

**Генетическое разнообразие вируса лейкоза крупного рогатого скота,  
выделенного в разных районах Новосибирской области**

*Бабошко Дмитрий Алексеевич*

*Аспирант*

Новосибирский национальный исследовательский государственный университет,

Новосибирск, Россия

*E-mail: d.baboshko@g.nsu.ru*

Вирус лейкоза крупного рогатого скота (ВЛКРС) вызывает энзоотический лейкоз крупного рогатого скота. Это заболевание широко распространено в разных странах мира, занимает первое место среди инфекционных болезней крупного рогатого скота. Высокая распространенность ВЛКРС среди особей в отдельных регионах может приводить к потере ценных племенных пород скота, снижению молочной продуктивности и продолжительности жизни. Не исключается возможность роли ВЛКРС в качестве онкогенного агента при возникновении рака молочной железы у женщин.

Целью данного исследования являлось проведение сравнительного анализа пораженности поголовья крупного рогатого скота ВЛКРС и распределение генотипов вируса в разных районах Новосибирской области (НСО).

В рамках данной работы исследовано 497 образцов крови крупного рогатого скота из Коченёвского, Тогучинского, Болотнинского и Татарского районах НСО. С помощью лабораторного набора праймеров получены, расшифрованы и исследованы фрагменты ВЛКРС протяженностью 1000 п.н., кодирующие область гена env.

Из 147 образцов, собранных в частных хозяйствах, положительными по ПЦР анализу были 48 проб (32,6 %). Обнаружены существенные отличия в пораженности коров в населенных пунктах: выявляемость ВЛКРС варьировала от 0% до 79% и носило очаговый характер. Для 200 образцов, собранных в животноводческом хозяйстве, положительными на ВЛКРС были 143 пробы (72%), что говорит о достаточно большой поражённости скота. Данный факт позволил заключить, что наибольшая пораженность ВЛКРС присутствует в крупных животноводческих хозяйствах. Поэтому в дальнейшем сбор образцов производился в крупных хозяйствах Татарского, Тогучинского и Болотнинского районах НСО (по 60 образцов в каждом). Забор крови осуществляли у животных, положительных по РИД анализу на ВЛКРС, из них для 153 образцов были получены фрагменты ВЛКРС.

Филогенетический анализ, выполненный для выделенных ВЛКРС, позволил отнести 260 исследованных ВЛКРС к генотипу 4, 84 вариантов вируса - к генотипу 7. В одном населённом пункте в частных подворьях был обнаружен только 7 генотип ВЛКРС, а 4 генотип был широко распространён в остальных населённых пунктах (Рисунок 1).

**Выводы:**

В НСО циркулируют 4 и 7 генотипы ВЛКРС, первый из них значительно преобладает. Прослеживаются отдельные кластеры ВЛКРС между различными районами НСО, данный факт может быть связан с закупкой племенного скота из других регионов, а также искусственным осеменением. Неправильная стерилизация медицинских инструментов при проведении ветеринарных процедур, татуирование и проколов ушей крупного рогатого скота также может стать причиной распространения ВЛКРС среди животных, на что указывает выявление генетически близких штаммов вируса в хозяйстве или в отдельных населённых пунктах. Результаты данного исследования подтверждают актуальность молекулярно-генетических исследований ВЛКРС для разработки эффективных мероприятий по оздоровлению и мониторингу не только для крупных сельхоз предприятий, но и частных подворий крупного скота в России.

## Иллюстрации

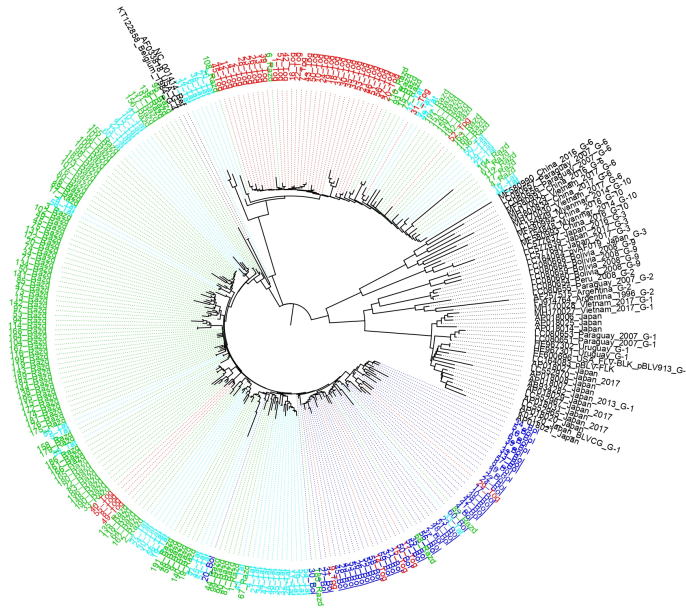


Рис. : Филогенетический анализ последовательностей гена eHV-1 ВЛКРС, выделенных в Татарском, Болотнинском, Коченёвском и Тогучинском районах НСО. Синим цветом обозначены ВЛКРС, собранные в Болотнинском районе. Красным цветом обозначены ВЛКРС, собранные в Тогучинском районе. Зелёным цветом обозначены ВЛКРС, собранные в Коченёвском районе. Бирюзовым цветом обозначены ВЛКРС, собранные в Татарском районе. Черным цветом обозначены референсные последовательности из базы данных GeneBank.