимает 3 место по количеству поголовья крупного рогатого скота. Для активного развития животноводства в Республике требуется создание здорового высокопродуктивного поголовья. Одной из основных болезней, наносящей высокий экономический ущерб животноводству, на сегодняшний день остается лейкоз крупного рогатого скота [1; 2].

Причиной заболевания лейкозом является вирус, вызывающий хроническую инфекционную болезнь, которая характеризуется поражением органов лимфоидной и кровеносной систем, вызывая неестественную пролиферацию В-лимфоцитов и образование злокачественных опухолей из лимфоидной ткани. Вирус лейкоза крупного рогатого скота (ВЛКРС) относится к семейству Retroviridae, роду Deltavirus. Распространение ВЛКРС происходит через передачу биологических жидкостей, когда зараженные клетки (лимфоциты) попадают от больного животного к здоровому. Инфицирование может происходить вертикальным путем от инфицированной матери потомству с молоком, и горизонтальным путем при неправильной стерилизации медицинских инструментов при проведении ветеринарных манипуляций (искусственном осеменении, татуирования, проколов ушей крупного рогатого скота), совместный выпас здоровых и больных животных. Было экспериментально установлено, что достаточно ввести 2500 лейкоцитов, инфицированных возбудителем внутривенно корове, чтобы произошло заражение вирусом лейкоза [2]. По другим данным для заражения скота достаточно 0,5 микролитра крови, инфицированной ВЛКРС [2]. Провирус ВЛКРС встраивается в геном клетки хозяина и животное становится вирусоносителем и разносчиком заболевания [3].

Диагностика лейкоза крупного рогатого скота осуществляется серологическими (реакция иммунодиффузии (РИД), иммуноферментный анализ (ИФА) и молекулярно-генетическими методами. Метод полимеразной цепной реакции (ПЦР) является более точным для диагностики инфекции, особенно на ранней стадии, уже через 1–2 недели после заражения, и применим для телят старше 15-дневного возраста [4–6].

Оздоровление неблагополучных по лейкозу хозяйств продолжает оставаться необходимым условием повышения эффективности молочного и мясного скотоводства и обеспечения ветеринарно-санитарной безопасности продуктов животноводства.

В Республике Дагестан (РД) по данным на 01.01.2022 г. было официально объявлено о 158 пунктах с регистрацией ВЛКРС на всей территории республики. Наибольшее количество неблагополучных по лейкозу пунктов зафиксировано в Кизлярском (18), Тарумовском (17), Бабаюртовском (16), Гунибском (15), Тляртинском (10) районах и г. Махачкале (9), в Ботлихском, Кумторкалинском и Шамильском районах – по 7 очагов [7].

Задачей данной работы было изучение разнообразия циркулирующих генетических вариантов вируса лейкоза крупного рогатого скота в отдельных регионах Дагестана с разной пораженностью скота лейкозом с целью выявления возможных путей распространения ВЛКРС в хозяйствах Республики.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

В сентябре 2024 года в Республике Дагестан был проведен сбор 212 образцов крови крупного рогатого скота, содержащегося в хозяйствах Кизлярского (44 образца), Кумторкалинского (77) и Табасаранского (91) районов. Животные для исследования были отобраны на основе желания их владельцев предоставить образцы скота для анализа на наличие ДНК ВЛКРС. Образцы крови коров были собраны сотрудниками управления ветеринарии регионов в строгом соответствии с документом СанПиН 3.3686-21. Забор образцов крови от крупного рогатого скота осуществляли из хвостовой вены с использованием одноразовых стерильных систем в пробирки с антикоагулянтом (ЭДТА). Образцы собирали от коров широкой возрастной группы от 1 года и до 11 лет.

Для выделения суммарной ДНК из клеток крови крупного рогатого скота использовали коммерческий набор для выделения ДНК из культур клеток *diaGene* (*diaGene*, Россия). Диагностику наличия ДНК ВЛКРС в пробах проводили с использованием ПЦР в реальном времени коммерческими наборами *РеалБест-Вет* ДНК вируса лейкоза КРС V-5441 (производство АО Вектор-Бест). Для положительных по ВЛКРС образцов с помощью лабораторного набора праймеров синтезировали участок гена *env* протяженностью 1000 п.н. Для анализа размера и качества продуктов ПЦР использовали метод электрофореза ДНК в агарозном геле (1 %).

Секвенирование проводили с использованием генспецифичных праймеров и коммерческого набора *BigDye Terminator v3.1*. Образцы наносили в лунки 96-луночного планшета, который затем загружали в автоматический 8-капиллярный секвенатор 3130xl (*AppliedBiosystems*, США). Полученные нуклеотидные последовательности ВЛКРС редактировали в программе *Sequencher 4.1* [8] и сравнивали с референс-последовательностями различных генотипов ВЛКРС из международной базы данных (*Genbank*) [9]. Филогенетический анализ выполняли с помощью программы *IQ-TREE 2.4.0*, используя метод максимального правдоподобия (*ML – maximum likelihood*) [10]. Статистическую значимость топологии филогенетического дерева оценивали с помощью анализа бутстрепов ($n=1000$).

ПОЛУЧЕННЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

В Республике Дагестан, с учетом природно-климатических условий и сезонных особенностей выпаса скота, созданы ветеринарные станции, где проводятся диагностические исследования перегнанных животных из горных и предгорных зон на равнину в зимний период, в летний период их перегоняют обратно. По данным ветеринарных станций в 2023 г. на предмет присутствия ВЛКРС были исследованы 25827 проб крови крупного рогатого скота методом РИД, в 287 (1,1 %) из них были обнаружены антитела к ВЛКРС.

В рамках данного исследования был проведен сбор 212 проб крови, взятых у молочного и мясного скота в хозяйствах Кизлярского, Кумторкалинского, Табасаранского районов Республики Дагестан для сравнительного анализа.

Для изучения разнообразия циркулирующих ВЛКРС в Республике Дагестан были выбраны районы,

территориально находящиеся в разных природных зонах, отличающиеся по рельефу местности, климатическим и гидрологическим характеристикам.

Кизлярский район относится к группе неблагополучных по ВЛКРС территорий Республики по количеству выявляемых инфицированных животных. По данным проводимого в хозяйствах скрининга доля пораженного ВЛКРС скота составляет 2 %, по абсолютному числу выявленных инфицированных животных – 388 голов. Кизлярский район находится на втором месте, уступая лишь Ботлихскому району с числом инфицированных ВЛКРС голов крупного рогатого скота – 450.

Кизлярский район расположен в северной части Республики Дагестан, на Прикаспийской низменности. Географически он находится в пределах Терско-Сулакской низменности, через которую протекают 2 транзитные реки (Сулак и Терек), с которыми связана разветвленная сеть каналов и коллекторов. Это благоприятствует распространению на территории района интразонального типа растительности. Благодаря увлажнению почв грунтовыми водами и поливу, здесь широко распространена луговая и лугово-болотная растительность, что крайне благоприятно для развития животноводства. Наличие собственной богатой кормовой базы, транспортная доступность,

относительно мягкие климатические условия, равнинный рельеф – это идеальное сочетание благоприятных факторов для развития высокопродуктивного животноводства молочного и мясного направления. В Кизлярском районе насчитывается 58455 голов КРС (в т.ч. коров 33462). В населенном пункте Некрасовка зарегистрировано 880 (в т.ч. коров 655) голов КРС. В исследуемом нами крупном фермерском хозяйстве с. Некрасовка (ООО Агрофирма «Молочник») содержится до 500 голов КРС породы красная степная в возрасте от 1 до 11 лет. В предприятии поддерживаются санитарно-гигиенические требования, видна оснащённость современным производственно-технологическим оборудованием. Для осеменения коров и телок эякулятом используется ректоцервикальная техника.

В фермерском хозяйстве с. Некрасовка Кизлярского района была собрана кровь от 44 животных. Выборка включала коров с ранее диагностированным лейкозом, и коров, которые контактировали с больными животными. В хозяйстве стойловое содержание скота, вскармливание сенажом и зеленой массой, применяется искусственное оплодотворение. Характеристика КРС и данные по выявленным генотипам ВЛКРС приведена в таблице 1.

Таблица 1. Сводная информация по КРС, отобранном для ПЦР-диагностики на наличие ДНК вируса лейкоза, и по выявленным генотипам ВЛКРС в хозяйстве с. Некрасовка Кизлярского района

Table 1. Summary information on cattle selected for PCR diagnostics for the presence of leukemia virus DNA and on the identified genotypes of BLV in the farm of the village of Nekrasovka, Kizlyar district

Порода Breed	Возраст Age	Где приобрели Where acquired	Кол-во животных Number of animals	Кол-во животных, инфицир. ВЛКРС G7 Number of animals infected with BLV G7	Кол-во животных, инфицир. ВЛКРС G4 Number of animals infected with BLV G4
Красная степная Krasnaya stepnaya	1 год 1 year-old	Дагестан Dagestan	1		1 (KIZ3)
Красная степная Krasnaya stepnaya	3 года 3 year-old	Дагестан Dagestan	1		1 (KIZ38)
Красная степная Krasnaya stepnaya	4 года 4 year-old	Дагестан Dagestan	2		2 (KIZ20, KIZ8)
Красная степная Krasnaya stepnaya	5 лет 5 year-old	Дагеста Dagestan	7		6 (KIZ5, KIZ12, KIZ15, KIZ18, KIZ24, KIZ42)
Голштинизированная красная степная Golshtinizirovannaya krasnaya stepnaya	5 лет 5 year-old	Каневской р-н, Краснодарский край Kanevskoy district, Krasnodar Region	2	1 (KIZ34)	
Красная степная Krasnaya stepnaya	6 лет 6 year-old	Дагестан Dagestan	8		6 (KIZ2, KIZ9, KIZ14, KIZ16, KIZ33, KIZ37)
Красная степная Krasnaya stepnaya	6 лет 6 year-old	Каневской р-н, Краснодарский край Kanevskoy district, Krasnodar Region	1		1 (KIZ32)
Чёрно-пёстрая Chorno-pestraya	6 лет 6 year-old	Каневской р-н, Краснодарский край Kanevskoy district, Krasnodar Region	1		

Красная степная Krasnaya stepnaya	7 лет 7 year-old	Дагестан Dagestan	4	3 (KIZ11, KIZ19, KIZ41)
Голштинизированная красная степная Golshtinizirovannaya krasnaya stepnaya	7 лет 7 year-old	Каневской р-н, Краснодарский край Kanevskoy district, Krasnodar Region	2	2 (KIZ44, KIZ6)
Красная степная Krasnaya stepnaya	8 лет 8 year-old	Дагестан Dagestan	1	
Красная степная Krasnaya stepnaya	8 лет 8 year-old	Каневской р-н, Краснодарский край Kanevskoy district, Krasnodar Region	1	1 (KIZ13)
Голштинизированная красная степная Golshtinizirovannaya krasnaya stepnaya	8 лет 8 year-old	Каневской р-н, Краснодарский край Kanevskoy district, Krasnodar Region	2	2 (KIZ17, IZ31)
Голштинизированная красная степная Golshtinizirovannaya krasnaya stepnaya	9 лет 9 year-old	Каневской р-н, Краснодарский край Kanevskoy district, Krasnodar Region	1	
Красная степная Krasnaya stepnaya	10 лет 10 year-old	Каневской р-н, Краснодарский край Kanevskoy district, Krasnodar Region	2	2 (KIZ7, KIZ40)
Красная степная Krasnaya stepnaya	10 лет 10 year-old	Дагестан Dagestan	2	2 (KIZ23, IZ28)
Красная степная Krasnaya stepnaya	11 лет 11 year-old	Каневской р-н, Краснодарский край Kanevskoy district, Krasnodar Region	4	4 (KIZ4, KIZ27, KIZ36, KIZ39)
Палевая Palevaya	11 лет 11 year-old	Каневской р-н, Краснодарский край Kanevskoy district, Krasnodar Region	1	1 (KIZ22)
Красная степная Krasnaya stepnaya	14 лет 14 year-old	Каневской р-н, Краснодарский край Kanevskoy district, Krasnodar Region	1	1 (KIZ25)

В фермерском хозяйстве с. Некрасовка из 44 образцов КРС инфицированными вирусом лейкоза оказались 36. Из 44 КРС 18 голов было ранее закуплено в Краснодарском крае. Не было найдено взаимосвязи наличия инфекции ВЛКРС ни с возрастом животных, ни с их происхождением (местные или закупленные ранее в хозяйствах Краснодарского края).

В двух пробах был найден ВЛКРС генотипа G7. При этом филогенетический анализ расшифрованных нуклеотидных последовательностей фрагмента env ВЛКРС выявил, что вирусы G7, выделенные в с. Некрасовка, группируются не друг с другом. Один ВЛКРС G7 (KIZ34) был найден у голштинизированной красной степной коровы 5 лет, ранее закупленной в Каневском районе Краснодарского края. Вирус KIZ34

генетически был максимально близок к ВЛКРС G7, выделенному у 5-летней коровы породы красная степная из хозяйства с. Алмало Кумторкалинского района. Второй вирус G7 (KIZ25), выделенный в Некрасовке у красной степной коровы 14 лет, также ранее закупленной в Краснодарском крае, объединился с другой группой из четырёх генетически близких вирусов G7, два из которых были выделены в хозяйстве с. Алмало, а два – в хозяйстве с. Уллубиевка от коров красной степной породы 5–8 лет, которые имели дагестанское происхождение (рис. 1).

ВЛКРС генотипа G4 был обнаружен в 34 случаях у КРС от 1 года до 11 лет. Филогенетический анализ, выполненный для данных вирусов, позволил заключить, что этот генетический вариант лейкоза

коров объединяет гетерогенную популяцию ВЛКРС. Среди 34 вирусов 11 вариантов G4 образовали

филогенетический кластер вирусов, общий с ВЛКРС, выделенными в 2009 году в Ростовской области (рис. 2).

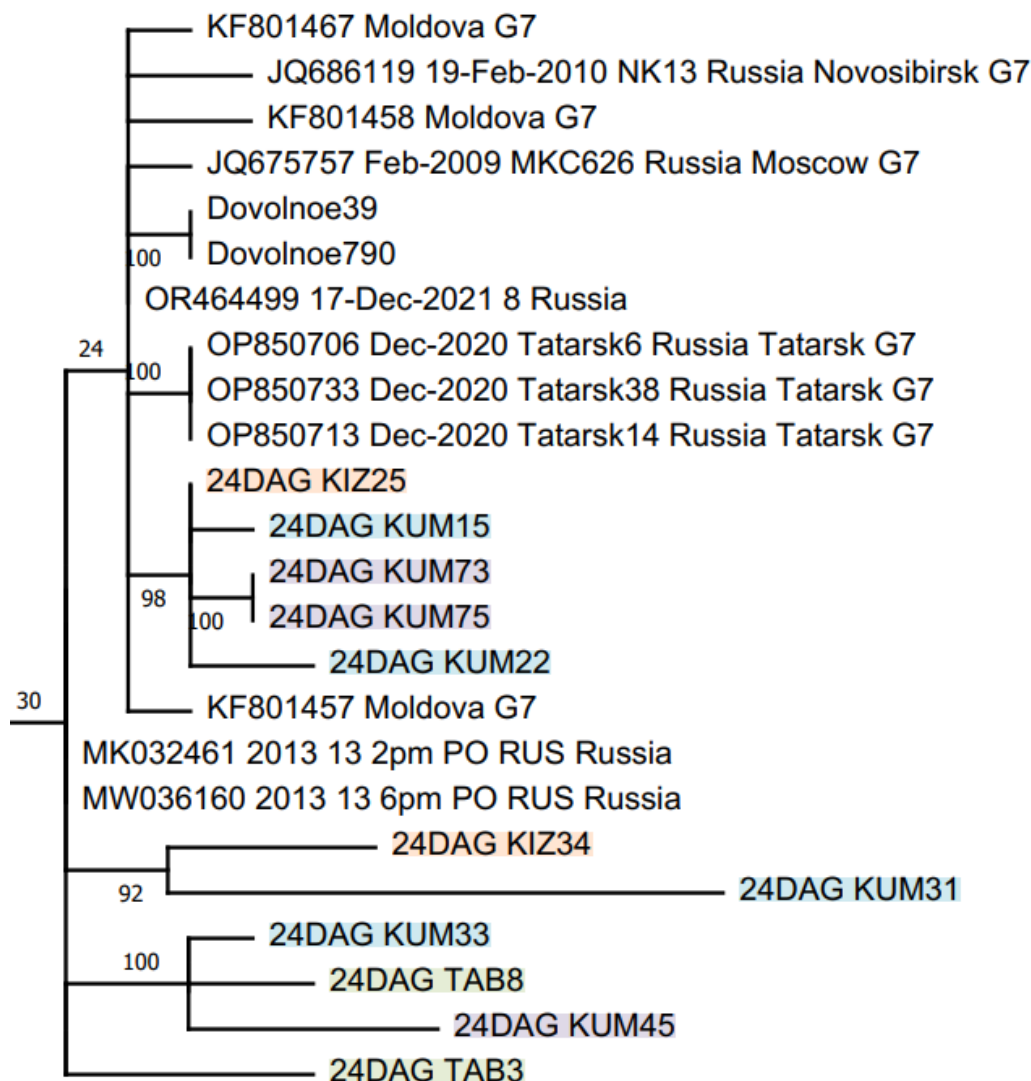


Рисунок 1. Фрагмент филогенетического дерева, построенного для области env исследованных вариантов ВЛКРС, выделенных в Дагестане. Фрагмент дерева включает ветвь ВЛКРС генотипа G7.

Оранжевым обозначены образцы ВЛКРС 2024 года из Кизлярского района. Фиолетовым обозначены образцы из Кумторкалинского района (с. Уллубиевка). Синим обозначены образцы из Кумторкалинского района (с. Алмало). Зеленым обозначены образцы из Табасаранского района

Figure 1. Fragment of the phylogenetic tree constructed for the env region of the studied BLV variants isolated in Dagestan.

The tree fragment includes the BLV branch of the G7 genotype. BLV samples from 2024 from the Kizlyar district are marked in orange. Samples from the Kumtorkalinsky district (Ullubievka village) are marked in purple.

Samples from the Kumtorkalinsky district (Almalo village) are marked in blue.

Samples from the Tabasaransky district are marked in green

Четыре вируса G4 вошли в кластер с ВЛКРС, выделенными ранее в Калуге и в Молдавии. Еще пара объединившихся вариантов G4 распределились между вирусами лейкоза, выделенными на различных территориях России с 2008 по 2021 годы. ВЛКРС, выделенный от телки 1 года жизни (KIZ3), с коэффициентом поддержки 95 группировался с вирусом лейкоза, выделенным от коровы того же хозяйства возраста 8 лет (KIZ17). Вирус, выделенный у телки 3 лет (KIZ38), группировался с KIZ28 с коэффициентом поддержки 100. Данные факты позволяют предположить, что инфицирование молодняка с высокой вероятностью произошло вирусами, циркулирующими в данном хозяйстве.

Оставшиеся 17 ВЛКРС G4 объединялись с другой группой вирусов, вероятно, имеющих общее происхождение с вирусами, ранее циркулировавшими в Казахстане (рис. 3). При этом два из 17 вирусов (KIZ31 и KIZ44) статистически достоверно группировались с вирусами, выделенными в Ростове в 2009 году и с ВЛКРС G4 из Кумторкалинского района (на дереве имеют обозначение 24DAG KUM). Три коровы (24DAG KIZ18, KIZ 27 и KIZ 36) породы красная степная, одна 5 лет (дагестанского происхождения) и две коровы 11 лет (Каневской район, Краснодарский край), сформировали группу генетически близких вирусов с ВЛКРС из Казахстана. Необходимо отметить, что на филогенетическом дереве мы также наблюдали пары, тройки и четвёрки ВЛКРС G4 из Кизлярского района,

сгруппированные в отдельные ветки с коэффициентом поддержки 100, что указывает на передачу лейкоза внутри одного хозяйства.

Кумторкалинский район относится к районам Дагестана с невысокой долей положительных проб, пораженность скота по данным выполняемого в хозяйствах скрининга составляет 0,2 % от общего числа диагностированных животных. Абсолютное число животных, положительных по РИД-анализу на ВЛКРС в хозяйствах Кумторкалинского района по отчетным данным составляет 26 голов. Кумторкалинский район расположен, по большей части, в низменной зоне республики и лишь южная часть захватывает предгорья. Основная территория района лежит в высотном диапазоне от 100 до 300 метров. Для климата района характерны засушливость, обилие тепла и солнечных дней. Значительное влияние на климат оказывает

Каспийское море. Летом в прибрежной полосе морские воздушные массы несколько снижают температуру, тем самым смягчая жару. Территория района отличается сухостью и распространением полупустынной и сухостепной растительности. На территории района достаточно много населенных пунктов, административно связанных с горными районами. Кормовыми ресурсами для скота выступают естественные полинозлаковые луга в сочетании с пойменными лугами, которые довольно широко распространены в пределах района. Племенное животноводство частично развито на фермах колхозов, применяется активно искусственное оплодотворение, также имеются породистые быки, завезенные с племенных хозяйств Краснодарского края. Животные находятся в достаточно комфортных условиях и дают неплохие показатели надоя.

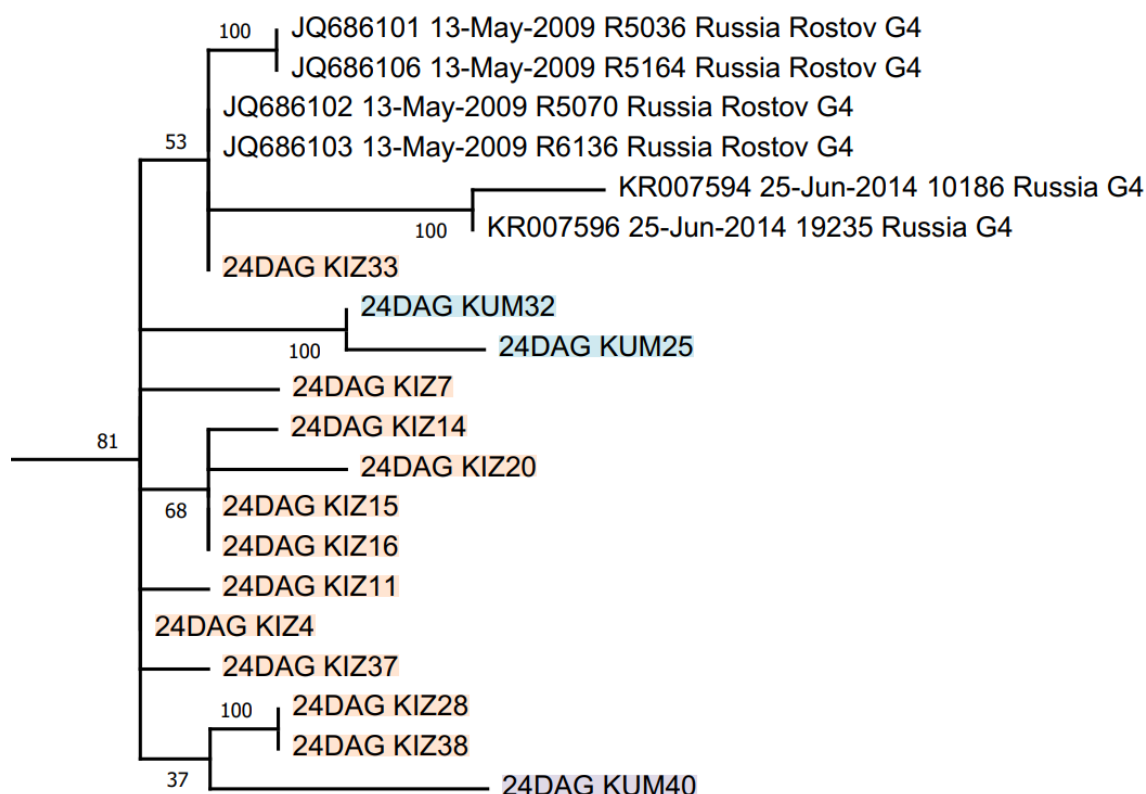


Рисунок 2. Фрагмент филогенетического дерева, построенного для области env исследованных вариантов ВЛКРС, выделенных в Дагестане. Фрагмент дерева включает ветвь ВЛКРС, имеющих общее происхождение с вирусами лейкоза из Ростова на Дону

Оранжевым обозначены образцы ВЛКРС 2024 года из Кизлярского района. Фиолетовым обозначены образцы из Кумторкалинского района (с. Уллубиевка). Синим обозначены образцы из Кумторкалинского района (с. Алмало)

Figure 2. Fragment of the phylogenetic tree constructed for the env region of the studied BLV variants isolated in Dagestan. The tree fragment includes a branch of BLV that has a common origin with the leukemia viruses from Rostov-on-Don
 BLV samples from 2024 from the Kizlyar district are marked in orange. Samples from the Kumtorkalinsky district (Ullubievka village) are marked in purple. Samples from the Kumtorkalinsky district (Almalo village) are marked in blue

В Кумторкалинском районе поголовье КРС составляет 11226 голов (в т.ч. коров 3824), из которых в исследуемых населенных пунктах с. Алмало и с. Уллубиевка насчитывается 628 голов (в т.ч. коров 374) и 580 голов (в т.ч. коровы 480) соответственно, преобладают красные степные породы с возрастом животных от 2 до 10 лет. Хозяйства обеспечены помещениями для содержания, дойки, изоляции КРС, необходимой кормовой базой и квалифицированным работниками ветеринарной службы района.

В фермерских хозяйствах с. Алмало и с. Уллубиевка Кумторкалинского района была собрана кровь от 77 животных, включая инфицированных ВЛКРС и коров, находящихся в контакте с больными животными. В хозяйствах применяется искусственное оплодотворение, кормление происходит при выгуле на разнотравном лугу. Характеристика КРС и данные по выявленным генотипам ВЛКРС приведена в таблице 2.

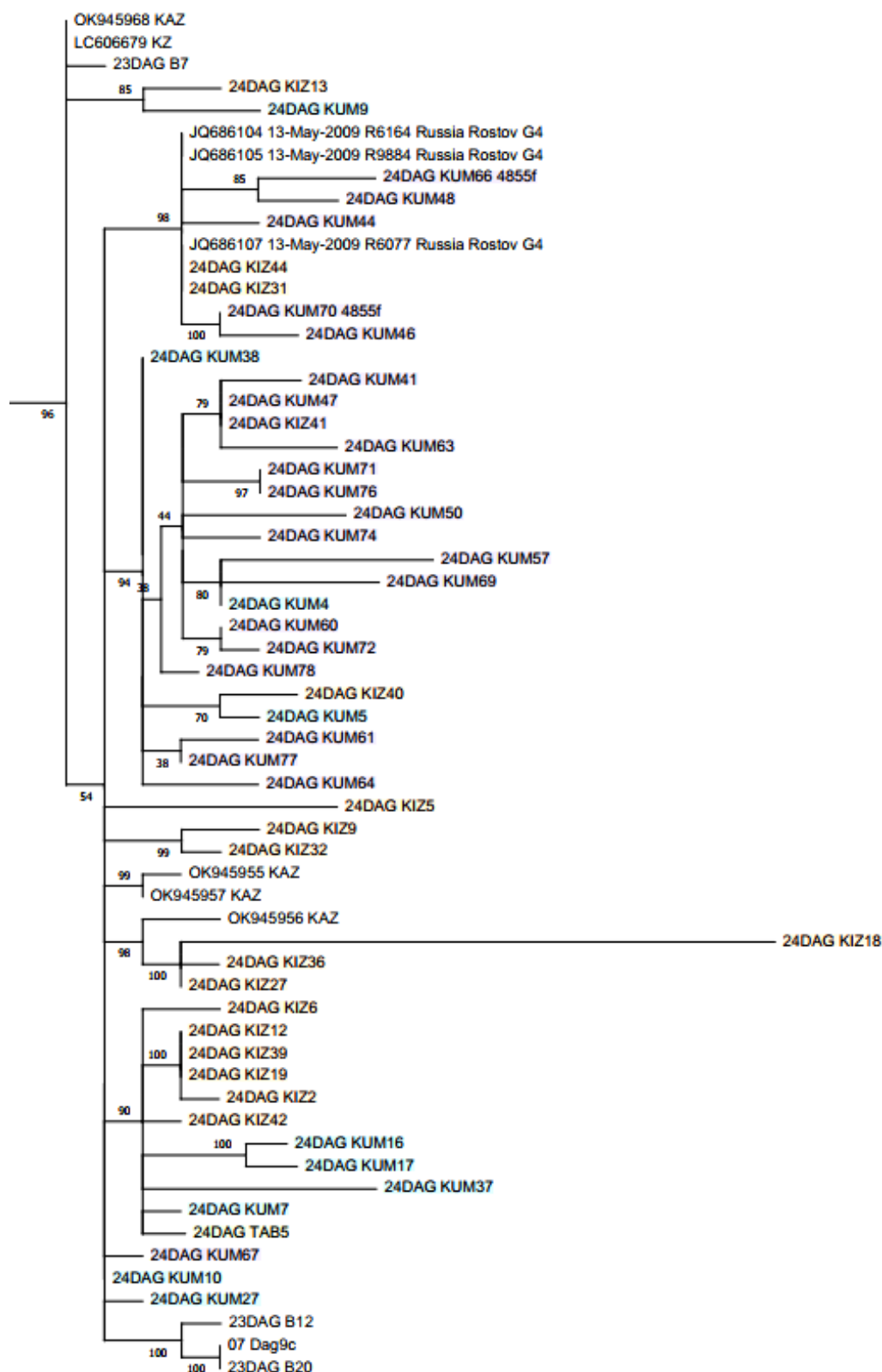


Рисунок 3. Фрагмент филогенетического дерева, построенного для области env исследованных вариантов ВЛРС, выделенных в Дагестане. Фрагмент дерева включает ветвь ВЛРС, имеющих общее происхождение с вирусами лейкоза из Казахстана

Оранжевым обозначены образцы ВЛРС 2024 года из Кизлярского района. Фиолетовым обозначены образцы из Кумторкалинского района (с. Уллубиевка). Синим обозначены образцы из Кумторкалинского района (с. Алмало). Зеленым обозначены образцы из Табасаранского района

Figure 3. Fragment of the phylogenetic tree constructed for the env region of the studied BLV variants isolated in Dagestan. The tree fragment includes a branch of BLV that has a common origin with leukemia viruses from Kazakhstan
BLV samples from 2024 from the Kizlyar district are marked in orange. Samples from the Kumtorkalinsky district (Ullubievka village) are marked in purple. Samples from the Kumtorkalinsky district (Almalo village) are marked in blue. Samples from the Tabasaransky district are marked in green

Таблица 2. Сводная информация по КРС, отобранном для ПЦР-диагностики на наличие ДНК вируса лейкоза, и по выявленным генотипам ВЛКРС в хозяйстве с. Алмало**Table 2.** Summary information on cattle selected for PCR diagnostics for the presence of leukemia virus DNA and on the identified genotypes of BLV in a farm of the village of Almalo

Порода Breed	Возраст Age	Где приобрели Where bought	Кол-во животных Number of animals	Кол-во животных, инфицир. ВЛКРС G7 Number of animals infected with BLV G7	Кол-во животных, инфицир. ВЛКРС G4 Number of animals infected with BLV G4
Красная степная Krasnaya stepnaya	5-6 мес. 5-6 months-old	Дагестан Dagestan	1		
Красная степная Krasnaya stepnaya	1,5 года 1,5 year-old	Дагестан Dagestan	1		
Красная пёстрая Krasnaya pestraya	1,5 года 1,5 year-old	Дагестан Dagestan	1		
Красная степная Krasnaya stepnaya	2 года 2 year-old	Дагестан Dagestan	1		1 (KUM4)
Красная степная Krasnaya stepnaya	4 года 4 year-old	Дагестан Dagestan	4	1 (KUM22)	
Красная степная Krasnaya stepnaya	5 лет 5 year-old	Дагестан Dagestan	5		2 (KUM5 , KUM7)
Красная степная Krasnaya stepnaya	5-6 лет 5-6 year-old	Дагестан Dagestan	3		1 (KUM9)
Красная степная Krasnaya stepnaya	6 лет 6 year-old	Дагестан Dagestan	3	1 (KUM33)	1 (KUM37)
Красная пёстрая Krasnaya pestraya	6 лет 6 year-old	Дагестан Dagestan	1		
Каринтийская Karintijskaya	6 лет 6 year-old	Дагестан Dagestan	1		
Красная степная Krasnaya stepnaya	6-7 лет 6-7 year-old	Дагестан Dagestan	1		
Красная степная Krasnaya stepnaya	7 лет 7 year-old	Дагестан Dagestan	5	2 (KUM15, KUM31)	
Красная степная Krasnaya stepnaya	7-8 лет 7-8 year-old	Дагестан Dagestan	1		1 (KUM27)
Красная степная Krasnaya stepnaya	8 лет 8 year-old	Дагестан Dagestan	8		4 (KUM10, KUM16, KUM25, KUM32)
Красная степная Krasnaya stepnaya	9 лет 9 year-old	Дагестан Dagestan	1		1 (KUM17)

В хозяйстве с. Алмало (Ферма Гунибская, общее количество голов – 80, все имели местное происхождение) было собрано 37 образцов крови КРС, включая инфицированных ВЛКРС и коров, находящихся в контакте с больными животными. В 15 случаях была обнаружена ДНК ВЛКРС. У трех голов молодняка возраста младше 2-х лет ВЛКРС не был найден. У остальных коров возраста от 2-х до 9 лет было выявлено 4 вируса генотипа G7 и 11 – генотипа G4.

Два вируса генотипа G7 (24DAG KUM15, KUM22), выделенные от коров 5-ти и 7-ми лет, группировались в кластер генетически близких вирусов с поддержкой ветви 99 с двумя вирусами из с. Уллубиевка и одним из Кизлярского района. Третий ВЛКРС G7 (24DAG KUM33) статистически значимо (коэффициент поддержки 100) объединился с одним вирусом из с. Уллубиевка (24DAG KUM45) и с одним из с. Гасик (24DAG TAB8). Еще один ВЛКРС (24DAG KUM31) был генетически близок с вирусом из Кизлярского района Дагестана.

Среди 11 вирусов генотипа G4, найденных в с. Алмало, два (24DAG KUM25 и KUM32) попали в

общий кластер с 11 ВЛКРС из Кизлярского района. Эта группа ВЛКРС имела общее происхождение с вирусами лейкоза из Ростова (рис. 2).

Оставшиеся 9 вариантов ВЛКРС G4 располагались на ветви вирусов, возможно, имеющих связь с вирусами лейкоза из Казахстана (рис. 3). При этом один ВЛКРС (24DAG KUM9) группировался с образцом из Кизлярского района, два – с вирусами, выделенными в с. Уллубиевка. В том числе, у телки 2-х лет (KUM4) был выделен ВЛКРС, который объединился в кластер с вирусами лейкоза, выделенными у коров 8-ми и 5-ти лет (KUM57 и KUM69) из хозяйства с. Уллубиевка. Четыре ВЛКРС G4 (24DAG KUM7, KUM16, KUM17 и KUM37) имели статистически достоверную связь с вирусами из Кизлярского района (коэффициент поддержки ветви 90).

В хозяйстве Чохское с. Уллубиевка общая численность поголовья составляет 430 коров, что в 5,4 раза больше, чем в вовлеченном в исследование хозяйстве с. Алмало. В с. Уллубиевка было собрано и проанализировано 40 образцов, включая образцы от

инфицированных ВЛКРС и коров, находящихся в контакте с больными животными. Из 40 образцов 26 оказались положительными на ВЛКРС. Характе-

ристика КРС и данные по выявленным генотипам ВЛКРС приведена в таблице 3.

Таблица 3. Сводная информация по КРС, отобранном для ПЦР-диагностики на наличие ДНК вируса лейкоза, и по выявленным генотипам ВЛКРС в хозяйстве с. Уллубиевка

Table 3. Summary information on cattle selected for PCR diagnostics for the presence of leukemia virus DNA and on the identified genotypes of BLV in the farm of the village of Ullubiyevka

Порода Breed	Возраст Age	Где приобрели Where bought	Кол-во животных Number of animals	Кол-во животных, инфицир. ВЛКРС G7 Number of animals infected with BLV G7	Кол-во животных, инфицир. ВЛКРС G4 Number of animals infected with BLV G4
Красная степная Krasnaya stepnaya	3 года 3 year-old	Дагестан Dagestan	2		2 (KUM47, KUM77)
Красная степная Krasnaya stepnaya	4 года 4 year-old	Дагестан Dagestan	5		2 (KUM38, KUM67)
Красная степная Krasnaya stepnaya	5 лет 5 year-old	Дагестан Dagestan	8		5 (KUM44, KUM60, KUM64, KUM69, KUM72)
Красная степная Krasnaya stepnaya	6 лет 6 year-old	Дагестан Dagestan	6		3 (KUM50, KUM70, KUM71)
Красная степная Krasnaya stepnaya	7 лет 7 year-old	Дагестан Dagestan	6	1 (KUM45)	4 (KUM40, KUM48, KUM61, KUM74)
Красная степная Krasnaya stepnaya	8 лет 8 year-old	Дагестан Dagestan	9	2 (KUM73, KUM75)	5 (KUM41, KUM46, KUM57, KUM63, KUM78)
Красная степная Krasnaya stepnaya	9 лет 9 year-old	Дагестан Dagestan	3		2 (KUM66, KUM76)
Красная степная Krasnaya stepnaya	10 лет 10 year-old	Дагестан Dagestan	1		

Как и на ранее описанных территориях, среди вирусов существенно преобладали ВЛКРС генотипа G4, которых было найдено 23. Три вируса лейкоза, выделенные от коров 7 и 8 лет, относились к генотипу G7.

Два вируса генотипа G7 (24DAG KUM73 и KUM75), выделенные от коров 8 лет, статистически достоверно объединялись в кластер с двумя ВЛКРС из с. Алмало и одним вирусом из Кизлярского района. Ещё один вирус 24DAG KUM45 генотипа G7, выделенный у коровы 7 лет, входил в состав группы из трёх вирусов, объединенных в ветвь с коэффициентом поддержки 100, включающий ВЛКРС из с. Гасик и с. Алмало (рис. 1).

ВЛКРС генотипа G4 регистрировались практически среди всех возрастов животных. Среди 23 вариантов ВЛКРС G4 один вирус (24DAG KUM40) входил в общую группу с 11 кизлярскими и двумя вирусами G4 из с. Алмало (рис. 2)

Оставшиеся 22 варианта находились в кластере ВЛКРС, для которого предполагается общее происхождение с вирусами из Казахстана (рис. 3). При этом 5 вариантов G4 группировались вместе с вирусами, выделенными в 2009 году в Ростове и двумя вирусами из Кизлярского района.

В этом же кластере нами зарегистрирована большая ветвь, включающая 20 вирусов лейкоза G4 (коэффициент поддержки 96), 16 из которых было выделено в с. Уллубиевка, два – в с. Алмало и один – в Кизлярском районе (рис. 3). Вирусы KUM47 и KUM77, выделенные у телок 3-х лет, также входили в кластер ВЛКРС, объединивший 16 образцов вируса из с. Уллубиевка.

Табасаранский район по эпизоотологическим данным считается благополучным по распространению ВЛКРС. В 2023 году случаев обнаружения ВЛКРС в данном районе отмечено не было. Табасаранский район расположен в предгорной и среднегорной части РД. Рельеф характеризуется достаточно сильной пересечённостью и высокой вариабельностью ландшафтов – от нагорно-ксерофитных до альпийских. В верхней более увлажненной части хребтов произрастает альпийская и субальпийская растительность, и на этих территориях в основном располагаются основные районы выпаса крупного рогатого скота. В засушливых котловинах района содержат небольшие поголовья КРС для личного пользования. Климат в Табасаранском районе умеренно-тёплый со сравнительно мягкой зимой, жарким летом (особенно в долинах), дождливой и влажной осенью. Склоны гор, хребтов очень богаты растительностью и используются в качестве летних, а плоскогорья – и зимних пастбищ. В пределах района практически нет племенного скотоводства и основной способ оплодотворения в процессе естественного выгула. Коровы местных пород с малыми показателями надоя (3–4 литра), не проводится селекционная работа. Основное направление животноводства – мясное. Всего в Табасаранском районе насчитывается 33050 голов крупного рогатого скота, из которых 9929 – коровы. В исследуемых нами хозяйствах содержалось от 5 до 20 голов КРС местной породы в возрасте от 1 до 10 лет. Особенности местной породы является низкорослость и низкий уровень надоев. Способы оплодотворения в исследуемых хозяйствах естественные: в

основном своими бычками местной породы. Финансовая обеспеченность хозяйств на среднем уровне. Большая часть исследуемых в рамках данной работы фермерских хозяйств оснащены всеми необходимым условиями для содержания, выгула и изоляции КРС. Рядом со зданием находится выгульный двор. Общее санитарно-гигиеническое состояние помещений хорошее.

В Табасаранском районе было включено в исследование 9 хозяйств, в каждом из которых собирали по 10–11 образцов крови КРС. Характеристика КРС и данные по выявленным генотипам ВЛКРС приведена в таблицах 4–5.

В хозяйстве с. Гасик из 10 исследованных образцов в 3 случаях была выявлена ДНК ВЛКРС. Данный скот закупали в Краснодарском и Ставропольском крае. Соотношение генотипов вируса лейкоза коров было нетипичным. Обнаружено 2 варианта генотипа G7 и один G4. В одном случае G7 выделен у

быка трёх лет (24DAG TAB8), в другом – у коровы местной породы 4 лет (24DAG TAB3), при этом найденные вирусы между собой имели низкую степень генетической идентичности. Вирус, выделенный у быка, был высоко идентичен с двумя вирусами, выделенными в Кумторкалинском районе (у коров из с. Уллубиевка и из с. Алмало 7 и 6 лет). Можно предположить, что инфицирование коров из с. Уллубиевка и из с. Алмало произошло при их оплодотворении быком 24DAG TAB8.

ВЛКРС генотипа G4 выделен у коровы местной породы 6 лет. Филогенетический анализ выявил, что ВЛКРС G4 (24DAG TAB5), выделенный в с. Гасик, входит в статистически достоверный кластер, объединяющий 11 изученных нами вирусов лейкоза, 6 из которых выделены в Кизлярском районе, четыре – в с. Алмало, что указывает на возможную связь данных хозяйств в эпизоотических процессах по распространению ВЛКРС.

Таблица 4. Сводная информация по КРС, отобраным для ПЦР-диагностики на наличие ДНК вируса лейкоза, и по выявленным генотипам ВЛКРС в хозяйстве с. Гасик

Table 4. Summary information on cattle selected for PCR diagnostics for the presence of leukemia virus DNA and on the identified genotypes of BLV in the Gasik village farm

Порода Breed	Возраст Age	Где приобрели Where bought	Кол-во животных Number of animals	Кол-во животных, инфицир. ВЛКРС G7 Number of animals infected with BLV G7	Кол-во животных, инфицир. ВЛКРС G4 Number of animals infected with BLV G4
Местная Local	3 года Бык 3 year-old Bull	Краснодарский край Krasnodar Region	1	1 (TAB8)	
Местная Local	4 года 4 year-old	Краснодарский край Krasnodar Region	1	1 (TAB3)	
Местная Local	5 лет 5 year-old	Краснодарский край Krasnodar Region	1		
Местная Local	5 лет 5 year-old	Ставропольский край Stavropol Region	1		
Местная Local	6 лет 6 year-old	Ставропольский край Stavropol Region	2		1 (TAB5)
Местная Local	7 лет Бык 7 year-old Bull	Ставропольский край Stavropol Region	1		
Местная Local	7 лет 7 year-old	Ставропольский край Stavropol Region	2		
Местная Local	8 лет 8 year-old	Ставропольский край Stavropol Region	1		

В девяти других хозяйствах Табасаранского района при исследовании 81 собранного образца не было выявлено КРС, инфицированного вирусом лейкоза коров. В таблице 5 приведены данные по собранным в хозяйствах образцам. Важно отметить, что в изученной выборке были здоровые животные возраста от года до 10 лет, завезенные из Казахстана, Ставропольского и Краснодарского края.

Обобщая результаты выполненного исследования, можно заключить, что выбранная стратегия включения в выборку ранее диагностированных на ВЛКРС инфицированных коров и контактировавших с ними животных позволила получить важные научные и практические результаты. На территориях Кизлярского, Кумторкалинского и Табасаранского районов было выделено 80 вариантов вируса лейкоза КРС и проведен

молекулярно-генетический анализ полученных вирусов (рис. 4).

Сводные данные генотипирования описанных ВЛКРС приведены в таблице 6. Показано, что в Кизлярском, Кумторкалинском и Табасаранском районах Дагестана, так же, как и в Карабудахкентском, Буйнакском и Бабаюртовском районах, где мы проводили исследование в 2023 году, наблюдается циркуляция ВЛКРС генотипов G4 и G7 [11].

В связи с тем, что в 2023 году ВЛКРС-положительные образцы были отобраны при ПЦР-диагностике на ВЛКРС 150 голов условно здорового скота, общее количество расшифрованных нуклеотидных последовательностей ВЛКРС составило 17, в том числе, 7 генотипа G4 и 10 последовательностей генотипа G7. Близкое распределение генотипов ВЛКРС было зарегистрировано в хозяйстве с. Гасик. Представ-

ленность генотипов ВЛКРС в выборке образцов, собранных от инфицированного лейкозом скота в Кизлярском и Кумторкалинском районах существенно отличалось. Вирусы лейкоза G7 встречались в

единичных случаях, нами было описано лишь 9 случаев заражения среди 121 изученной пробы (7,4 %), тогда как в 92,6 % был выделен G4.

Таблица 5. Сводная информация по КРС, отобранном для ПЦР-диагностики на наличие ДНК ВЛКРС в хозяйствах Табасаранского района

Table 5. Summary information on cattle selected for PCR diagnostics for the presence of BLV DNA in farms of the Tabasaran region

Порода Breed	Возраст Age	Где приобрели Where bought	Количество животных Number of animals
Хозяйство с. Ерси / Farm in Village of Ersi			
Местная Local	2 года Бык 2 year-old Bull	Казахстан Kazakhstan	1
Местная Local	2,5 года Бык 2.5 year-old Bull	Ставропольский край Stavropol Region	1
Местная Local	4 года 4 year-old	Ставропольский край Stavropol Region	1
Местная Local	5 лет 5 year-old	Ставропольский край Stavropol Region	1
Местная Local	5 лет 5 year-old	Краснодарский край Krasnodar Region	1
Местная Local	6 лет 6 year-old	Краснодарский край Krasnodar Region	2
Местная Local	7 лет 7 year-old	Казахстан Kazakhstan	1
Местная Local	8 лет 8 year-old	Краснодарский край Krasnodar Region	1
Местная Local	9 лет 9 year-old	Краснодарский край Krasnodar Region	1
Хозяйство с. Татиль / Farm in Village of Tatil			
Местная Local	2 года Бык 2 year-old Bull	Казахстан Kazakhstan	1
Местная Local	4 года 4 year-old	Казахстан Kazakhstan	1
Местная Local	5 лет 5 year-old	Ставропольский край Stavropol Region	2
Местная Local	6 лет 6 year-old	Краснодарский край Krasnodar Region	1
Местная Local	6 лет 6 year-old	Ставропольский край Stavropol Region	1
Местная Local	7 лет 7 year-old	Краснодарский край Krasnodar Region	2
Местная Local	8 лет 8 year-old	Краснодарский край Krasnodar Region	1
Местная Local	7 лет 7 year-old	Ставропольский край Stavropol Region	1
Хозяйство с. Арак / Farm in Village of Arak			
Местная Local	3 года Бык 3 year-old Bull	Краснодарский край Krasnodar Region	1
Местная Local	5 лет 5 year-old	Краснодарский край Krasnodar Region	2
Местная Local	6 лет 6 year-old	Ставропольский край Stavropol Region	2
Местная Local	6 лет 6 yeas-old	Краснодарский край Krasnodar Region	1
Местная Local	7 лет 7 year-old	Ставропольский край Stavropol Region	1
Местная Local	8 лет 8 year-old	Ставропольский край Stavropol Region	1
Местная Local	8 лет 8 year-old	Казахстан Kazakhstan	1
Местная Local	9 лет 9 year-old	Ставропольский край Stavropol Region	1

Хозяйство с. Марара / Farm in Village of Maraga			
Местная	6 лет	Казахстан	3
Local	6 year-old	Kazakhstan	
Местная	7 лет	Казахстан	1
Local	7 year-old	Kazakhstan	
Местная	8 лет	Краснодарский край	4
Local	8 year-old	Krasnodar Region	
Местная	8 лет	Ставропольский край	2
Local	8 year-old	Stavropol Region	
Местная	9 лет	Краснодарский край	1
Local	9 year-old	Krasnodar Region	
Хозяйство с. Гурик / Farm in Village of Gurik			
Местная	5 лет	Ставропольский край	1
Local	5 year-old	Stavropol Region	
Местная	6 лет	Казахстан	2
Local	6 year-old	Kazakhstan	
Местная	7 лет	Краснодарский край	1
Local	7 year-old	Krasnodar Region	
Местная	7 лет	Ставропольский край	1
Local	7 year-old	Stavropol Region	
Местная	8 лет	Ставропольский край	1
Local	8 year-old	Stavropol Region	
Местная	8 лет	Краснодарский край	1
Local	8 year-old	Krasnodar Region	
Местная	9 лет	Ставропольский край	2
Local	9 year-old	Stavropol Region	
Местная	10 лет	Ставропольский край	1
Local	10 year-old	Stavropol Region	
Хозяйство с. Пилиг / Farm in Village of Pilig			
Местная	1 год	Казахстан	1
Local	1 year-old	Kazakhstan	
Местная	2 года Бык	Казахстан	1
Local	2 year-old Bull	Kazakhstan	
Местная	2 года	Казахстан	2
Local	2 year-old	Kazakhstan	
Местная	3 года Бык	Краснодарский край	1
Local	3 year-old Bull	Krasnodar Region	
Местная	4 года	Краснодарский край	1
Local	4 year-old	Krasnodar Region	
Местная	5 лет	Ставропольский край	1
Local	5 year-old	Stavropol Region	
Местная	6 лет	Ставропольский край	1
Local	6 year-old	Stavropol Region	
Местная	7 лет	Краснодарский край	1
Local	7 year-old	Krasnodar Region	
Местная	9 лет	Ставропольский край	1
Local	9 year-old	Stavropol Region	
Хозяйство с. Турф / Farm in Village of Turuf			
Местная	3 года	Краснодарский край	1
Local	3 year-old	Krasnodar Region	
Местная	4 года	Ставропольский край	1
Local	4 year-old	Stavropol Region	
Местная	5 лет	Ставропольский край	1
Local	5 year-old	Stavropol Region	
Местная	6 лет	Краснодарский край	2
Local	6 year-old	Krasnodar Region	
Местная	7 лет	Ставропольский край	2
Local	7 year-old	Stavropol Region	
Местная	8 лет	Ставропольский край	1
Local	8 year-old	Stavropol Region	
Местная	9 лет	Ставропольский край	1
Local	9 year-old	Stavropol Region	
Местная	10 лет	Ставропольский край	1
Local	10 year-old	Stavropol Region	

Хозяйство с. Сика / Farm in Village of Sika			
Местная	4 года	Казахстан	2
Local	4 year-old	Kazakhstan	
Местная	4 года	Краснодарский край	1
Local	4 year-old	Krasnodar Region	
Местная	5 лет	Ставропольский край	1
Local	5 year-old	Stavropol Region	
Местная	5 лет	Казахстан	1
Local	5 year-old	Kazakhstan	
Местная	6 лет	Краснодарский край	1
Local	6 year-old	Krasnodar Region	
Местная	7 лет	Краснодарский край	1
Local	7 year-old	Krasnodar Region	
Местная	8 лет	Ставропольский край	1
Local	8 year-old	Stavropol Region	
Местная	8 лет	Краснодарский край	1
Local	8 year-old	Krasnodar Region	
Местная	9 лет	Ставропольский край	1
Local	9 year-old	Stavropol Region	

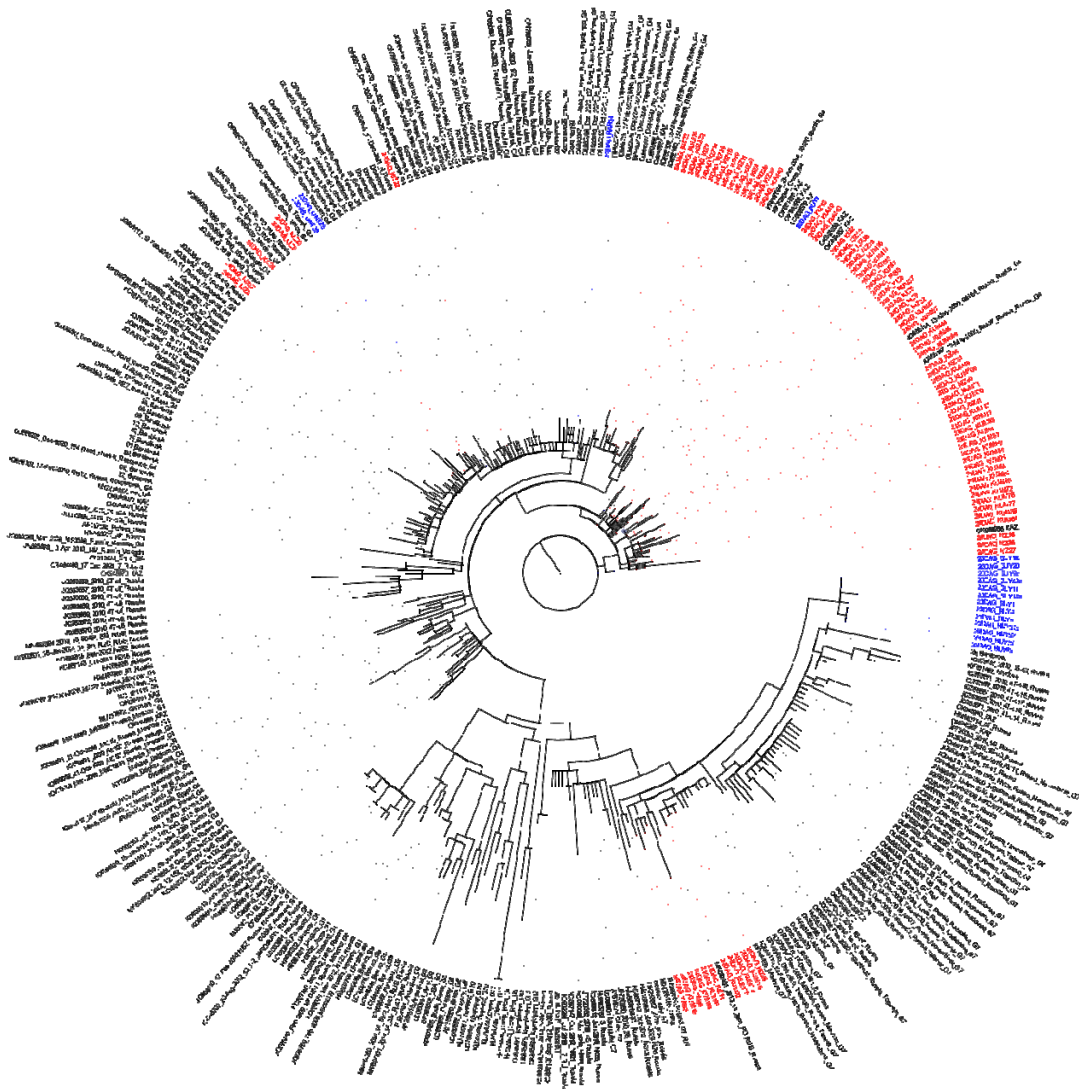


Рисунок 4. Общее кольцевое филогенетическое дерево, построенное для области env исследованных вариантов ВЛКРС, выделенных в Дагестане. Синим обозначены образцы ВЛКРС 2023 года, собранные в Республике Дагестан. Красным обозначены образцы ВЛКРС 2024 года

Figure 4. General ring phylogenetic tree constructed for the env region of the studied BLV variants isolated in Dagestan. BLV samples from 2023 collected in the Republic of Dagestan are shown in blue. BLV samples from 2024 are shown in red

Найденные 10 из 11 вариантов G7 лейкоза Кизлярского, Кумторкалинского и Табасаранского районов группировались друг с другом в три статистически достоверных кластера, включающих 5, 3 и 2 варианта ВЛКРС, что подтверждает преимущественную передачу данного геноварианта вируса лейкоза внутри хозяйств.

Филогенетический анализ ВЛКРС генотипа G4 позволил заключить, что на территориях Кизлярского, Кумторкалинского и Табасаранского районов циркули-

рует достаточно гетерогенная популяция ВЛКРС G4: большая часть ВЛКРС относится к кластеру вирусов лейкоза коров, имеющих общее происхождение с ВЛКРС, распространенными в Казахстане, кроме того, выделяется кластер вирусов, близких к геновариантам лейкоза, выделенным в Ростовской области и наблюдается распространение ВЛКРС, генетически близких к вирусам, распространяющимся на других территориях России, в том числе, в Сибири.

Таблица 6. Сводные данные ПЦР-исследования скота на наличие ДНК ВЛКРС в пробах крови
Table 6. Summary data of PCR testing of cattle for the presence of BLV DNA in blood samples

Населенный пункт Settlement	Возраст Age	Поголовье скота Livestock population	Кол-во образцов Number of samples	ПЦР (+) образцов PCR (+) samples	Распределение генотипов Genotype distribution
Район Кизлярский (KIZ обозначение на дереве) Kizlyarsky District (KIZ designation on the tree)					
Некрасовка Nekrasovka	1–14 лет 1–14 year-olds	800	44	36 (81.8 %)	G4-34, G7-2 94.4 %, 5.6 %
Район Кумторкалинский (КУМ обозначения на дереве) Kumtorkalinsky district (KUM designation on the tree)					
Алмало Almalo	1,5–9 лет 1.5–9 year-olds	628	37	15 (40.5 %)	G4-11, G7-4 73.3 %, 26.7 %
Уллубиевка Ullubievka	3–10 лет 3–10 year-olds	580	40	26 (65 %)	G4-23, G7-3 88.5 %, 11.5 %
Район Табасаранский (ТАВ обозначение на дереве) Tabasaransky District (TAB designation on the tree)					
Сика, Туруф, Пилиг, Татиль, Ерси, Гуми, Гурик, Марага, Арак, Гасик Sika, Turuf, Pilig, Tatil, Ersi, Gumi, Gurik, Maraga, Arak, Gasik	1–10 лет 1–10 year-olds	33050	91	3 (3.3 %)	G4-1, G7-2 33.3 %, 66.7 %

Образцы ВЛКРС, выделенные нами в 2023 году в Карабудахкентском, Буйнакском и Бабаюртовском районах Дагестана, не группируются с вирусами Кизлярского, Кумторкалинского и Табасаранского районов, что указывает на развитие территориальных эпизоотических процессов по распространению ВЛКРС.

ВЫВОДЫ

Впервые в Республике Дагестан выполнен анализ развития территориальных эпизоотических процессов по распространению ВЛКРС на основе изучения достаточно представительной выборки генетических вариантов вируса. Обобщая результаты исследования молекулярно-генетических особенностей 80 вариантов ВЛКРС, выделенных в хозяйствах Дагестана, можно подтвердить сделанный нами ранее вывод о том, что, вероятно, на территории Республики на протяжении длительного времени происходили различные независимые заносы ВЛКРС из разных регионов России и Казахстана, связанные с закупкой племенного скота. Занесенные ранее в Дагестан вирусы лейкоза в некоторых хозяйствах продолжают распространяться.

Филогенетический анализ случаев заражения лейкозом молодняка в неблагополучных по лейкозу хозяйствах и наличие филогенетически близких кластеров ВЛКРС в одном хозяйстве или в

территориально близких хозяйствах подтверждают, что в настоящее время основной причиной регистрации новых случаев ВЛКРС не является не занос ВЛКРС в хозяйства при закупках племенного скота. Абсолютное большинство исследованных случаев эпизоотии лейкоза можно отнести к передаче инфекции внутри территорий Республики.

В соответствии с нормативными рекомендациями Министерства сельского хозяйства (Приказ Министерства сельского хозяйства РФ от 24.03.2021 N 156" «Об утверждении Ветеринарных правил осуществления профилактических, диагностических, ограничительных и иных мероприятий, установления и отмены карантина и иных ограничений, направленных на предотвращение распространения и ликвидацию очагов лейкоза крупного рогатого скота») в Республике Дагестан проводится скрининг животных на ВЛКРС, для диагностики ВЛКРС применяются методы РИД и ИФА. Одной из возможных причин продолжающейся циркуляции ВЛКРС является недостаточно эффективная (РИД, ИФА) либо недостаточно регулярная диагностика, проводимая в хозяйствах, что не позволяет своевременно выявлять и изолировать больных животных. Выводы настоящего исследования, основанного на изучении циркулирующих в Дагестане генетических вариантов ВЛКРС, согласуются с

результатом анализа официальных данных отчетности Комитета по ветеринарии Республики Дагестан [7].

Пример благополучных по лейкозу хозяйств Табасаранского района показывает, что в Дагестане есть хозяйства, свободные от ВЛКРС. ПЦР-диагностика 81 образца крови КРС, закупленных в разные годы в Казахстане, Ставропольском и Краснодарском крае, подтвердила, что все исследованные на наличие ДНК лейкоза животные здоровы независимо от их возраста и региона происхождения. Наличие в хозяйствах разновозрастного здорового стада с большим количеством скота, завозимого из других регионов России и Казахстана, подтверждает, что усиление мер контроля эпизоотической ситуации по инфекции ВЛКРС в Дагестане приносит ощутимый результат.

Тем не менее, ПЦР-диагностика позволила в одном из ранее благополучных хозяйств зарегистрировать наличие больных животных и распространение ВЛКРС. Данный факт указывает на необходимость активизации противоэпизоотических мероприятий в хозяйствах. Особенно важно проводить широкий скрининг скота на наличие лейкоза перед началом весенне-летнего сезона в хозяйствах, где практикуется выпас животных. Крайне актуальным является недопущение распространения ВЛКРС при оплодотворении коров. С целью повышения эффективности выявления зараженного лейкозом скота можно рекомендовать хозяйствам внедрение ПЦР-диагностики лейкоза КРС на первом этапе для племенных быков, которые используются для осеменения стада. Некоторые хозяйства России имеют успешный опыт применения ПЦР-диагностики телят для формирования стада, свободного от лейкоза [12]. Оздоровление поголовья отдельных сотрудничающих хозяйств обеспечивает создание племенного ядра для других ферм и может являться важным этапом эффективной борьбы с распространением ВЛКРС.

Выводы, полученные на основе филогенетических исследований выделенных вариантов ВЛКРС, имеют большую практическую значимость и могут быть использованы при планировании и внедрении более эффективных противоэпизоотических мероприятий в Дагестане.

БЛАГОДАРНОСТЬ

Работа выполнена в рамках выполнения Государственного задания 4-21 ФБУН ГНЦ ВБ Вектор Роспотребнадзора.

ACKNOWLEDGMENT

The work was carried out within the framework of the State Assignment of the State Scientific Center VB, Vector, of Rospotrebnadzor.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. NAHMS-USDA Bovine Leukosis Virus on U.S. Dairy Operations. 2007.
2. Донник И.М., Гулюкин М.И., Бусол В.А., Коваленко Л.В., Коваленко А.М. Лейкоз крупного рогатого скота — диагностика, оздоровление, антропозоонозный потенциал (история вопроса) (обзор) // Сельскохозяйственная биология. 2021. Т. 56. N 2. С. 230–244. DOI: 10.15389/agrobiology.2021.2.230rus
3. Гулюкин М.И., Иванова Л.А., Степанова Т.В., Барабанов И.И., Козырева Н.Г. Контроль и тенденции изменения

- эпизоотической ситуации по лейкозу крупного рогатого скота в 2000–2016 годах // Russian Journal of Agricultural and Socio-Economic Sciences. 2017. Т. 71. N 11. С. 530–537. <https://doi.org/10.18551/rjoas.2017-11.70>
4. Зубова Т.В., Плешков В.А., Миронов А.Н. Современные методы и опыт борьбы с лейкозом крупного рогатого скота // Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture. 2018. Т. 10. N 5. С. 119–131. DOI: 10.12731/WSD-2018-5-119-131
 5. Чижова Л.Н., Белов Д.Е. Использование полимеразной цепной реакции в диагностике лейкоза КРС // Сборник научных трудов Ставропольского научно-исследовательского института животноводства и кормопроизводства. 2004. Т. 2. N 2–2. С. 65–69.
 6. Крюков В.И., Шалимова О.А., Друшляк Н.Г., Пикунова А.В. ДНК-диагностика в селекции крупного рогатого скота // Вестник ОрелГАУ: Научное обеспечение животноводства. 2012. N 1. С. 62–68.
 7. Budulov N.R., Mikailov M.M., Gunashev S.A., Yanikova E.A., Khalikov A.A. Bovine leukemia virus occurrence in Dagestan // Veterinary Science Today. FGI Federal Centre for Animal Health (FGI ARRIA). 2023. V. 12. N 2. P. 111–118.
 8. Sequencher Demo Software Informer: version 4.1 information. URL: <https://sequencher.software.informer.com/4.1/> (дата обращения: 09.03.2025)
 9. GenBank Overview. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/> (дата обращения: 16.04.2025)
 10. Minh B.Q., Schmidt H.A., Chernomor O., Schrempf D., Woodhams M.D., Von Haeseler A., Lanfear R., Teeling E. IQ-TREE 2: New Models and Efficient Methods for Phylogenetic Inference in the Genomic Era // Mol Biol Evol. Mol Biol Evol. 2020. V. 37. N 5. P. 1530–1534. DOI: 10.1093/MOLBEV/MSAA015
 11. Бабошко Д.А., Елфимов К.А., Даудова М.Г., Койчьев Х.Г., Гапизова Х.Ф., Гашникова Н.М. Оценка пораженности крупного рогатого скота вирусом лейкоза в Республике Дагестан с помощью ПЦР-диагностики // Юг России: экология, развитие. 2023. Т. 18. N 4. С. 114–124. <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2023-4-114-124>
 12. Бабошко Д.А., Елфимов К.А., Кузьмин А.И., Рожков О.А., Тотменин А.В., Флер М.В., Гашникова Н.М. Формирование свободного от энзоотического лейкоза крупного рогатого скота стада на основе ПЦР-диагностики телят // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. 2024. Т. 54. N 12. С. 68–79. DOI: 10.26898/0370-8799-2024-12-8

REFERENCES

1. NAHMS-USDA Bovine Leukosis Virus on U.S. Dairy Operations. 2007
2. Donnik I.M., Gulyukin M.I., Busol V.A., Kovalenko L. V., Kovalenko A.M. Bovine leukemia virus INFECTION — diagnostics, eradication, and anthroozoonotic potential (background) (review). *Agricultural Biology*, 2021, vol. 56, no. 2, pp. 230–244. (In Russian) doi: 10.15389/agrobiology.2021.2.230rus
3. Gulyukin M.I., Ivanova L.A., Stepanova T.V., Barabanov I.I., Kozyreva N.G. Control and trends in the epizootic situation of bovine leukemia in 2000–2016. *Russian Journal of Agricultural and Socio-Economic Sciences*, 2017, vol. 71, no. 11, pp. 530–537. <https://doi.org/10.18551/rjoas.2017-11.70>
4. Zubova T.V., Pleshkov V.A., Mironov A.N. Modern methods and experience of struggle against leukemia of cattle. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 2018, vol. 10, no. 5, pp. 119–131. DOI: 10.12731/WSD-2018-5-119-131
5. Chizhova L.N., Belov D.E. The use of polymerase chain reaction in the diagnosis of bovine leukemia. In: *Sbornik nauchnykh trudov Stavropol'skogo nauchno-issledovatel'skogo instituta zhivotnovodstva i kormoproizvodstva* [Collection of scientific works of the Stavropol Research Institute of

- Livestock and Feed Production]. 2004, vol. 2, no. 2–2, pp. 65–69. (In Russian)
6. Kryukov V.I., Shalimova O.A., Drushlyak N.G., Pikunova A.V. DNA diagnostics in cattle breeding. Vestnik OrelGAU: Nauchnoe obespechenie zhivotnovodstva [Bulletin of OrelSAU: Scientific support of livestock breeding]. 2012, no. 1, pp. 62–68. (In Russian)
7. Budulov N.R., Mikailov M.M., Gunashev S.A., Yanikova E.A., Khalikov A.A. Bovine leukemia virus occurrence in Dagestan. Veterinary Science Today. FGI Federal Centre for Animal Health (FGI ARRIA), 2023, vol. 12, no. 2, pp. 111–118.
8. Sequencher Demo Software Informer: version 4.1 information. URL: <https://sequencher.software.informer.com/4.1/> (accessed 09.03.2025)
9. GenBank Overview. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/> (accessed 16.04.2025)
10. Minh B.Q., Schmidt H.A., Chernomor O., Schrempf D., Woodhams M.D., Von Haeseler A., Lanfear R., Teeling E. IQ-TREE 2: New Models and Efficient Methods for Phylogenetic Inference in the Genomic Era. *Mol Biol Evol. Mol Biol Evol*, 2020, vol. 37, no. 5, pp. 1530–1534. DOI: 10.1093/MOLBEV/MSAA015
11. Baboshko D.A., Elfimov K.A., Daudova M.G., Koychuev Kh.G., Gapizova Kh.F., Gashnikova N.M. Assessment of the incidence of leukemia virus (BLV) in cattle in the Republic of Dagestan using PCR diagnostics. *South of Russia: ecology, development*, 2023, vol. 18, no. 4, pp. 114–124. (In Russian) <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2023-4-114-124>
12. Baboshko D.A., Elfimov K.A., Kuzmin A.I., Rozhkov O.A., Totmenin A.V., Fleer M.B., Gashnikova N.M. Formation of the herd free from enzootic bovine leukosis on the basis of pcr-diagnostics of calves. *Siberian Bulletin of Agricultural Science*, 2024, vol. 54, no. 12, pp. 68–79. DOI: 10.26898/0370-8799-2024-12-8

КРИТЕРИИ АВТОРСТВА

Наталья М. Гашникова и Мадина Г. Даудова составили концепцию исследования. Мадина Г. Даудова, Даниял К. Дандамаев и Заира Р. Шахбанова собрали эпидемиологические данные и оказали помощь в сборе образцов. Дмитрий А. Бабошко, и Полина Ю. Ачигечева выполнили пробоподготовку образцов, провели генотипирование ВЛКРС, проанализировали эпидемиологические данные. Алексей В. Тотменин выполнил филогенетический анализ и построение филогенетических деревьев. Наталья М. Гашникова руководила проектом. Наталья М. Гашникова, Дмитрий А. Бабошко и Кирилл А. Елфимов подготовили рукопись. Все авторы в равной степени несут ответственность при обнаружении плагиата, самоплагиата и других неэтических проблем.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

AUTHOR CONTRIBUTIONS

Natalya M. Gashnikova and Madina G. Daudova developed the concept of the study. Madina G. Daudova, Daniyal K. Dandamaev and Zaira R. Shakhbanova collected epidemiological data and assisted in collecting samples. Dmitry A. Baboshko and Polina Y. Achigecheva performed sample preparation, genotyping of BLV and analysed epidemiological data. Alexey V. Totmenin performed phylogenetic analysis and construction of phylogenetic trees. Natalya M. Gashnikova supervised the project. Natalya M. Gashnikova, Dmitry A. Baboshko and Kirill A. Elfimov prepared the manuscript. All authors are equally responsible for detecting plagiarism, self-plagiarism and other ethical transgressions.

NO CONFLICT OF INTEREST DECLARATION

The authors declare no conflict of interest.

ORCID

Дмитрий А. Бабошко / Dmitry A. Baboshko <https://orcid.org/0009-0003-9052-6427>
Мадина Г. Даудова / Madina G. Daudova <https://orcid.org/0000-0003-0456-3698>
Полина Ю. Ачигечева / Polina Y. Achigecheva <https://orcid.org/0009-0006-3120-6548>
Кирилл А. Елфимов / Kirill A. Elfimov <https://orcid.org/0009-0002-6635-2642>
Даниял К. Дандамаев / Daniyal K. Dandamaev <https://orcid.org/0009-0007-7652-8628>
Заира Р. Шахбанова / Zaira R. Shakhbanova <https://orcid.org/0009-0007-6496-8175>
Алексей В. Тотменин / Alexey V. Totmenin <https://orcid.org/0000-0002-7418-4872>
Наталья М. Гашникова / Natalya M. Gashnikova <https://orcid.org/0000-0002-0891-0880>