6. Нормы и рационы кормления сельскохозяйственных животных: Справочное пособие. 3-е издание переработанное и дополненное / Под ред. А.П. Калашникова, В.И. Фисина, В.В. Щеглова, Н.И. Клейменова. – Москва, 2003. – 456 с.
7. National Research Council et al. Nutrient requirements of dairy cattle. – 2001. 405 p. DOI: 10.17226/9825.
8. Краснослободцева А.С. Апробация системы кормления высокопродуктивных коров с использованием селен и йодосодержащих препаратов органической формы // Вестник российских университетов. Математика. – 2010, 15 (1), с. 135-137.

Коваленко А.В., Горячева Г.А.

Генотипическое разнообразие вируса лейкоза КРС, циркулирующего на территории юга России

Северо-Кавказский зональный научно-исследовательский ветеринарный институт - филиал ФГБНУ ФРАНЦ (Россия, Новочеркасск)

doi: 10.18411/lj-09-2019-33

idsp: lj-09-2019-33

Аннотация

По итогам секвенирования фрагмента ДНК гена env изолятов провируса лейкоза КРС определена нуклеотидная последовательность и проведен филогенетический анализ с целью выявления генотипов исследуемых изолятов провируса, циркулирующих на территории Ростовской области.

Ключевые слова: вирус лейкоза крупного рогатого скота (ВЛ КРС), генотипирование, провирус, гликопротеин.

Abstract

According to the results of sequencing the DNA fragment of the env gene of isolates of bovine leukemia provirus determined nucleotide sequence and phylogenetic analysis performed to identify the genotypes of the studied isolates provirus circulating in the territory of the Rostov region.

Key words: virus of bovine leukemia (BLV), genotyping, provirus, glycoprotein.

Введение. Онкогенное заболевание лейкоз крупного рогатого скота распространено повсеместно на территории Российской Федерации и занимает ведущее место в структуре инфекционной патологии. Возбудитель заболевания – вирус лейкоза КРС (ВЛ КРС) – таксономически относится к тому же роду *Deltavirus* семейства *Retroviridae*, что и Т-лимфотропные вирусы человека и приматов, но в отличие от них поражает В-лимфоциты.

Проблема лейкоза крупного рогатого скота является одной из актуальнейших проблем ветеринарии настоящего времени. Если рассматривать болезнь в аспекте современных взглядов и последних достижений в области ретровирусологии, то она представляет собой общую медико-биологическую проблему, выходящую за рамки ветеринарии. Принимая во внимание теоретические установки и концепции вирусного канцерогенеза, ЛКРС представляет определенный санитарно-медицинский интерес, и не случайно он изучается наряду с лейкозами и онкологическими заболеваниями людей [1].

Для лейкоза характерно одновременное присутствие в инфицированном организме генома ВЛКРС в форме провируса и специфических антител (АТ). До сих пор не ясно, от каких факторов зависит соотношение уровня специфических АТ и количества провируса в крови, изменение которых носит волнообразный характер [2]. Важную роль в развитии иммунного ответа играет гликозилированный белок gp51, кодируемый геном env, который содержит конформационные и линейные эпитопы, структура и состав которых отличаются у вирусов, изолированных в разных

географических регионах [3, 4]. Изучение особенностей строения и функционирования генома вируса/провируса, возможно, позволит в будущем не только понять, но и управлять течением инфекционного процесса.

Установление принадлежности ВЛКРС к определенному генотипу может служить основанием для расширения исследований в данном направлении, в проведении исследований по выявлению патогенетических особенностей развития лейкозного процесса, как в экспериментальном, так и в спонтанном вариантах [5, 6].

В этой связи **целью** настоящей работы было изучить генотипическое разнообразие вируса лейкоза крупного рогатого скота, циркулирующего на территории Ростовской области.

Методика исследований. Лабораторные исследования выполнялись на базе отдела инфекционной патологии животных СКЗНИВИ, ООО «Аксайское молоко» Аксайского, СПК колхоза «50 лет Октября» и ЗАО «Колхоз Советинский» Неклиновского, ОАО «Южное» Сальского и СПК колхоза «РОДИНА» Матвеево-Курганского районов Ростовской области.

Определение генетического разнообразия ВЛКРС выполняли совместно с сотрудниками лаборатории лейкозоологии лаборатории лейкозоологии ФГБНУ «ФНЦ - Всероссийский научно-исследовательский институт экспериментальной ветеринарии имени К.И. Скрябина и Я.Р. Коваленко Российской академии наук» (г.Москва) образцов крови, отобранных от серопозитивного крупного рогатого скота хозяйств Ростовской области молекулярно-биологическим методом (ПЦР).

Кровь отбирали из хвостовой вены вакуумной системой Vacuette (Greiner Labortechnik). Выделение ДНК, ПЦР и очистку амплифицированных фрагментов проводили соответствующими наборами реактивов производства ООО «Лаборатория Изоген» и ЦНИИ эпидемиологии Роспотребнадзора. Фрагменты гена *env* длиной около 800 и 1520 нуклеотидов, предназначенные для секвенирования, были амплифицированы методом полугнездовой ПЦР. Секвенирование ДНК выполнено набором реактивов ABI PRISM® BigDye™ Terminator v.3.1 с последующим анализом продуктов реакции на автоматическом секвенаторе ДНК ABI PRISM 3100-Avant. Выравнивание нуклеотидных последовательностей, анализ и построение филогенетических древ проведено с помощью программ GeneDoc (Nicholas K.B. and Nicholas H.B.Jr., 1997) и MEGA 4 (Tamura, Dudley, Nei, and Kumar 2007) с использованием технических ресурсов и данных GenBank (www.ncbi.nlm.nih.gov).

Ген *env* длиной 1548 н. кодирует белок-предшественник, который расщепляется на два гликолизированных белка оболочки: поверхностный gp51 (268 а.о.), и трансмембранный gp30 (214 а.о.). Оба белка входят в состав вирусной оболочки в виде комплекса gp51/gp30. Наибольший интерес представляет гликопротеин gp51, кодируемый фрагментом 1-903, поскольку он содержит иммуногенные эпитопы [2, 3].

Результаты исследований. Изучена эпизоотическая ситуация по лейкозу крупного рогатого скота в Ростовской области, проанализирована годовая и многолетняя динамика заболевания в Ростовской области. Лейкоз крупного рогатого скота занимает ведущее место в нозологической структуре инфекционных заболеваний КРС Ростовской области.

В последние годы отмечена тенденция стабилизации эпизоотической ситуации по лейкозу КРС. С 2015 года и по настоящее время инфицированность вирусом лейкоза крупного рогатого скота в Ростовской области составляет 6,5 %.

Несмотря на изменение ситуации в сторону снижения показателей инфицированности и заболеваемости этой инфекцией поражены все породы крупного рогатого скота, в том числе животные, принадлежащие частному сектору. Практически во всех населенных пунктах региона инфицированность скота колеблется от 1 до 10%.

Для семи изолятов ВЛКРС, выделенных в Ростовской области, была установлена нуклеотидная последовательность фрагмента 1-799 н. гена *env*,

кодирующая вариабельный участок *gp51*. Их сравнение обнаружило три варианта последовательностей, которые на аминокислотном уровне имели от 1 до 4-5 отличий, расположенных в области конформационных эпитопов F, G и H. Два варианта - изоляты 5164, 5036 и 5070, 6136 - отличаются между собой лишь одной аминокислотной заменой и расположены на одной ветви филогенетического дерева (рис.1). Третий вариант представлен идентичными последовательностями изолятов 6077, 6164 и 9884, образующими самостоятельную ветвь на древе.

Филогенетический анализ показал, что провирусы, циркулирующие в Ростовской области, принадлежат бельгийской подгруппе ВЛКРС, которые были широко распространены на Европейском континенте в последние десятилетия 20-го века (в настоящее время ряд стран Западной Европы свободен от ВЛКРС). В частности, в разное время близкородственные вирусы были обнаружены в Польше.

Для двух изолятов из Ростовской области (5164 и 6077) была определена полная последовательность гена *env* (фрагменту 1-1522 н.), за исключением 27 нуклеотидов на его 3'-конце. Последовательности представляют разные варианты гена *env*, дивергенция между которыми составляет 1,6%, и отличаются между собой заменами 23 нуклеотидов и 8 аминокислот, из которых 5 аминокислотных замен приходится на область конформационных эпитопов F, G и H, расположенных в *gp51* (позиции H121R, D141N, V149L, K150R и L156F), а 3 замены (п. L327F, I402V, S478P) - на область трансмембранного белка *gp30*.

Рис.1. Ветвь филогенетического дерева (исходный массив 34 последовательности) гена *env* (фрагмент 1-799 н.) ВЛКРС, построенного методом минимальной эволюции с повторной выборкой $N=1000$ на основе алгоритма «ближайшего соседа» (Mega 4). Структура 27 последовательностей (из общего числа 34), среди которых представители ВЛКРС из Японии, США, Аргентины, Бразилии, Австралии, Бельгии, Польши, взята в GenBank. Указано географическое место выделения провирусов. Изоляты из Польши помечены треугольником.

На основании секвенирования фрагментов ДНК гена *pol* определена нуклеотидная последовательность и проведен филогенетический анализ с целью выявления генетического статуса исследуемых изолятов провируса лейкоза КРС, циркулирующих на территории Ростовской области.

Топология представленного филогенетического дерева (рис. 2), массив которого составляет 19 последовательностей, указывает на принадлежность исследуемых изолятов провируса лейкоза КРС 12/152 ROSTOV, 12/239 ROSTOV, 12/1968 ROSTOV к большой группе изолятов, к которой отнесены штаммы из Аргентины, Австралии, Японии, США, Бразилии, отличной от двух других.

Рис. 2. Дендрограмма. Филогенетическое дерево построено дистанционным методом минимума эволюции (ME) с использованием *p*-дистанций и бутстрэп-анализа ($N=1000$ реплик).

Степень сходства для всех штаммов с перечисленными выше международными изолятами в среднем составляет от 95-99% (несовпадение в среднем в 8-10 нуклеотидов) в зависимости от референсной последовательности. Изоляты 12/152 ROSTOV, 12/239 ROSTOV близкородственны (96-99% идентичности) с американским штаммом M16017; 12/1968 ROSTOV с аргентинским изолятом AF257515 (Argentina) (99% идентичности).

Тем не менее, данные изоляты отличаются от штаммов из США (M10987 BLV GAGA), Северной Италии (S83529) и также США (NC001414, AF033818), составляющих отдельные клады.

Выводы. Установлено, что на территории Ростовской области циркулируют не менее трех вариантов провируса ВЛКРС бельгийской подгруппы, которые отличаются структурой гена *env* и гликопротеина gp51.

Анализ генетического разнообразия вируса лейкоза крупного рогатого скота показал, что на территории области циркулирует вирус, принадлежащий к большой группе, к которой отнесены штаммы из Аргентины, Австралии, Японии, США и Бразилии.

1. Дробот Е.В. Результаты изучения генотипического разнообразия вируса лейкоза крупного рогатого скота и особенности эпизоотологического и гематологического проявления лейкоза // Автореферат. Новосибирск. - 2007.
2. Gillet N, et al. Mechanisms of leukemogenesis induced by bovine leukemia virus: prospects for novel anti-retroviral therapies in human.// *Retrovirology*. – 2007. - V16. - P.4-18.
3. Mamoun RZ et al. Sequence variability of bovine leukemia virus env gene and its relevance to the structure and antigenicity of the glycoproteins // *J Virol*. - 1990. – V.64, № 9. – P. 4180-4188.

4. Johnston ER, Albritton LM, Radke K. Envelope proteins containing single amino acid substitutions support a structural model of the receptor-binding domain of bovine leukemia virus surface protein. // J Virol. - 2002. - V.76, №21. - P.10861-10872.
5. Гулюкин М.И., Ломакина Н.Ф., Козырева Н.Г. и др. Вариабельность гена env провируса лейкоза КРС, циркулирующего в Ростовской области // Материалы Всероссийской научно-практ. конф. Новочеркасск. – 2009. - С. 22-26.
6. Ломакина Н.Ф., Гулюкин М.И., Иванова Л.А. и др. Филогенетический анализ вирусов лейкоза КРС, циркулирующих в Московской, Калужской и Ростовской областях // Сборник научных трудов. - Екатеринбург. - 2010. - С.161-166.

Козырь Н.С., Панасенко Т.В.

Анализ рынка сельскохозяйственной продукции Краснодарского края

ФГБОУ ВО «Кубанский государственный университет»

(Россия, Краснодар)

doi: 10.18411/lj-09-2019-34

idsp: ljjournal-09-2019-34

Аннотация

Дается оценка уровня развития растениеводческих и животноводческих культур, необходимая для анализа производственных мощностей сельскохозяйственной продукции. Материалы статьи включают в себя следующие данные о сельском хозяйстве края: производство основных продуктов питания животноводческой отрасли, валовый сбор всех хозяйствующих субъектов и производство сельскохозяйственной продукции на душу населения в Краснодарском крае.

Ключевые слова: животноводство, продукция, объемы производства, сельское хозяйство Краснодарского края, сельскохозяйственная продукция, растениеводство.

Abstract

The assessment of the level of development of crop culture and livestock crops, necessary for the analysis of production capacity of agricultural products. Materials of the article include the following data on agriculture of the region: the production of basic food products of the livestock industry, the gross collection of all economic entities and agricultural production per capita in the Krasnodar region.

Keywords: farming, product, product volume, agriculture of Krasnodar region, agricultural products, plant growing.

Сельскохозяйственная отрасль Краснодарского края за всю историю ее становления имела множество значительных изменений как в социальной, так и в экономической сфере. В основном это было заметно в области владения земельными ресурсами, когда после реформы 90-х большая часть из них была отдана населению благодаря политике приватизации, которая усугубила возможность производства полноценного объема сельскохозяйственной продукции. Все же стоит отметить, что положительным моментом в данной реорганизации послужило создание огромного количества предприятий, задействованных в агропромышленном комплексе, которые в настоящее время играют большую роль в поддержании и развитии экономики, как на территории одного региона, так и во всей стране.

В настоящее время Краснодарский край является основным регионом, который занимается производством, переработкой, хранением и реализацией продовольственных товаров и сырья. Для того, чтобы понять, как ему получается сохранять высокие позиции в данной отрасли, стоит разобраться в его экономическом состоянии и особенностях развития.

Во-первых, нужно отметить климатические условия, подходящие как для растениеводства, так и для животноводства. Вся территорию Краснодарского края можно разделить на две части – северную и южную, каждая из которых охарактеризована специфическим климатом, в основном выделяют умеренно-