



БЪЛГАРСКА АГЕНЦИЯ ПО БЕЗОПАСНОСТ НА ХРАНИТЕ
ЦЕНТЪР ЗА ОЦЕНКА НА РИСКА

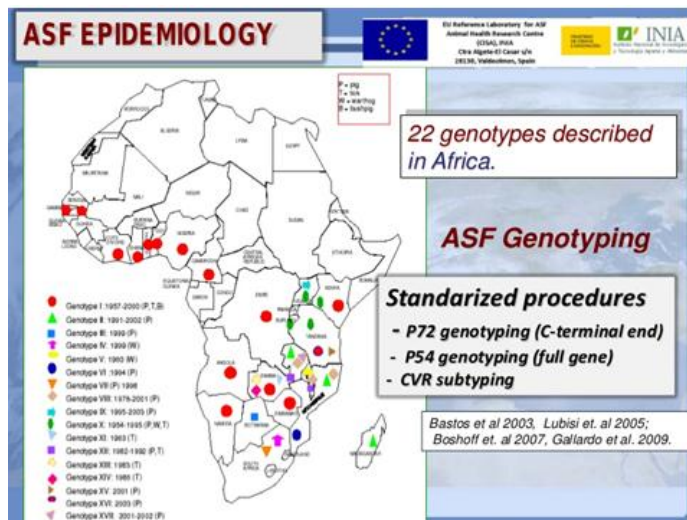
✉ гр. София, 1606, бул. "Пенчо Славейков" № 15А
☎ +359 (0) 2 915 98 20, 📠 +359 (0) 2 954 95 93, www.babh.government.bg

Молекулярно-генетични проучвания на изолати на вируса на АЧС (Genotype II) от Централна и Източна Европа

Проф. д-р Георги Георгиев, д.в.м.н. – експерт в ЦОР/БАБХ

Африканската чума по свинете (АЧС) е силно заразно, остро протичащо вирусно заболяване, характеризиращо се с висока заболяемост и смъртност, силно изразена хеморагична диатеза, продължително вирусоносителство у преболедали свине и разширяващ се глобален ареал на разпространение. АЧС се причинява от ДНК вирус, с един единствен член на семейство *Asfviridae* и на род *Asfivirus*. В антигенно отношение се различават 22 генотипа на този вирус, като всичките се наблюдават в Африка, а само генотип I и II се срещат извън Африканския континент (Фиг.1). Вирусът на АЧС, изолиран в Грузия, Армения и Руската федерация в периода 2007-2008 г. принадлежи към *генотип II*, циркулиращ в Източна Африка. Вирусите от този тип са били изолирани от домашни свине за периода 1993 – 2002г. в Мозамбик и Замбия в източната част на Южна Африка, като същият тип е бил изолиран през 1998г. и на остров Мадагаскар. АЧС е едно от най-тежко протичащите вирусни заболявания по свинете, като някои от генетичните типове на вируса могат да предизвикат до 100% смъртност, както при домашните, така и при дивите свине. Такъв е *генотип II* на вируса, проникнал в Грузия през 2007 г. (Charman *et al.*, 2011), който се разпространи най-напред в страните от Кавказкия регион (Грузия, Армения и Азербейджан) и достига до Ислямска Република Иран (Rahimi *et al.*, 2010), а след това проникна в Руската Федерация (Beltran-Alcrudo *et al.*, 2009). Извън Кавказкия регион епизоотията при дивите свине протичаше едновременно с епизоотията при домашните свине. За периода 2008 - 2012г. Русия докладва средно по 58 (43–68) случая на АЧС при домашните и 27 (15–49) случая при дивите свине годишно. Епизоотичният ход не показва подобрене и заболяването остава ензоотично за южните райони на страната в последните години. В Тверска област на няколко пъти след проява на заболяването при домашни свине от задните дворове се установяваха случаи на АЧС при дивите свине. От юни до август 2012 г. имаше 22 случая на АЧС при домашни прасета (вкл. големи специализирани ферми), указващо за наличие на ензоотичен цикъл на заболяването. Прогресивната географска експанзия на АЧС постепенно въввлекче Новгород (диви прасета), Ярославл (домашни прасета) и Московска област. **Високият брой на случаите на АЧС при дивите прасета в регион с висока плътност на тези животни отбеляза началото на нов ензоотичен тласък с потенциал за целогодишно разпространение между дивите свине в регион с умерен климат.** Зоните, в които вирусът на АЧС е установен могат да се класифицират на три категории: ензоотични (АЧС се обявява в 3 поредни години), спорадични (АЧС се обявява в 2 последователни години) и спорадични (единично

доказване на АЧС с липса на сезонно разпространение). **По такъв начин целият Кавказки регион и южните федерални окръзи на Русия могат да бъдат считани за ензоотични** (приблизително под 50 °N Северна географска ширина).



Фиг.1. Разпространение и генетичен плуралитет на изолатите на АЧС и възможности за молекулярно-биологичното им детерминиране

Високият брой случаи на АЧС в Тверска област, която е с най-висока плътност на популацията от диви свине в РФ, отбелязва началото на нова ензоотична вълна целогодишно разпространение на АЧС в региони с умерен климат и отсъствие на кърлежи.

През м. юли 2012г. вирусът на АЧС проникна в Украйна (Dietze *et al.*, 2012). АЧС бе установена на 30.7.2012 г в Запорожкия район на черноморското крайбрежие в Крим. Вторият и третият случаи (30.12.2013г. и 6.1.2014г.) бяха регистрирани при диви свине на границата с Руската федерация-Ростовска област (която бе засегната от АЧС през 2009 г.). Инфектираните животни са преминали границата след интензивен отстрел с използване на хеликоптери на руска територия. През м. Юни 2013 г. вирусът на АЧС проникна в 2 селища на Беларус. АЧС бе установена при домашни свине в заден двор в района на Гродно, в западната част на страната на 4.7.2013 г. Вторият случай бе в района на Витебск, близо до руската граница При отсъствието на възможност да се прилага ваксинапрофилактика или лечение на заболелите животни единственият начин за контрол бе тоталното унищожаване на заразените и контактните животни и прилагането на строги мерки за ограничаване на придвижването на свине или продукти, добити от тях. Прилагането на тези мерки обаче на практика е трудно (Rosselkhoznaedor, 2012). Допълнително увеличеното унищожаване на животни предполага увеличаване и на икономическите загуби на фермерите и стопанствата. В периода 2007-2012г. в РФ повече от 600 000 свине бяха унищожени, като приблизителните загуби се изчисляват на 1 млрд. US\$ долара (Anonymous, 2012).

От началото на 2014 г. (24 януари), първоначално в Латвия имаше 2 случая на АЧС при диви свине и след това в Полша след 14 февруари 2014 г. - още 4 случая. Те дадоха по-нататъшен ензоотологичен тласък за развитие на АЧС в Централна Европа на територията на ЕС.

От години съществуват методи за генетично типизиране на изолираните вируси на АЧС и те се основават на изследване с помощта на секвентен анализ на

генома в няколко участъка на вирусната ДНК АЧС (Rodriguez JM и сътр. 1992). След екстракция на вирусна ДНК от материали от умрелите прасета – далак, лимфен възел или костен мозък анализът включва изследване на С- крайния участък на **p72 гена** и пълен секвентен анализ на **B602L гена** на вируса. При това изследване са сравнени вирусните изолати от Полша, Литва и Беларус с данните за други изолати на АЧС от домашни и диви свине от РФ и Кавказкия регион, изолирани в периода 2007-2012 г. Изолатите на АЧС от Литва от 2014 г. (LT14/1482, LT14/1490) и от Полша от 2014 г. (Pol14/Sz and Pol14/Krus) образуват единен клъстер с p72 генотип II на АЧС и показват 100% нуклеотидна идентичност с всички изолати от Източна Европа сред 478-bp (би базични двойки) на С края на **p72 гена** и 558-bp (би базични двойки) на цялата дължина на **гена p54** на вируса на АЧС. **По такъв начин се потвърди, че в Източна и Централна Европа от 2007г. и до момента циркулира само един генетичен вариант на вируса на АЧС – p72 генотип II. Това се потвърждава от 100%-та хомоложност на изолатите от Литва, Полша и Беларус вируси на АЧС при анализа на p72 и p54 геномни региони на вирусната ДНК.**

Продължителната циркулация на вируса на АЧС в Кавказ и Русия в периода 2007-2012 г. и бързото му разпространение в съседни на Русия страни от Източна Европа наложиха необходимостта от търсене на допълнителни геномни маркери, които да дадат възможност за по-добро детерминиране на еволюцията и произхода на вирусните щамове при разпространението на АЧС в Европа. Учените от РЛ на ЕС по АЧС във Валдеолмос, Алхете, Испания предложиха изследване на вътрешния (интра-геномен) регион на вирусната ДНК, наречен TRS участък. Това изследване включва пълен секвентен анализ между **I73R** и **I329L** гените от десния край на генома на вируса на АЧС (Rodriguez JM и сътр. 1992). Резултатите при това изследване показаха идентичност на този TRS участък при вирусите, изолирани в Полша и Литва с вирусите на АЧС от Украйна и Беларус. **При останалите вируси от Източна Европа от РФ, включително и от Тверска област от 2012 г. както и при другите изолати от началото на епизоотията от 2007 г. в Грузия се установява липса на този геномен TRS участък на вирусите на АЧС.** Тези молекулярно-епизоотологични данни потвърждават, че вирусите на АЧС, установени в Полша и Литва, произхождат от вирусите, изолирани преди това в Беларус. Макар и да не е присъщо на ДНК вирусите да еволюират по подобен начин през или по време на епидемичното си разпространение по начина по който това става при РНК-овите вируси, тази находка все пак дава един допълнителен лабораторен молекулярен метод за изследване и детерминиране на вируса на АЧС по време на епизоотичното разпространение на вируса. Това налага и търсене на други, допълнителни начини за използване на секвентния геномен анализ за нуждите на епизоотологията при АЧС, детерминиране и обясняване на еволюционните връзки на вирусните изолати по време на циркулацията на вируса.

Литературни източници:

1. Carmina Gallardo✉, Jovita Fernández-Pinero, Virginia Pelayo, Ismail Gazaev, Iwona Markowska-Daniel, Gediminas Pridotkas, Raquel Nieto, Paloma Fernández-Pacheco, Svetlana Bokhan, Oleg Nevolko, Zhanna Drozhzhe, Covadonga Pérez, Alejandro Soler, Denis Kolvasov, and Marisa Arias **Genetic Variation among African Swine Fever Genotype II Viruses, Eastern and Central Europe Emerging Infectious Diseases Volume 20, Number 9—September 2014**

2. Anonymous. 2012. About a meeting of the Collegium of the Federal Service for Veterinary and Phytosanitary Surveillance (in Russian) (*available at <http://www.fsvps.ru/fsvps/news/5123.html>*).
3. Beltrón-Alcrudo, D., Guberti, V., de Simone, L., De Castro, J., Rozstalnyy, A., Dietze, K., Wainwright, S. & Slingenbergh, J. 2009. **African swine fever spread in the Russian Federation and the risk for the region.** EMPRES Watch. Rome, FAO (*available at <ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/012/ak718e/ak718e00.pdf>*).
4. Chapman, D.A.G., Darby, A.C., Da Silva, M., Upton, C., Radford, A.D. & Dixon, L.K. 2011. **Genomic analysis of highly virulent Georgia 2007/1 isolate of African swine fever virus.** *Emerg Infect Dis*, 17(4) April (*available at <http://dx.doi.org/10.3201/eid1704.101283>*).
5. Dietze, K., Beltrón-Alcrudo, D., Khomenko, S., Seck, B., Pinto, J., Diallo, A., Lamien, C., Lubroth, J. & Martin, V. 2012. **African Swine Fever (ASF) Recent developments - timely updates.** Focus on No. 6. Rome, FAO. (*available at <http://www.fao.org/docrep/016/ap372e/ap372e.pdf>*).
6. Rahimi, P., Sohrabi, A., Ashrafihelan, J., Edalat, R., Alamdar, M., Masoudi, M., Mastofi, S. & Azadmanesh, K. 2010. *Emergence of African swine fever virus, Northwestern Iran. Emerg Infect Dis*, 16(12): 1946-1948.
7. Rosselkhoznadzor. 2012. (*available at <http://www.fsvps.ru/fsvps/iac/asf.html>*).
Saulich, M.I. 2007. *Area of distribution and damage of Sus scrofa Linnaeus. Interactive Agricultural Ecological Atlas of Russia and Neighboring Countries* (*available at http://www.agroatlas.ru/en/content/pests/Sus_scrofa/map/*).
8. Rodriguez JM, Salas ML, Viñuela E. *Genes homologous to ubiquitin-conjugating proteins and eukaryotic transcription factor SII in African swine fever virus. Virology*. 1992;186:40–52 . [DOI](#) [PubMed](#)

11.06.2014 г.

Горепосочената информация ще бъде публикувана на електронната страница на Българска агенция по безопасност на храните (<http://www.babh.government.bg/bg/actualno-risk-evaluation.html>) и Националния фокален център на EFSA (http://focalpointbg.com/index.php?option=com_content&view=article&id=59&Itemid=78&lang=bg) към Центъра за оценка на риска.