

## Распространенность и молекулярно-генетическая характеристика ротавирусов свиней в Российской Федерации

Научный руководитель – Южаков Антон Геннадиевич

*Красников Никита Юрьевич*

*Сотрудник*

Всероссийский научно-исследовательский институт экспериментальной ветеринарии имени Я.Р. Коваленко, Москва, Россия  
*E-mail: nick.krasnickoff2011@yandex.ru*

### Введение

Желудочно-кишечные болезни свиней — одна из основных проблем, с которой сталкиваются на промышленных свинокомплексах. Ротавирус (РВ) — один из наиболее опасных патогенов, вызывающих гастроэнтериты и диарею у домашних свиней. В настоящее время работы, посвященные молекулярной характеристике РВ в России, в основном касаются инфекций у людей, в то время как инфекции у домашних свиней изучены недостаточно. Целью исследования было изучение циркуляции РВА, РВВ и РВС на 22 крупных свинофермах в 11 регионах России.

### Материалы и методы

Мы исследовали 774 ректальных мазка, собранных в период 2023-2025 г.г., методом ПЦР в режиме реального времени на наличие трех видов РВ. На всех исследованных фермах были зарегистрированы вспышки диареи, в основном среди поросят-сосунков (1-10 дней), поросят до отъема (11-20 дней) и отъемышей (22-36 дней), в то время как откормочные поросята (66-80 дней) в основном были клинически здоровы. Для выявления комбинаций G/P применялось секвенирование по Сэнгеру. Кроме того, два изолята (РВА и РВС) были полностью охарактеризованы с помощью нанопорового секвенирования.

### Результаты

В ходе исследования было обнаружено, что на каждой ферме циркулировал как минимум один вид, а общая частота выявления составила 44,96%. Самая высокая общая частота выявления наблюдалась у поросят после отъема (75,2%), за которыми следовали группы поросят-сосунков (42%), откормочных поросят (36,8%) и поросят до отъема (31,2%). РВА был обнаружен в 32,43%, РВВ — в 13,18%, а РВС — в 13,95% случаев соответственно. Проведенное генотипирование РВА показало разнообразие G/P генотипов, включая G3, G4, G5 и G9, а также P[6], P[13] и P[23]. Наиболее распространенными комбинациями были G4P[23], G4P[6] и G3P[13]. Филогенетический анализ дополнительно выявил клады с человеческими изолятами среди генотипов G4, G9 и P[6]. Напротив, изоляты РВС показали умеренное генетическое разнообразие: G6 для VP7 и P[5] и P[6] для VP4, а комбинация G6P[5] была преобладающей. Полногеномное секвенирование изолята РВА дополнительно выявило генотипы G2 и P[27] с типичным «свиным» набором генотипов в геномном остове: I5-R1-C1-M1-A8-N1-T7-E1-N1. Первый полный геном свиного РВС из России характеризовался следующей геномной констелляцией G6-P[5]-I14-R1-C1-M1-A7-N9-T6-E1-N1, включая потенциально новый генотип для гена белка VP6 — I14.

### Заключение

Эти результаты способствуют нашему пониманию молекулярной эпизоотологии ротавирусов свиней в России, демонстрируя наличие трех видов РВ и обширное генотипическое разнообразие. Исследование также вносит вклад в область разработки мер по охране здоровья животных и человека, подчеркивая значимость в рамках концепции «Единое здоровье».

**Ключевые слова**

Диарея, Генотипирование, Ротавирусы свиней, Филогенетический анализ, Зоонозный потенциал

**Благодарности**

Мы выражаем благодарность ветеринарным специалистам на фермах за их готовность предоставить образцы для данного исследования.