

DOI

УДК 636.082:577.21

АНАЛИЗ ОТЕЧЕСТВЕННЫХ ИЗОЛЯТОВ ВИРУСА АФРИКАНСКОЙ ЧУМЫ СВИНЕЙ ПО ГЕНЕТИЧЕСКОМУ МАРКЕРУ EP402R

А. К. Сибгатуллова, А. И. Даминова, С. В. Тюлькин

Реферат. В последнее время большой интерес представляет проблема конвергентной эволюции возбудителей (вирусы, бактерии) и макроорганизма. В свою очередь, изучение эволюционной изменчивости, с точки зрения вироцентрической модели эволюции, может стать дополнительным звеном в определении направления эволюции жизни в целом. Дальнейшее изучение генетической вариабельности генов вируса АЧС и определение корреляции между свойствами вируса, территориальной принадлежностью и сроками персистенции позволят получить молекулярно - эпизоотологическую картину распространения заболевания на территории Российской Федерации. Маркерный ген EP402R, кодирующий белок CD2v, как известно, обуславливает гемадсорбирующие свойства вируса АЧС, участвует в клеточной адгезии, а также связан с вирулентностью и модуляцией иммунного ответа. С целью обнаружения изменений в маркерном гене EP402R вируса АЧС нами была произведена выборка из двадцати двух изолятов выделенных в Российской Федерации с 2017 по 2018 гг. ДНК вируса АЧС была выделена из всех выбранных изолятов и проведена ПЦР гена EP402R вируса АЧС с последующей экстракцией полученных нуклеиновых кислот из агарозного геля. Выравнивание последовательностей выполнялось с использованием программы «Bioedit» и алгоритма «ClustalW». Секвенирование нуклеотидных последовательностей проводилось с применением специфических праймеров для фрагмента гена EP402R вируса АЧС. В ходе нашей работы было установлено, что изоляты выделенные от домашних свиней и диких кабанов не содержали генетических изменений по гену EP402R. Эта область генома оказалась идентичной исходному полногеномному референс-штамму «Georgia 2007/1».

Ключевые слова: африканская чума свиней, ген EP402R, изоляты, штаммы, домашние свиньи, дикие кабаны, маркерный ген.

Введение. Африканская чума свиней (АЧС) – это геморрагическая болезнь домашних свиней и диких кабанов (Suidae). Вирус АЧС представляет собой крупный икосаэдрический, двухцепочечный ДНК вирус, содержащий 170-190 тыс. п.н. в зависимости от штамма [1, 2].

Высокая смертность среди домашних свиней приводит к серьезным экономическим потерям в свиноводстве [3].

Домашние свиньи и европейские дикие кабаны высоко восприимчивы к заболеванию и при первичном ее попадании в их популяцию отмечают, как правило, острую и подострую формы болезни, с высокой летальностью, достигающей 100% [4]. Контроль вируса АЧС органичен применением диагностических тестов и противоэпизоотическими мероприятиями в связи с отсутствием безопасных и эффективных средств защиты животных от этой болезни [5, 6].

На сегодняшний день известно, что вирус АЧС имеет 24 генотипа [7]. На данный момент на территории Российской Федерации циркулирует вирус АЧС, относящийся ко II генотипу и 8 сероиммунотипу [4].

Изучение различных штаммов и изолятов относящихся к различным генотипам вируса АЧС с применением филогенетического анализа и молекулярно-генетического анализа близких по структуре генов в дальнейшем позволит изучить связи между вирусами и их распространением в пространстве и времени [8]. Изучение молекулярно-генетических характеристик позволит лучше изучить и контролировать процессы генетической изменчивости и разнообразия вируса

АЧС и подобрать изоляты и штаммы, которые могли быть использованы при разработке вакцин [9].

Цель исследования – провести анализ нуклеотидных последовательностей отечественных изолятов вируса африканской чумы свиней по гену EP402R.

Условия, материалы и методы. Исследование осуществлялось на базе ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр вирусологии и микробиологии». Объектами исследования являлись 20 отечественных изолятов вируса АЧС выделенных на территории Российской Федерации в 2017 г. Материалом для выделения ДНК вируса АЧС были использованы селезенка, лимфоузлы и костный мозг. Подтверждали наличие генома вируса АЧС в образцах с помощью ПЦР в режиме реального времени. Для выделения ДНК из патматериала использовали набор «ДНК-сорб» (Интерлабсервис, Россия), согласно инструкции производителя. Геном вируса АЧС выявляли методом полимеразной цепной реакции в реальном времени (ПЦР РВ) на амплификаторе CFX96 (BioRad, США) с помощью праймеров и зонда [10]. Оптимальный температурный режим и количество циклов для прибора «CFX 96» составлял: 3 мин денатурации при температуре 94°C; отжиг праймеров при 53°C – 30 сек, элонгация при 72°C – 45 сек. (40 циклов).

Анализ продуктов амплификации осуществляли методом электрофореза в 1,5 % агарозном геле, содержащим интеркалирующий краситель бромистый этидий с последующим учетом на ChemiDoc MP («BioRadLaboratories», США). Электрофорез

проводили при силе тока 50 мА и напряжении 150 В течение 40 минут. ДНК визуализировали на документирующей системе «ChemiDoc MP» («Bio-RadLaboratories», США) в ультрафиолетовом свете с длиной волны 254 нм.

Выделение нуклеиновых кислот из геля, в дальнейшем используемых для постановки ПЦР, секвенирования и рестрикции, проводили согласно методике производителя набора «Cleanup – standard» («Евроген», Россия). Сиквенсовая реакция фрагментов была осуществлена при помощи компонентов «BigDye X Terminator v.3.1.» («AppliedBiosystems», США) в соответствии с инструкцией производителя. Постановку реакции проводили с использованием специфических для определенного фрагмента генома праймеров:

EP402R(ga4124F)-
(5'CTGAATCTAATGAAGAAGA3');

EP402R(ga4698R)-
(5'AAGTCTTTGTAGGTTTTTCGTT) [11].

Анализ нуклеотидных последовательностей гена B602L вируса АЧС проводили в автоматическом секвенаторе «GeneticAnalyzer 3130» («AppliedBiosystems», США) согласно рекомендациям изготовителя.

Сборку и выравнивание полученных нуклеотидных последовательностей фрагментов гена EP402R изолятов вируса АЧС осуществляли с использованием компьютерной программы «BioEdit v.7» [12].

Далее осуществляли сравнение полученных нуклеотидных последовательностей с последовательностями гена EP402R вируса АЧС взятых из базы данных «GenBank» с использованием программы «BLASTN» (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) [13].

Результаты и обсуждение. Маркерный ген EP402R участвует в кодировании вирусного трансмембранного белка CD2v, обладающий структурным и функциональным сходством с мембранным антигеном лимфоцитов CD2, который принимает участие в адгезии клеток и модуляции иммунного ответа [14]. Ген EP402R транскрибируется в инфицированных вирусом клетках свинных макрофагов и культуре клеток Vero в поздние сроки инфекционного цикла.

Известно, что CD2v отвечает за способность к гемадсорбции вируса АЧС, а возникающие делеции в этом гене снижает число эритроцитов, вокруг инфекционной клетки [15].

Принимая участие в клеточной адгезии CD2v способствует повышению вирулентности и модуляции иммунного ответа.

В экспериментах на животных была продемонстрирована его ведущая роль в патогенезе инфекции, тканевом тропизме, иммунном «уклонении» и усилении репликации вируса [16].

Удаление маркерного гена EP402R может привести к различным фенотипическим

результатам *in vivo* в зависимости от штамма вируса АЧС.

Однако возникающая делеция в гене EP402R приводит к полному ослаблению многих вирулентных штаммов у домашних свиней. Обнаруженная делеция этого гена у штамма MalawiLil-20/1 и CN/GS/2018 не привела к ослаблению вирулентности у свиней [17, 18, 19].

В своей работе А. Мазлум с соавт. использовали ген EP402R для изучения распространения вируса АЧСII генотипа среди изолятов циркулировавших в Российской Федерации [20].

Авторами было проведено сравнение нуклеотидных последовательностей пяти отечественных изолятов выделенных на территории РФ в 2014-2016 гг. и пяти польских изолятов взятых из международной базы GenBank. Штамм «Georgia 2007/1» использовали для сравнительного анализа т.к. он являлся родоначальным штаммом, давшим начало распространению вируса АЧС в странах Кавказа и Европы [20].

В результате проведенных исследований, были выявлены изменения в нуклеотидных последовательностях участка гена EP402R у польских и отечественных изолятов вируса АЧС. У изолята «Krasnodar 07/15» были обнаружены замены нуклеотидов с Т/А.

А у изолятов выделенных на территории Польши в ходе анализа были выявлены единичные замены Т/С в позиции 596 и дополнительный нуклеотид С в позиции 605 участка гена EP402R вируса АЧС. Польский изолят Case 42 не содержал замены Т/С.

С целью обнаружения изменений в маркерном гене EP402R вируса АЧС нами была произведена выборка из двадцати двух изолятов выделенных в 2017-2018 годах в трех Федеральных округах (Центральном, Приволжском, и Южном) РФ.

Среди двадцати двух выбранных отечественных изолятов 10 образцов было выделено от домашних свиней и 12 от диких кабанов (табл. 1).

Далее следующим этапом нашей работы являлось выделение ДНК вируса АЧС из всех отечественных изолятов и проведение ПЦР фрагментов генома вируса АЧС, содержащих ген EP402R.

Полученные нуклеотидные последовательности секвенировали с использованием специфических праймеров к маркерному гену EP402R и анализировали с применением программы «Bioedit» и алгоритма «ClustalW». Для сравнения нуклеотидных последовательностей гена EP402R восемнадцати отечественных изолятов был использован полногеномный референс-штамм «Georgia 2007/1» (FR682468.2), который впервые был обнаружен в 2007 году. Этот референтный штамм относится ко II генотипу и 8 серотипу.

ЗООТЕХНИЯ И ВЕТЕРИНАРИЯ

Таблица 1 – Изоляты вируса АЧС использованные в работе

п/п	Дата	Изолят	Место	Вид животного
1.	06.01.2017	Республика Крым	Советский р-н, с. Дмитровка, ГБУ "Кропоткинская краевая ветеринарная лаборатория"	домашняя свинья
2	02.02.2017	Саратовская область	Энгельсовский р-н, Кр. Партизан	домашняя свинья
3.	18.02.2017	Саратовская область	Романовский р-н, М. Карай	домашняя свинья
4.	20.02.2017	Орловская область	Мценский район, д. Хапово	дикий кабан
5	16.03.2017	Самарская область	Хворостянский р-н, с. Гремячка	домашняя свинья
6.	04.04.2017	Московская область	Раменский р-н, с. Константиновское	домашняя свинья
7.	05.04.2017	Московская область	Ленинский р-н, с.п. Молоковское	домашняя свинья
8.	05.06.2017	Волгоградская область	Среднеахтубинский, р-н, х. Бакалда	домашняя свинья
9.	01.08.2017	Белгородская область	г. Белгород, ООО «Муромский лес»	дикий кабан
10.	26.10.2017	Белгородская область	Прохоровский р-н, с. Ржавец	дикий кабан
11	27.10.2017	Белгородская область	Корочанский р-н, с. Соколовка	дикий кабан
12.	13.11.2017	Белгородская область	Шебекинский р-н, с. Шамино	дикий кабан
13.	17.11.2017	Белгородская область	Валуйский р-н,п. Нижние Мельницы	дикий кабан
14.	23.11.2017	Белгородская область	Корочанский р-н, с. Мазино	домашняя свинья
15.	28.11.2017	Белгородская область	Корочанский р-н, с. Мазикино 28/04/18	дикий кабан
16.	08.12.2017	Белгородская область	Шебекинский р-н, с. Зимовное х. Новая заря	дикий кабан
17.	08.12.2017	Белгородская область	Корочанский р-н, с. Ивица	дикий кабан
18.	04.04.2018	Белгородская область	Новооскольский р-н	дикий кабан
19.	10.04.2018	Саратовская область	Хвалынский р-н, с. Елшанка.	домашняя свинья
20.	12.04.2018	Республика Крым	Белогорский район, с. Межгорье	дикий кабан
21.	28.04.2018	Белгородская область	Щебекинский р-н, с. Батрацкая Дача	дикий кабан
22.	18.07.2018	Белгородская область	Щебекинский р-н, с. Булановка.	домашняя свинья

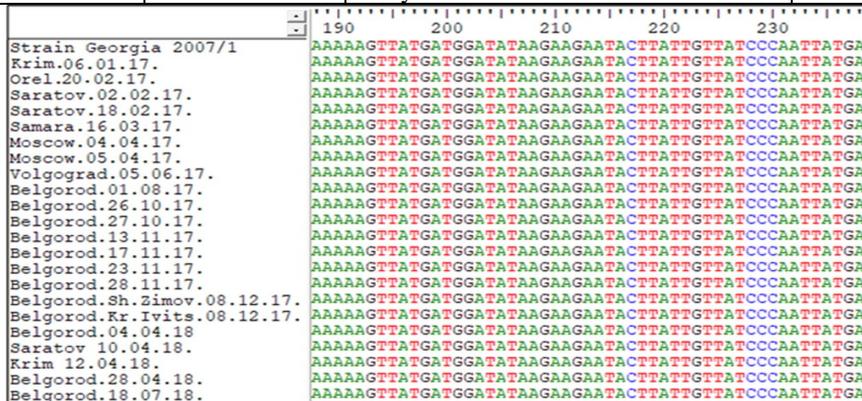


Рис. 1 – Выравненные фрагменты нуклеотидных последовательностей гена EP402R изолятов с 2017 по 2018 гг. вируса АЧС

Анализ нуклеотидных последовательностей представленных изолятов по фрагменту гена EP402R не выявил изменений по сравнению с референтным штаммом «Georgia2007/1» (FR682468.2) (рис. 1).

Таким образом, в результате проведенного нами исследования всего было проанализировано двадцать два отечественных изолятов вируса АЧС. Полученные нами данные в ходе анализа по маркерному гену EP402R позволяют утверждать о том, что изоляты циркулировавшие на территории России с 2017 по 2018 гг. не обладали генетической вариабельностью данного гена.

Выводы. Таким образом, исследования в данном направлении являются реальным шагом на пути к формированию системы

геномных маркеров, которые можно использовать для обнаружения и отслеживания эволюции возбудителя АЧС. Отечественные изоляты вируса АЧС циркулировавшие с 2017 по 2018 гг. в трех Федеральных округах (Центральном, Приволжском, и Южном) являются генетически стабильными по фрагменту маркерного гена EP402R.

Резюмируя вышесказанное, основными направлениями в области изучения биологии вирусов являются изучение функций отдельных генов, их роли во взаимодействии с клеткой-хозяином и влияние на эволюционную изменчивость, как самого вируса, так и восприимчивого организма.

Работа выполнена при поддержке гранта Президента РФ МК-2000.2017.11 от 22.02.17.

Литература

1. Current status of African swine fever virus in a population of wild boar in Eastern Poland (2014–2015) / G. Wozniakowski, E. Kozak, A. Kowalczyk et al. // Arch. Virol. 2016. Vol. 161. P.189–195. DOI: 10.1007/s00705-015-2650-5.
2. Африканская чума свиней на территории Российской Федерации: экономические последствия / В.М. Гуленкин, И.М. Клиновицкая, О.Н. Петрова и др. // Ветеринария сегодня. 2017. №4. С. 23 – 27.
3. Груздев К. Н., Закутский Н. И., Диев В. И. Африканская чума свиней: современное состояние, эпидемиология и меры борьбы (аналитический обзор) // Ветеринарный врач. 2017. №5. С. 3-10.
4. ICTV Virus Taxonomy Profile: Asfarviridae / C. Alonso, M. Borca, L. Dixon et al. // J. Gen. Virol. 2018. Vol. 99, № 5. P. 613-614.
5. Макаров В.В. Африканская чума свиней / Макаров В. В. – М.: РУДН, 2011. 268 с.
6. Изотова О. Г., Горячева М. М. Африканская чума свиней как угроза отечественному свиноводству // Современные проблемы инновационного развития науки. Сборник статей Международной научно-практической конференции. – Уфа: ОМЕГА–САЙНС, 2017. С.274-276.
7. Mazur–Panasiuk, N. The first complete genomic sequences of African swine fever virus isolated in Poland / N. Mazur–Panasiuk, G. Woźniakowski, K. Niemczuk // Scientific Reports. 2019. Vol. 9. № 1. P. 4556.
8. Genetic characterization of African swine fever virus isolates from soft ticks at the wildlife/domestic interface in Mozambique and identification of a novel genotype / Quembo C.J., Jori F., Vosloo W. et al. // Transbound. Emerg. Dis. 2018. Vol. 65, № 2. P. 420-431.
9. Phylogeographic analysis of African swine fever virus, Western Europe, 2018 / M. Garigliany, Desmecht D., Tignon M. et al. // Emerg. Infect. Dis. 2019. Vol. 25, P. 184 –186.
10. Кудряшов Д.А., Бурмакина Г.С., Титов И.А. и др. Олигонуклеотидные праймеры и флюоресцентный зонд с внутренним газителем, комплементарные участку гена P30 (CP204L) вируса африканской чумы свиней, для использования в полимеразной цепной реакции в режиме реального времени. МПК7С12Q 1/68 // Патент РФ № 2606253, 10.01.2017
11. African swine fever virus CD2v and C- type lectin gene loci mediate serological specificity / A. Malogolovkin, G. Burmakina, E.R. Tulman et al. // The J. Gen. Virol. 2015. Vol. 96, P. 866-873.
12. Hall T. A. BioEdit: a user–friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT // Nucleic Acids Symp. Ser. 1999. Vol. 41. P. 95 – 98. DOI:10.14601/Phytopathol_Mediterr-14998u1.29.
13. A greedy algorithm for aligning DNA sequences / Z. Zhang, S. Schwartz, L. Wagner et al. // Journal of Computational Biology. 2000. Vol. 7, P. 203-214.
14. An African swine fever virus gene with similarity to the T-lymphocyte surface antigen CD2 mediates hemadsorption / M.V. Borca, G.K. Kutish, C.L. Afonso et al. // Virology. 1994b. Vol. 199. P. 463-468.
15. Standardization of pathological investigations in the framework of experimental ASFV infections / I. Galindo-Cardiel, M. Ballester, D. Solanes et al. // J. Virus Res. 2013. P. 11.
16. The CD2v protein enhances African swine fever virus replication in the tick vector, Ornithodoros erraticus / R.J. Rowlands et al. // Virology. 2009. Vol. 393, № 2. P. 319-328.
17. BA71ΔCD2: A New Recombinant Live Attenuated African Swine Fever Virus with Cross-Protective Capabilities // P.L. Montenegro, A. Lacasta, E. López et al. // J. Virol. 2017. Vol. 91. DOI: 10.1128/JVI.01058-17.
18. A Seven-Gene-Deleted African Swine Fever Virus Is Safe and Effective as a Live Attenuated Vaccine in Pigs / W. Chen, D. Zhao, X. He et al. // Sci. China Life Sci. 2020. Vol. 3. P. 623–634. DOI: 10.1007/s11427-020-1657-9.
19. Deletion of a CD2-Like Gene, 8-DR, from African Swine Fever Virus Affects Viral Infection in Domestic Swine / M.V. Borca, C. Carrillo, L. Zsak // Virol. 1998. Vol.72. P. 2881–2889. DOI: 10.1128/JVI.72.4.2881-2889.1998.
20. Вирус африканской чумы свиней: использование генетических маркеров при анализе путей его распространения / А. Мазлум, А.С. Иголкин, Н.Н. Власова и др. // Ветеринария сегодня. 2019. №3. С. 3-14.

Сведения об авторах:

Сибгатуллова Адыля Камилевна – ассистент, e-mail: sibgatullova92@mail.ru

Даминова Аниса Илдаровна – кандидат сельскохозяйственных наук, доцент, e-mail: danis14@mail.ru

Казанский государственный аграрный университет, г. Казань, Россия.

Тюлькин Сергей Владимирович – доктор биологических наук, старший научный сотрудник,

e-mail: tulsv@mail.ru

Федеральный научный центр пищевых систем им. В.М. Горбатова Российской Академии Наук, г. Москва, Россия

ANALYSIS OF THE DOMESTIC ISOLATES OF THE AFRICAN SWINE FEVER VIRUS BY THE EP402R GENETIC MARKER

A. K. Sibgatullova, A. I. Daminova, S. V. Tyulkin

Abstract. Recently, the problem of convergent evolution of pathogens (viruses, bacteria) and macroorganism has been of great interest. In turn, the study of evolutionary variability, from the point of view of the virocentric model of evolution, can become an additional link in determining the direction of the evolution of life as a whole. Further study of the genetic variability of the ASF virus genes and the determination of the correlation between the properties of the virus, territorial affiliation and duration of persistence will provide a molecular epizootological picture of the spread of the disease in the Russian Federation. The EP402R marker gene encoding the CD2v protein is known to determine the hemadsorbing properties of the ASF virus, is involved in cell adhesion, and is also associated with virulence and modulation of the immune response. In order to detect changes in the marker gene EP402R of the ASF virus, we made a sample of twenty-two isolates isolated in the Russian Federation from 2017 to 2018. DNA of the ASF virus was isolated from all selected isolates and PCR of the EP402R gene of the ASF virus was performed, followed by extraction of the resulting nucleic acids from agarose gel. Sequence alignment was performed using the Bioedit program and the ClustalW algorithm. Sequencing of nucleotide sequences was carried out using specific primers for the EP402R gene fragment of the ASF virus. In the course of our work, it was found that isolates isolated from domestic pigs and wild boars did not contain genetic changes in the EP402R gene. This region of the genome was found to be identical to the original genome-wide reference strain "Georgia 2007/1".

Key words: african swine fever, EP402R gene, isolates, strains, domestic pigs, wild boars, marker gene

References

1. Current status of African swine fever virus in a population of wild boar in Eastern Poland (2014–2015) / G. Wozniakowski, E. Kozak, A. Kowalczyk et al. // Arch. Virol. 2016. Vol. 161. P.189–195. DOI: 10.1007/s00705-015-2650-5.
2. African swine fever in the territory of the Russian Federation: economic consequences / V.M. Gulenkin, I.M. Klinovitskaya, O.N. Petrova and others // Veterinary science today. 2017. No. 4. pp. 23 - 27.
3. Gruzdev K. N., Zakutsky N. I., Diev V. I. African swine fever: current state, epizootology and control measures (analytical review) // Veterinary doctor. 2017. No. 5. pp. 3-10.
4. ICTV Virus Taxonomy Profile: Asfarviridae / C. Alonso, M. Borca, L. Dixon et al. // J. Gen. Virol. 2018 Vol. 99, No. 5.P. 613-614.
5. Makarov V.V. African swine fever / Makarov V.V. - M.: RUDN, 2011. 268 p.
6. Izotova O. G., Goryacheva M. M. African swine fever as a threat to domestic pig breeding // Modern problems of innovative development of science. Collection of articles of the International scientific-practical conference. - Ufa: OMEGA-SINES, 2017. P.274-276.
7. Mazur–Panasiuk, N. The first complete genomic sequences of African swine fever virus isolated in Poland / N. Mazur–Panasiuk, G. Woźniakowski, K. Niemczuk // Scientific Reports. 2019 Vol. 9. No. 1. P. 4556.
8. Genetic characterization of African swine fever virus isolates from soft ticks at the wildlife/domestic interface in Mozambique and identification of a novel genotype / Quembo C.J., Jori F., Vosloo W. et al.// Transbound. Emerge.Dis. 2018 Vol. 65, No. 2. P. 420-431.
9. Phylogeographic analysis of African swine fever virus, Western Europe, 2018 / M. Garigliany, Desmecht D., Tignon M. et al. // Emerge. Infect. Dis. 2019 Vol. 25, pp. 184-186.
10. Kudryashov D.A., Burmakina G.S., Titov I.A. Oligonucleotide primers and an internal quencher fluorescent probe complementary to the P30 (CP204L) gene region of African swine fever virus for use in real-time polymerase chain reaction. MPK7C12Q 1/68 // RF Patent No. 2606253, 01/10/2017
11. African swine fever virus CD2v and C- type lectin gene loci mediate serological specificity / A. Malogolovkin, G. Burmakina, E.R. Tulman et al. // The J. Gen Virol. 2015. Vol. 96, P. 866-873.
12. Hall T. A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT // Nucleic Acids Symp. Ser. 1999 Vol. 41. R. 95 – 98. DOI: 10.14601/Phytopathol_Mediterr-14998u1.29.
13. A greedy algorithm for aligning DNA sequences / Z. Zhang, S. Schwartz, L. Wagner et al. // Journal of Computational Biology. 2000 Vol. 7, P. 203-214.
14. An African swine fever virus gene with similarity to the T-lymphocyte surface antigen CD2 mediates hemadsorption / M.V. Borca, G.K. Kutish, C.L. Afonso et al. // Virology. 1994b. Vol. 199. P. 463-468.
15. Standardization of pathological investigations in the framework of experimental ASFV infections / I. Galindo-Cardiel, M. Ballester, D. Solanes et al. // J. Virus Res. 2013. P. 11.
16. The CD2v protein enhances African swine fever virus replication in the tick vector, Ornithodoroserraticus / R.J. Rowlands et al. // Virology. 2009 Vol. 393, No. 2. P. 319-328.
17. BA71ΔCD2: A New Recombinant Live Attenuated African Swine Fever Virus with Cross-Protective Capabilities // P.L. Monteagudo, A. Lacasta, E. Lopez et al. // J. Virol. 2017 Vol. 91. DOI: 10.1128/JVI.01058-17.
18. A Seven-Gene-Deleted African Swine Fever Virus Is Safe and Effective as a Live Attenuated Vaccine in Pigs / W. Chen, D. Zhao, X. He et al. //Sci. China Life Sci. 2020 Vol. 3. P. 623–634. DOI: 10.1007/s11427-020-1657-9.
19. Deletion of a CD2-Like Gene, 8-DR, from African Swine Fever Virus Affects Viral Infection in Domestic Swine / M.V. Borca, C. Carrillo, L. Zsak // Virol. 1998. Vol.72. P. 2881–2889. DOI: 10.1128/JVI.72.4.2881-2889.1998.
20. African swine fever virus: the use of genetic markers in the analysis of its spread / A. Mazlum, A.S. Igolkin, N.N. Vlasova and others // Veterinary science today. 2019. №3. pp. 3-14.

Authors:

Sibgatullova Adilya Kamilevna – Assistant, e-mail.ru: sibgatullova92@mail.ru

Daminova Anisa Ildarovna – Candidate of Agricultural Sciences, e-mail. ru: danis14@mail.ru

Kazan State Agrarian University, Kazan, Russia

Tyulkin Sergei Vladimirovich – Doctor of Biological Sciences, Senior researcher, e-mail: tulsv@mail.ru

V.M. Gorbatov Federal Research Center for Food Systems of Russian Academy of Sciences.