



Дайджест публикаций по АЧС



ВЫПУСК 3
2024

ФИЦВиМ продолжает выпуск серии дайджестов, посвящённых африканской чуме свиней (АЧС).

В представленном выпуске дайджеста изложена краткая информация об исследованиях, опубликованных в отечественной и зарубежной литературе за период с июля по сентябрь 2024 года в рамках тем «Дикие кабаны», «Диагностика», «Оценка риска, эпиднадзор», «Вакцинология АЧС».

Получение новых знаний о характеристике вируса АЧС, исследованиях в популяции дикого кабана, диагностике, мерах контроля и вакцинации будет способствовать выбору эффективных стратегий в борьбе с АЧС на территории РФ.

Дайджест предназначен для ветеринарных специалистов государственной и производственной ветеринарной службы, специалистов государственного управления охотничьим хозяйством, руководителей и специалистов свиноводческих предприятий, а также представляет практический интерес для собственников разного уровня, вовлеченных в производство свиноводческой продукции.

Для перехода на сайт с полнотекстовыми вариантами статей необходимо нажать на заголовок публикации в тексте дайджеста.

Все выпуски дайджестов можно найти на нашем официальном сайте <https://ficvim.ru/> в разделе «Ежеквартальные дайджесты по АЧС» и информационном портале <https://epinfontn.ficvim.ru/>

Распространение документа или его части возможно только со ссылкой на ФГБНУ ФИЦВиМ.

Фото для обложки сгенерировано с помощью нейросети.

ДИКИЕ КАБАНЫ

- Улучшенная стабильность и специфичность приманок для перорального введения веществ дикому кабану.....5
- Восприятие и практические действия шведских охотников на кабанов в контексте африканской чумы свиней до возникновения первой вспышки в Швеции.....6
- Сравнительная оценка динамики заболеваемости диких кабанов и домашних свиней, экспериментально инокулированных европейским высоковирулентным вирусом африканской чумы свиней генотипа II штамма «Армения 2007».....7
- Определение мест, где кабаны могут потреблять антропогенные пищевые отходы, с учетом последствий для африканской чумы свиней.....8
- Вызванный падальщиками разброс туш диких кабанов на большие расстояния и его последствия для борьбы с болезнями.....9
- Высокая смертность диких кабанов, связанная с вирусом АЧС у свиней, находящихся на свободном выгуле, в Индии.....10
- Ресурсные изменения в перемещении диких кабанов и их последствия для распространения африканской чумы свиней на Дальнем Востоке России.....11

ДИАГНОСТИКА

- Сверхчувствительный стрип-сенсор для быстрого обнаружения вируса африканской чумы свиней.....12
- ДНК вируса африканской чумы свиней присутствует в некусающих мухах, собранных на фермах, где произошла вспышка заболевания в Румынии.....13
- Характеристика трех штаммов вируса африканской чумы свиней из разных клинических случаев выявила потенциальный механизм ослабления.....14
- Разработка и оптимизация методов отбора проб окружающей среды с поверхностей, загрязненных вирусом африканской чумы свиней, без органических загрязнителей.....15

Предлагаемое обновление субгенотипирования вируса африканской чумы свиней (генотип II) на основе центрального варибельного региона (CVR) российских изолятов.....16

Подходящая стратегия отбора проб для выявления вируса африканской чумы свиней у живых и павших свиней в полевых условиях: ретроспективное исследование.....17

Дуплексный флуоресцентный количественный ПЦР-анализ для различения генотипов I, II и I /II рекомбинантных штаммов вируса африканской чумы свиней в Китае.....18

Пространственно-временной кластерный анализ циркуляции вируса африканской чумы свиней в Калининградской области на основе трех генетических маркеров.....19

ОЦЕНКА РИСКА, ЭПИДНАДЗОР

Эпидемиология и экология лесного цикла вируса африканской чумы свиней в Кении.....20

Роль брюхоногих моллюсков в экологии вируса африканской чумы свиней.....21

Анализ социальных, культурных и экологических факторов, влияющих на реализацию мер биозащиты на мелких коммерческих свиноводческих фермах в Италии в контексте новой вспышки африканской чумы свиней.....22

ВАКЦИНОЛОГИЯ АЧС

Проблемы применения вакцин против африканской чумы свиней в Азии.....23

Совместная делеция многофункциональных генов MGF505-7R и H240R приводит к созданию безопасной и эффективной аттенуированной живой вакцины против вируса африканской чумы свиней.....24

Усовершенствование антигенных эпитопов и вакцинных адъювантов вируса африканской чумы свиней.....25

Генетические вариации вируса африканской чумы свиней: основные проблемы и перспективы.....26

ДИКИЕ КАБАНЫ

Улучшенная стабильность и специфичность приманок для перорального введения веществ дикому кабану

David Relimpio, María del Carmen Serna Moreno, Sergio Horta Muñoz, et al., Improved stability and specificity of baits for oral administration of substances to wild boar. Preventive Veterinary Medicine., doi.org/10.1016/j.prevetmed.2024.106241

Пероральная вакцинация является одним из наиболее эффективных мероприятий по борьбе с болезнями в дикой природе. В результате недавнего глобального возобновления АЧС и продолжающейся классической чумы свиней и туберкулеза животных повышенный интерес вызывает пероральная вакцинация евразийского дикого кабана. В настоящее время описано несколько видов приманок для дикого кабана и диких свиней, но необходима разработка стабильных и персонализированных рецептур. В данной статье предлагается новая рецептура приманки, состоящая в основном из кукурузной муки, корма для поросят, сахара и меда в качестве связующего компонента для получения улучшенной эластичности. Приманка состоит из матрицы без защитных покрытий, имеет полусферическую форму ($\varnothing 3,4 \times 1,6$ см), обладает анисовым ароматом и голубым цветом. Цвет и аромат не влияли на выбор приманки диким кабаном, в то время как окраска приманки способствовала предотвращению употребления ее нецелевыми видами (враповые). Приманки с новым составом оказались более устойчивыми к влажности и высоким температурам, чем предыдущие версии. Моделирование показывает, что приманки с новым составом достаточно эластичны, чтобы противостоять ударам с максимальной высоты 750 м. Таким образом, новый прототип приманки решает несколько проблем предыдущих рецептур, сохраняя при этом формат, который может избирательно употребляться поросятами и взрослыми дикими кабанами.

Восприятие и практические действия шведских охотников на кабанов в контексте африканской чумы свиней до возникновения первой вспышки в Швеции

Chenais, E., Ernholm, L., Brunzell, A.F. et al. Perceptions and practices of Swedish wild boar hunters in relation to African swine fever before the first outbreak in Sweden. BMC Vet Res 20, 320 (2024). doi.org/10.1186/s12917-024-04183-9

Первая вспышка АЧС в Швеции была обнаружена в 2023 году у диких кабанов. Это исследование было проведено до первой вспышки АЧС с целью изучения восприятия и практических действий шведских охотников в отношении АЧС.

В период с октября 2020 года по декабрь 2021 года было проведено интервью со шведскими охотниками на диких кабанов, состоящее из обсуждений в фокус-группах и анкетирования. В режиме онлайн были опрошены шесть фокус-групп, а всем членам Шведской ассоциации охоты и дикой природы была разослана онлайн-анкета с вопросами, касающимися охоты, использования приманки и поездок на охоту. Всего было получено 3244 ответа.

В ходе анализа данных фокус-групп были выявлены три общие темы: готовность охотников участвовать в профилактике АЧС и борьбе с ней, простота и осуществимость имеют решающее значение для осуществления мер отчетности, отбора проб и контроля, а также необходимость большего количества информации и активного участия властей в профилактике АЧС и борьбе с ней.

Выводы: охотничий туризм и использование приманки, вероятно, не представляют серьезного риска для заноса АЧС в популяции диких кабанов в Швеции. Доступность соответствующей информации для каждой заинтересованной стороны и простота отчетности и отбора проб имеют решающее значение для поддержания позитивного взаимодействия охотников.

Сравнительная оценка динамики заболеваемости диких кабанов и домашних свиней, экспериментально инокулированных европейским высоковирулентным вирусом африканской чумы свиней генотипа II штамма «Армения 2007»

Sánchez-Cordón, P.J., Lean, F.Z.X., Batten, C. et al. Comparative evaluation of disease dynamics in wild boar and domestic pigs experimentally inoculated intranasally with the European highly virulent African swine fever virus genotype II strain "Armenia 2007". Vet Res 55, 89 doi.org/10.1186/s13567-024-01343-5

Существуют значительные пробелы в знаниях относительно динамики заражения и патогенеза заболевания АЧС у домашних свиней и диких кабанов, особенно на ранней стадии заражения.

Авторы стремились сравнить домашних свиней и диких кабанов, инфицированных интраназально, чтобы имитировать естественное заражение одним из исходных высоковирулентных изолятов вируса АЧС II генотипа (Армения, 2007).

По сравнению с домашними свиньями, дикие кабаны были более восприимчивы к АЧС, с более коротким инкубационным периодом и более ранним появлением клинических признаков. Одновременно с тем, что дикий кабан достигал конечной точки раньше, чем домашние свиньи, макроскопические поражения у него были менее серьезными. Кроме того, у дикого кабана вирус обнаруживался в тканях раньше. Медиальные ретрофарингеальные лимфатические узлы были идентифицированы как ключевые порталы для заражения вирусом АЧС у обоих подвидов. Вирусный геном не обнаруживался в мазках из носа или ректальной области незадолго до гибели как у домашних свиней, так и у диких кабанов, что свидетельствует об ограниченном выделении вируса при острых инфекциях.

Определение мест, где кабаны могут потреблять антропогенные пищевые отходы, с учетом последствий для африканской чумы свиней

Aguilar-Vega C, Sánchez-Vizcaíno JM, Bosch J. Identifying sites where wild boars can consume anthropogenic food waste with implications for African swine fever. PLoS One. 2024 Aug 8;19(8):e0308502. doi.org/10.1371/journal.pone.0308502

Динамика популяции диких кабанов способствует увеличению численности и распространению данного вида в Евразии, что приводит к росту его взаимодействия с деятельностью человека, а также порождает проблемы с управлением АЧС. Вирус АЧС обладает высокой устойчивостью в ряде инфицированных продуктов из свинины, которые могут быть источником не прямой передачи восприимчивым хозяевам, привыкшим к антропогенным пищевым отходам. Учитывая повсеместное распространение болезни и увеличение числа контактов диких кабанов с людьми данный путь передачи представляет собой угрозу распространения заболевания, в первую очередь на ранее незатронутые территории.

В данном исследовании представлен простой инструмент оценки относительного риска для природных популяций кабана, потенциально потребляющих пищевые отходы. Были определены три группы риска, связанные с городскими районами, путешествиями и отдыхом. Чтобы присвоить относительный риск соответствующей единице риска, авторы учитывали численность населения для группы городских районов и интенсивность движения транспорта для группы риска путешествий. Группа отдыха имела более высокие баллы по шкале риска, за ней следовала группа городских районов.

Более высокий риск был обнаружен на окраинах исследуемой территории, где велико разнообразие природных ландшафтов. Последствия этого риска обсуждаются в контексте передачи АЧС.

Вызванный падальщиками разброс туш диких кабанов на большие расстояния и его последствия для борьбы с болезнями

Janine Rietz, Sophia Ischebeck, Franz J. Conraths, et al., Scavenger-induced scattering of wild boar carcasses over large distances and its implications for disease management, Journal of Environmental Management, Volume 365, doi.org/10.1016/j.jenvman.2024.121554

Животные-падальщики обеспечивают важнейшие экосистемные процессы, такие как ускорение разложения падали за счет потребления туш, воздействие на ткани микроорганизмов и беспозвоночных, разлагающих их, и рециркуляция питательных веществ обратно в экосистему. Некоторые падальщики не потребляют туши на месте, а скорее разбрасывают их останки по окрестностям, что может иметь важные последствия для распространения таких заболеваний как АЧС.

Используя туши и конечности дикого кабана, авторы отслеживали поведение млекопитающих в поисках падали и измеряли расстояния разброса. Они поместили 20 туш (весом до 25 кг) и 21 отдельную конечность, оснащенные передатчиками ультравысокой частоты (УКВ), и отслеживали активность падальщиков с помощью фотоловушек в горном районе на юго-востоке Германии. За исключением одной туши, все остальные туши и конечности были разбросаны. Авторы измерили 72 расстояния разброса (из 89 случаев разброса; среднее = 232 м, максимальное = 1250 м), из которых 75% были разбросаны на расстоянии до 407 м. Падальщики переносили останки в более густую растительность. Наиболее распространенными видами падальщиков были рыжие лисицы (72 случая разброса). Продолжительность в днях до первого случая разброса составляли в среднем 6 - 10 дней.

Такие большие расстояния разброса, более нескольких сотен метров, делают поиск человеком разбросанных частей туш без передатчиков практически невозможным. В будущих исследованиях можно было бы использовать GPS для дистанционного наблюдения, что также позволило бы отслеживать маршруты разброса.

Высокая смертность диких кабанов, связанная с вирусом АЧС у свиней, находящихся на свободном выгуле, в Индии

Sai Balaji, K.G., Karikalan, M., Saravanan, S. et al. High mortality in free-ranging wild boars associated with African swine fever virus in India. Arch Virol 169, 137 (2024). doi.org/10.1007/s00705-024-06065-9

Исследование посвящено характеристике вируса АЧС, связанного со вспышкой заболевания диких кабанов в двух национальных парках на юге Индии в 2022-2023 годах.

Для оценки уровня смертности кабанов в обоих национальных парках, охватывающих территорию около 100 км², начиная от зарегистрированного эпицентра, были проведены обширные поиски и патологоанатомическое исследование туш, а также были генетически охарактеризованы изоляты вируса АЧС.

Результаты свидетельствуют о вторичном заражении кабанов АЧС от домашних свиней, находящихся поблизости, и вирус был одинаково патогенен как для диких кабанов, так и для домашних свиней. Филогенетический анализ на основе гена B646L показал, что изоляты, полученные от погибших диких кабанов на юге Индии, принадлежали к генотипу 2 и образовывали кладу вместе с изолятами из Китая, Монголии и Грузии. Анализ гена EP402R, кодирующего белок CD2v, показал, что преобладающие изоляты у диких кабанов в Южной Индии образуют кладу, которая также включает изоляты 8-й серогруппы из Китая, России, Чешской Республики, Кореи.

Ресурсные изменения в перемещении диких кабанов и их последствия для распространения африканской чумы свиней на Дальнем Востоке России

Waller, S.J., Morelle, K., Seryodkin, I.V., Rybin, A.N., Soutyrina, S.V., Licoppe, A., Hebblewhite, M. and Miquelle, D.G. (2024), Resource-driven changes in wild boar movement and their consequences for the spread of African Swine Fever in the Russian Far East. Wildlife Biology e01276. doi.org/10.1002/wlb3.01276

Знание закономерностей перемещения диких животных имеет неопределимое значение для понимания распространения болезней среди их популяций. В ходе проекта по отслеживанию диких кабанов для обоснования методов оценки численности в Сихотэ-Алинском биосферном заповеднике на Дальнем Востоке России, сочетание высокой изменчивости запасов желудей и кедровых орехов (далее ресурсов) в период с осени 2019 по осень 2020 года и вспышки АЧС в течение последнего года предоставило уникальную возможность исследовать взаимосвязь между перемещениями диких кабанов с целью использования ресурсов и потенциалом распространения болезни. Авторы проанализировали данные о перемещении диких кабанов (13 взрослых самок) в GPS-ошейниках осенью 2019 и 2020 годов и сравнили их со справочными данными по Бельгии, представляющей западную Европу. Были обнаружены значительные различия в характере передвижения: осенью 2020 года дальневосточные дикие кабаны преодолевали большие расстояния (максимум наблюдался в 78,5 км за четыре дня), когда доступность желудей была низкой. В ходе анализа выбора ресурсов обнаружен четкий отбор типов лесов, которые соответствовали породам с большей продуктивностью желудей и шишек (дуб или кедр) в текущем году. Сравнение перемещения отдельных диких кабанов в течение периода 1-7 дней (время между заражением и появлением симптомов АЧС) выявило потенциал быстрого распространения АЧС на большие расстояния, когда дикие кабаны находятся в поисках питания.

Сверхчувствительный стрип-сенсор для быстрого обнаружения вируса африканской чумы свиней

Mengjing ZHANG, Lingling GUO, Xinxin XU, Hua KUANG, Chuanlai XU, Liqiang LIU, An ultrasensitive strip sensor for rapid detection of African swine fever virus, Chinese Journal of Analytical Chemistry, Volume 52, doi.org/10.1016/j.cjac.2024.100416.

Метод иммунохроматографии (тест-полоски) на основе коллоидного золота (Colloidal gold immunochromatographic assay, GICA), основанный на принципе двойного сэндвича антител, обладает хорошей специфичностью, простотой в эксплуатации и высокой скоростью и также подходит для обнаружения вируса АЧС в полевых условиях.

В нашем исследовании в качестве важной мишени для выявления инфекции АЧС был выбран белок Р30, который экспрессируется на ранних стадиях вирусной инфекции и обладает высокой иммуногенностью. Впоследствии был разработан GICA на основе рекомбинантного белка для обнаружения вируса АЧС. Конечный предел обнаружения составлял около 1 нг/мл, что может быть использовано для исследования реальных образцов. При серологическом выявлении АЧС такие методы, как тест-полоски на основе коллоидного золота, играют важную роль как в выявлении, так и в профилактике заболевания. С появлением ослабленных штаммов и атипичных клинических симптомов болезни, повышение чувствительности и специфичности средств диагностики, а также снижение затрат на выявление вируса являются важными направлениями для разработки новых серологических методов диагностики АЧС.

ДНК вируса африканской чумы свиней присутствует в некусающих мухах, собранных на фермах, где произошла вспышка заболевания в Румынии

Balmoş, O.M., Ionică, A.M., Horvath, C. et al. African swine fever virus DNA is present in non-biting flies collected from outbreak farms in Romania. Parasites Vectors 17, 278 (2024). doi.org/10.1186/s13071-024-06346-x

Несколько исследований показали потенциальную причастность некусающих двукрылых насекомых к распространению АЧС на свинофермах, поскольку у них была обнаружена ДНК вируса АЧС. Однако, ни в одном исследовании у двукрылых, собранных на фермах, в которых произошли вспышки АЧС, не оценивалась вирусная нагрузка ДНК и не анализировались факторы риска. Целью исследования был анализ факторов риска, связанных с присутствием некусающих двукрылых, собранных во время вспышек АЧС, в зависимости от наличия и нагрузки вирусной ДНК.

Это исследование предоставляет убедительные доказательства присутствия наиболее распространенных синантропных мух, несущих ДНК вируса АЧС, вблизи домашних свиноферм. Эти результаты показывают факторы, влияющие на распространение АЧС в Румынии, подчеркивая важность целенаправленных мер биозащиты в периоды пиковой численности насекомых и на конкретных типах ферм для предотвращения жизненного цикла насекомых и их распространения.

Характеристика трех штаммов вируса африканской чумы свиней из разных клинических случаев выявила потенциальный механизм ослабления

Zhang, J., Wang, Y., Zhang, K. et al. Characterization of three African swine fever viruses from different clinical settings revealed a potential attenuation mechanism. Animal Diseases 4, 24 (2024). doi.org/10.1186/s44149-024-00130-1

После вспышки АЧС в Китае в 2018 году АЧС эволюционировала и вызывала разнообразные клинические проявления, такие как хронические и бессимптомные инфекции. Поэтому важно понимать молекулярные механизмы, лежащие в основе ослабления вируса АЧС в полевых условиях.

Авторы выделили три вируса АЧС от одной больной и двух бессимптомных свиней (от домашних свиней и от минипигов Вата). Секвенирование генома показало, что все три вируса АЧС были штаммами генотипа II. Эти штаммы, выделенные при различных клинических случаях, демонстрировали схожие фенотипы в культуре клеток. Геномные сравнения между тремя вирусами АЧС позволили предположить, что изменение вирусных генов MGF360 и MGF110, а не EP402R и EP153R, вероятно, вовлечено в потенциальное ослабление вируса АЧС путем регуляции врожденных иммунных реакций.

Эта работа помогает прояснить молекулярные механизмы, лежащие в основе ослабления вируса АЧС в полевых условиях.

Разработка и оптимизация методов отбора проб окружающей среды с поверхностями, загрязненных вирусом африканской чумы свиней, без органических загрязнителей

*Kwon Taeyong, Gebhardt Jordan T., Lyoo Eu Lim, et al. Development and optimization of sampling techniques for environmental samples from African swine fever virus-contaminated surfaces with no organic contaminants. Frontiers in Veterinary Science. VOLUME 11. 2024
doi.org/10.3389/fvets.2024.1425928*

В отличие от биологических жидкостей или образцов тканей, которые являются обычными типами проб для клинического диагностического тестирования, образцы окружающей среды содержат различные ингибиторы, что приводит к снижению чувствительности ПЦР и ложноотрицательным результатам.

С поверхностей из нержавеющей стали, загрязненных кровью, зараженной вирусом АЧС, с помощью различных устройств были взяты и затем обработаны мазки. Для отбора проб использовали три разных устройства, далее проводили выявление вируса АЧС методом количественной ПЦР. Все протестированные образцы дали положительный результат. Самое высокое обнаружение вируса АЧС было отмечено в образцах, взятых с сухого и влажного тампонов, между которыми не было выявлено существенной разницы. Предварительной инкубации в течение короткого периода времени и центрифугирования на низкой скорости было достаточно для обеспечения удовлетворительной диагностической чувствительности обнаружения вируса АЧС с использованием количественной ПЦР для проб окружающей среды.

Одним из важных выводов этого исследования было то, что центрифугирование на высокой скорости и фильтрация снижают чувствительность обнаружения вируса АЧС в пробах окружающей среды. Напротив, низкоскоростное центрифугирование проб окружающей среды не оказало влияния на обнаружение ДНК вируса АЧС.

Предлагаемое обновление субгенотипирования вируса африканской чумы свиней (генотип II) на основе центрального переменного региона (CVR) российских изолятов

Chernyshev, R., Igolkin, A., van Schalkwyk, A. et al. A proposed update of African swine fever virus (genotype II) subgenotyping based on the central variable region (CVR) of Russian isolates. Arch Virol 169, 147 (2024). doi.org/10.1007/s00705-024-06064-w

Молекулярная эпидемиология АЧС становится чрезвычайно актуальной темой в связи с распространением вируса АЧС генотипа II по Евразии. Изоляты вируса АЧС группируются и отслеживаются посредством анализа их последовательностей центрального переменного региона (CVR).

В этом исследовании были проанализированы последовательности 70 изолятов вируса АЧС, собранных из разных регионов России в период с 2018 по 2022 годы. Анализ, основанный на последовательностях CVR, показал, что изоляты принадлежали к трем различным группам. Группа 1 на 100% идентична последовательности изолята Georgia 2007/1. Авторы идентифицировали новую и уникальную для Дальнего Востока группу (группа 13), в которую вошли пять изолятов из Амурской, Хабаровской и Приморской областей в 2020-2022 годах, которые ранее не были описаны.

Так как дальний Восток России – это регион в Северо-Восточной Азии, являющийся самой восточной частью России и азиатского континента, имеющий общие сухопутные границы с Монголией, Китаем и Северной Кореей, важно отслеживать подтипы CVR, циркулирующие в этом регионе, из-за возможного трансграничного проникновения вируса.

Подходящая стратегия отбора проб для выявления вируса африканской чумы свиней у живых и павших свиней в полевых условиях: ретроспективное исследование

Li Xiaowen, Hu Zhiqiang, Tian Xiaogang, Fan Mingyu, Liu Qingyuan, Wang Xinglong. A suitable sampling strategy for the detection of African swine fever virus in living and deceased pigs in the field: a retrospective study. Frontiers in Veterinary Science. doi.org/10.3389/fvets.2024.1419083

Мониторинг вируса АЧС имеет первостепенное значение для предотвращения его распространения и контроля над ним. Целью исследования было определение подходящей стратегии отбора проб для выявления вируса АЧС у живых и павших свиней в полевых условиях.

Ряд образцов, включающий ткани, полученные от павших свиней, а также сыворотку и мазки из миндалин живых свиней, были собраны и исследованы с использованием метода количественной ПЦР. Результаты показали, что лимфатические узлы нижней челюсти демонстрируют самую высокую вирусную нагрузку среди поверхностных тканей, что указывает на их потенциальную пригодность для выявления вируса АЧС у павших свиней. Кроме того, корреляции между вирусными нагрузками в различных тканях продемонстрировали, что образцы мазка из миндалин являются подходящим образцом для мониторинга живых свиней. Эти результаты указывают на два оптимальных варианта проб для выявления АЧС: нижнечелюстные лимфатические узлы у павших свиней и мазки с миндалин у живых свиней.

Вирусная нагрузка была значительно выше в глубоких тканях (легких и селезенке). Из поверхностных тканей (миндалины, паховые лимфатические узлы и нижнечелюстные лимфатические узлы) нижнечелюстные лимфатические узлы демонстрировали самую высокую вирусную нагрузку, уступая только легким и селезенке. Однако для получения образцов из глубоких тканей требуется вскрытие туш, что может привести к контаминации помещений.

Дуплексный флуоресцентный количественный ПЦР-анализ для различения генотипов I, II и I/II рекомбинантных штаммов вируса африканской чумы свиней в Китае

Zhiqiang Hu, Ranran Lai, Xiaogang Tian, Ran Guan, Xiaowen Li. A duplex fluorescent quantitative PCR assay to distinguish the genotype I, II and I/II recombinant strains of African swine fever virus in China. Front. Vet. Sci., 04 June 2024 Sec. Veterinary Infectious Diseases doi.org/10.3389/fvets.2024.1422757

В Китае АЧС присутствует более шести лет, при этом в полевых условиях преобладают три генотипа штаммов: генотип I, генотип II и рекомбинантные штаммы генотипа I/II. Чтобы дифференцировать эти три генотипа вируса АЧС, был разработан метод дуплексной флуоресцентной количественной ПЦР с использованием специфических зондов и праймеров.

Методология, изложенная в этом исследовании, в первую очередь подходит для двух ключевых применений. Во-первых, он позволяет точно идентифицировать положительные образцы, полученные от свиней с предполагаемыми клиническими симптомами, включая мазки из горла, образцы крови и тканей, облегчая фермерам и ветеринарам точную оценку вируса на ранних стадиях инфекции. Во-вторых, точная идентификация образцов, относящихся к окружающей среде свиноферм, может помочь фермерам и ветеринарам в осуществлении конкретных мер биозащиты до начала заражения на ферме, тем самым предотвращая возникновение АЧС.

Пространственно-временной кластерный анализ циркуляции вируса африканской чумы свиней в Калининградской области на основе трех генетических маркеров

Чернышев Р.С., Иголкин А.С., Шотин А.Р., Зиняков Н.Г., Колбин И.С., Садчикова А.С., Лаврентьев И.А., Груздев К.Н., Мазлум А. Пространственно-временной кластерный анализ циркуляции вируса африканской чумы свиней (Asfarviridae: Asfivirus) в Калининградской области на основе трех генетических маркеров // Вопросы вирусологии. - 2024. - Т. 69. - №3. - С. 241-254. doi.org/10.36233/0507-4088-231

Стремительное распространение АЧС в Калининградской области обуславливает необходимость использования методов молекулярной эпизоотологии для определения динамики и вектора распространения инфекции в данном субъекте России.

Цель работы – установить характер однонуклеотидного полиморфизма генов K145R, O174L, MGF 505-5R у изолятов вируса АЧС, выделенных в Калининградской области, и изучить циркуляцию возбудителя в странах Восточной Европы методом субгенотипирования и пространственно-временного кластерного анализа.

В качестве образцов биологического материала использовали пробы крови от живых и органов от павших домашних свиней и диких кабанов, отобранные в Калининградской области в 2017–2022 гг. Установлена циркуляция на территории субъекта-эксклава Российской Федерации вируса АЧС, принадлежащего двум генетическим кластерам: эпизоотическому (K145R-III, MGF 505-5R-II, O174L-I – 94,3% от изученных изолятов) и спорадическому (K145R-II, MGF 505-5R-II, O174L-I – 5,7%).

Необходимо совершенствование молекулярно-эпизоотологического мониторинга генетических вариантов вируса АЧС в странах евро-азиатского континента на основе маркерных фрагментов генома внутри генотипа II, что позволит проводить наиболее детальный анализ распространения АЧС.

Эпидемиология и экология лесного цикла вируса африканской чумы свиней в Кении

Vincent Obanda, Mercy Akinyi, Edward King'ori, et al., Epidemiology and ecology of the sylvatic cycle of African Swine Fever Virus in Kenya, Virus Research, Volume 348, 2024, 199434, doi.org/10.1016/j.virusres.2024.199434

Целью исследования было определить встречаемость вируса АЧС и распространение серопревалентности в популяциях бородавочников, клещевых переносчиков и степень зараженности клещами нор бородавочников, а также генотипы вируса АЧС у мягких клещей в Кении.

Общая серопревалентность вируса АЧС у бородавочников составила 87 %, у клещей *Ornithodoros porcinus* - 5 %. Всего было обследовано 228 нор бородавочников и извлечено 2154 аргасовых клеща. Клещи из заповедников Kigio Farm и Lewa Wildlife Conservancies были положительными на вирус АЧС. Клещи были инфицированы вирусом генотипа IX, и их распространение совпадает с регионами предыдущих вспышек АЧС у домашних свиней.

Результаты свидетельствуют о том, что инфицированный вид *Ornithodoros*, по-видимому, обладает богатым виромом, который еще не изучен, но может быть использован для контроля АЧС в Кении. Также результаты свидетельствуют о лесном цикле вируса АЧС IX генотипа, который через передачу клещами *Ornithodoros porcinus* привел к высокому заражению взрослых обыкновенных бородавочников. Одновременная циркуляция вируса АЧС IX генотипа в местах вспышек АЧС у домашних свиней и выявленная у клещей акцентирует внимание на роли клещей как посредника в передаче вируса свиньям и бородавочникам.

Poghosyan, A., Hakobyan, S., Avagyan, H. et al. The role of gastropods in African swine fever virus ecology. Virol J 21, 180 (2024). doi.org/10.1186/s12985-024-02444-5

Вирус АЧС продемонстрировал способность длительное время выживать в окружающей среде без популяции восприимчивых хозяев, как свиней, так и мягких клещей *Ornithodoros*. Опубликованные данные показали, что вирусы АЧС сохраняются значительно дольше в среде с некоторыми пресноводными улитками.

В этом исследовании изучалась выживаемость вируса АЧС в присутствии пресноводных брюхоногих моллюсков. Данные совместного культивирования 9 видов пресноводных брюхоногих моллюсков с вирусом АЧС показывают более длительную выживаемость в окружающей среде в присутствии большинства исследованных брюхоногих моллюсков. Вирус в больших количествах и в течение более длительного времени выделялся из тел брюхоногих моллюсков и фекалий, чем из культуральной воды.

Большинство изученных генов вируса АЧС демонстрируют значительные уровни экспрессии в телах пресноводных улиток *Melanoides tuberculata*, *Tarebia granifera*, *Pomacea bridgesii* и *Physa fontinalis*. Вирус, выделенный из всех фекалий брюхоногих моллюсков, был способен вызвать продуктивную инфекцию в макрофагах в то время как вирус отсутствовал в контрольной популяции (вода без брюхоногих моллюсков) по крайней мере в течение 2 недель. Однако попытки заразить свиней оказались безуспешными. Вероятно, это было связано с использованной инфекционной дозой. Брюхоногие моллюски занимают довольно важное место в рационе диких кабанов, и, вероятно, у домашних свиней при свободном выпасе. Следовательно, нельзя исключить возможность передачи вируса при наличии брюхоногих моллюсков в рационе свиней.

Анализ социальных, культурных и экологических факторов, влияющих на реализацию мер биозащиты на мелких коммерческих свиноводческих фермах в Италии в контексте новой вспышки африканской чумы свиней

Sarah H. Whitaker, Alessandro Mannelli, Uriel Kitron, Silvia Bellini. An analysis of the social, cultural, and ecological factors that affect the implementation of biosecurity measures on smallholder commercial swine farms in Italy in the context of an emerging African Swine Fever outbreak, Preventive Veterinary Medicine, Volume 229, doi.org/10.1016/j.prevetmed.2024.106238

В начале 2022 года вирус АЧС был обнаружен у дикого кабана в Апеннинских горах материковой Италии. В дальнейшем вирус распространился от дикого кабана к домашним свиньям. Для контроля распространения АЧС требуется эффективная система надзора и внедрение строгих мер биозащиты на фермах, однако они неравномерно реализуются во всех системах животноводства. Было обнаружено, что в Апеннинских горах Италии небольшие коммерческие фермы имеют низкий уровень биозащиты, несмотря на то, что они расположены в районах с высокой плотностью диких кабанов и, следовательно, являются местами высокого риска потенциального проникновения вируса АЧС и его последующего распространения.

Были проведены интервью с фермерами, в ходе которых выявлены социальные, культурные и экологические факторы, влияющие на внедрение мер биозащиты на небольших коммерческих свиноводческих фермах на Апеннинах. Фермеры выразили осведомленность о приоритетных мерах биозащиты и общую готовность следовать правилам и предписаниям. Однако применение мер на практике на разных фермах было неравномерным. Экономические, политические и экологические факторы, а также представления фермеров о биозащите оказались важными факторами, влияющими на внедрение мер биозащиты.

Проблемы применения вакцин против африканской чумы свиней в Азии

Auer, A.; Cattoli, G.; Padungtod, P.; Lamien, C.E.; Oh, Y.; Jayme, S.; Rozstalnyy, A. Challenges in the Application of African Swine Fever Vaccines in Asia. Animals 2024, doi.org/10.3390/ani14172473

В этом документе исследуется значение качественных вакцин для борьбы с АЧС в Азии, где она представляет существенную угрозу для отрасли свиноводства. Подчеркиваются риски, связанные с некачественными вакцинами, включая появление новых штаммов вируса, которые затрудняют борьбу с заболеванием. Освещая последние достижения в области внедрения вакцин во Вьетнаме, в документе содержится призыв к тщательному тестированию и соответствию нормативным актам, гарантирующим эффективность и безопасность вакцины. Несмотря на потенциальное использование вакцин для борьбы с болезнью, опасения по поводу безопасности живых ослабленных вакцин, включая их способность восстанавливать вирулентность или создавать новые рекомбинантные штаммы, подчеркивают сложность борьбы с АЧС. Авторы выступают за внедрение вакцин с включением метода дифференциации инфицированных животных от вакцинированных, который улучшает стратегии управления заболеванием как в эндемичных, так и неэндемичных регионах. В заключении подчеркивается необходимость строгих стандартов при разработке вакцин и строгого соблюдения нормативных рекомендаций для обеспечения успешной борьбы с АЧС и поддержания общественного доверия к вакцинам.

Совместная делеция многофункциональных генов MGF505-7R и H240R приводит к созданию безопасной и эффективной аттенуированной живой вакцины против вируса африканской чумы свиней

Changjiang Weng, Li Huang, Guangqiang Ye, Joint deletion of multifunctional MGF505-7R and H240R genes generates a safe and effective African swine fever virus attenuated live vaccine candidate, Virologica Sinica, doi.org/10.1016/j.virs.2024.04.007

Геном вируса АЧС HLJ/18 содержит более 180 генов. За последние 30 лет ученые подтвердили, что определенные гены вируса АЧС, особенно те, которые отвечают за врожденный иммунный ответ хозяина, связаны с вирулентностью штаммов вируса АЧС. Хотя полная деактивация этих генов не влияет на репликацию вируса, она снижает вирулентность вируса АЧС у свиней. В клинических условиях у свиней, иммунизированных естественно аттенуированными штаммами вируса АЧС или генно-инженерными живыми аттенуированными вакцинами-кандидатами, может наблюдаться виремия или более низкие уровни репликации вируса в лимфатических узлах, что обеспечивает частичную или полную защиту.

Основываясь на этих результатах, авторы предлагают новую концепцию, согласно которой иммуномодулирующие гены вируса АЧС, участвующие в выработке интерферона I типа (IFN), передаче сигналов IFN-JAK-STAT, воспалительных реакциях, гибели клеток (участвующих в апоптозе, некрозе и пироптозе) и аутофагии, могут быть связаны с патогенностью вируса АЧС. Авторы идентифицировали MGF505-7R и H240R как ключевые гены вирулентности, определяющие патогенность штамма ASFV HLJ/18. Делеция MGF505-7R, H240R по отдельности или обоих генов ослабляет вирулентность вируса АЧС HLJ/18 у свиней.

Wu, Q.; Li, C.; Zhu, B.; Zhu, J.; Yang, K.; Liu, Z.; Liu, W.; Gao, T.; Yuan, F.; Guo, R.; et al. Advancement in the Antigenic Epitopes and Vaccine Adjuvants of African Swine Fever Virus. Pathogens 2024, doi.org/10.3390/pathogens13080706

Антигенные эпитопы, распознаваемые Т-клетками и В-клетками иммунной системы, играют ключевую роль в противовирусном иммунном ответе. Идентификация и характеристика этих антигенных эпитопов может дать ценную информацию об иммунном ответе против АЧС и помочь в разработке инновационных иммунотерапевтических стратегий. Вакцинные адъюванты, вещества, усиливающие специфический иммунный ответ организма на антигены, также играют решающую роль. По сравнению с традиционными вакцинами, эпитопные вакцины более безопасны, нетоксичны, стабильны и могут более непосредственно вызывать иммунный ответ против патогенных микроорганизмов. Эпитопные вакцины на основе множества эпитопных пептидов также могут решить проблему низкой сохранности эпитопов штаммов разного генотипа и вызывать более сильные иммунные реакции. Однако для АЧС разработка диагностических средств и вакцин на основе множественных эпитопов все еще недостаточна. Поскольку многоэпитопные вакцины основаны на отборе антигенных эпитопов и иммунном ответе эпитопов, прошедших компьютерный скрининг, они подходят для разработки универсальных вакцин против различных генотипов вируса АЧС, ускоряя процесс разработки вакцины и снижая ее стоимость.

В данной статье представлен обзор прогресса в изучении эпитопов Т/В -клеток в белках вируса АЧС и адъювантах вакцины против АЧС, а также подчеркивается их роль в иммунном ответе. Здесь описаны основные потенциальные антигенные белки вируса АЧС и методы точного определения Т- и В-клеточных эпитопов антигенов вируса АЧС, предоставляя подробные данные о локализации этих эпитопов.

Chen, S.; Wang, T.; Luo, R.; Lu, Z.; Lan, J.; Sun, Y.; Fu, Q.; Qiu, H.-J. Genetic Variations of African Swine Fever Virus: Major Challenges and Prospects. Viruses 2024, 16, 913. doi.org/10.3390/v16060913

Общая тенденция эволюции вируса АЧС направлена на снижение вирулентности и повышение трансмиссивности. Вирусным вариациям способствуют такие факторы, как мутации генов, вирусная рекомбинация и штаммоспецифичность генов, ассоциированных с вирулентностью.

В этом обзоре подробно обсуждается влияние этих факторов на уклонение от вирусного иммунитета, патогенность и вытекающие из этого сложности, возникающие при разработке вакцины, выявлении заболевания и эпиднадзоре. Цель обзора - тщательно изучить закономерности генетической эволюции и механизмы вариации вируса АЧС, обеспечивая теоретическую основу для продвижения вакцинных и диагностических технологий. Рассмотрены два основных способа генетической изменчивости при АЧС: мутация и рекомбинация. Основные тенденции генетической эволюции АЧС: снижение вирулентности и увеличение способности к распространению вируса. Подробно рассмотрены стратегии борьбы с АЧС.

Хотя различные стратегии обещают создание эффективных вакцин против АЧС для коммерческих популяций свиней, генетическое разнообразие вируса представляет серьезную проблему. Таким образом, для борьбы с заболеванием недостаточно полагаться исключительно на вакцины.