



<https://doi.org/10.31279/2949-4796-2025-15-2-15-24>

EDN TIIWN

УДК 578.2

Поступила: 07.03.2025

Доработана: 03.06.2025

Принята: 04.06.2025

Полиморфизм и филогенетическое родство изолятов вируса лейкоза крупного рогатого скота в Республике Калмыкия (Россия)

✉ А.Я. Генджиев¹, М.И. Гулюкин², А.В. Убушиева¹,
Н.В. Чимидова¹, В.А. Оробец³

¹ Калмыцкий государственный университет имени Б. Б. Городовикова,
г. Элиста, Россия

² Федеральный научный центр – Всероссийский научно-исследовательский институт
экспериментальной ветеринарии имени К. И. Скрябина и Я. Р. Коваленко
Российской академии наук, г. Москва, Россия

³ Ставропольский государственный аграрный университет, г. Ставрополь, Россия
✉ gend-alex08@mail.ru

Аннотация

Введение. Вирус лейкоза крупного рогатого скота (BLV), относящийся к семейству Retroviridae, вызывает хронические инфекции, приводящие к значительным экономическим потерям в животноводстве России. Несмотря на широкое распространение BLV в российских регионах, данные о генетическом разнообразии и филогенетических связях изолятов на территории Республики Калмыкия остаются недостаточно изученными.

Цель. Проанализировать полиморфизм изолятов BLV в Республике Калмыкия с использованием секвенирования гена *pol* и филогенетического анализа.

Материалы и методы. Исследованы шесть провирусных изолятов, выделенных из хозяйств Городовиковского района. Методы включали экстракцию ДНК, ПЦР-амплификацию, секвенирование и филогенетический анализ с применением программного обеспечения Mega 3.1.

Результаты. Выявлено высокое генетическое сходство калмыцких изолятов со штаммами из Аргентины, Бразилии, Австралии, Японии и США (97–100 % гомологии), при этом они отличаются от изолятов Северной Италии и некоторых штаммов США. Установлена связь с изолятами из Ростовской и Калужской областей России, что подтверждается данными о трансрегиональном перемещении скота.

Заключение. Обоснована важность мониторинга генетического разнообразия BLV для разработки мер контроля и профилактики, а также необходимость дальнейшего изучения эпидемиологических путей распространения вируса.

Ключевые слова: Вирус лейкоза крупного рогатого скота (BLV), филогенетический анализ, ген *pol*, генетическое разнообразие, секвенирование, провирусные изоляты, трансрегиональное распространение, эпидемиологический контроль

Для цитирования: Генджиев А.Я., Гулюкин М.И., Убушиева А.В., Чимидова Н.В., Оробец В.А. Полиморфизм и филогенетическое родство изолятов вируса лейкоза крупного рогатого скота в Республике Калмыкия. *Аграрный вестник Северного Кавказа*. 2025;15(2):15–24. <https://doi.org/10.31279/2949-4796-2025-15-2-15-24> EDN TIIWN

<https://doi.org/10.31279/2949-4796-2025-15-2-15-24>

EDN TIIIWN

Received: 07.03.2025

Revised: 03.06.2025

Accepted: 04.06.2025

Polymorphism and Phylogenetic Relationship of Bovine Leukemia Virus Isolates in the Republic of Kalmykia (Russia)

✉ Alexander Y. Gendzhiev¹, Mikhail I. Gulyukin², Altana V. Ubushieva¹,
Nadezhda V. Chimidova¹, Vladimir A. Orobets³

¹ Kalmyk State University named after B. B. Gorodovikov, Elista, Russia

² Federal Research Center – All-Russian Research Institute of Experimental Veterinary Medicine
named after K. I. Scriabin and Ya. R. Kovalenko of the Russian Academy of Sciences,
Moscow, Russia

³ Stavropol State Agrarian University, Stavropol, Russia

✉ gend-alex08@mail.ru

Abstract

Introduction. The bovine leukemia virus (BLV), a member of the Retroviridae family, causes chronic infections leading to significant economic losses in Russian cattle farming. Despite the widespread distribution of BLV in Russian regions, data on the genetic diversity and phylogenetic relationships of isolates in the Republic of Kalmykia remain insufficiently studied.

Aim. To analyze the polymorphism of BLV isolates in the Republic of Kalmykia using pol gene sequencing and phylogenetic analysis.

Materials and methods. Six proviral isolates collected from farms in the Gorodovikovsky district were investigated. The methods included DNA extraction, PCR amplification, sequencing, and phylogenetic analysis using MEGA 3.1 software.

Results. High genetic similarity was found between the Kalmyk isolates and strains from Argentina, Brazil, Australia, Japan, and the USA (97–100 % homology), while they differed from isolates of Northern Italy and some US strains. A connection was established with isolates from the Rostov and Kaluga regions of Russia, supported by data on interregional cattle movement.

Conclusion. The study underscores the importance of monitoring BLV genetic diversity to develop control and prevention measures and highlights the need for further research into the epidemiological pathways of virus transmission.

Keywords: Bovine leukemia virus (BLV), phylogenetic analysis, pol gene, genetic diversity, sequencing, proviral isolates, transregional spread, epidemiological surveillance

To cite: Gendzhiev A.Y., Gulyukin M.I., Ubushieva A.V., Chimidova N.V., Orobets V.A. Polymorphism and Phylogenetic Relationship of Bovine Leukemia Virus Isolates in the Republic of Kalmykia. *Agrarian Bulletin of the North Caucasus*. 2025;15(2):15–24. (In Russ.). <https://doi.org/10.31279/2949-4796-2025-15-2-15-24> EDN TIIIWN

Введение

Вирус лейкоза крупного рогатого скота (BLV), относящийся к семейству Retroviridae, является возбудителем хронического инфекционного заболевания, приводящего к лимфолейкозу и значительной смертности среди пораженных животных. Филогенетически BLV близок к вирусу Т-клеточного лейкоза человека типа 1 (HTLV-1) [1], что подчеркивает его важность как модели для изучения ретровирусных инфекций. BLV представляет серьезную угрозу для мирового животноводства из-за своего широкого распространения, что негативно сказывается на продуктивности и экономической эффективности как молочного, так и мясного скотоводства [2; 3]. В России, особенно в Республике Калмыкия, где скотоводство является одной из ключевых отраслей сельского хозяйства, наблюдается высокая заболеваемость, связанная с этим вирусом [4; 5].

Хотя современная классификация BLV преимущественно основывается на анализе гена *env*, кодирующего поверхностный гликопротеин gp51, участвующий в проникновении вируса в клетку и формировании иммунного ответа, выбор гена *pol* в качестве мишени для исследования обусловлен его уникальными характеристиками, делающими его оптимальным маркером для филогенетического анализа. Ген *pol*, кодирующий обратную транскриптазу и интегразу, обладает уникальными свойствами для филогенетического анализа: его консервативные участки обеспечивают надежное выравнивание последовательностей, в то время как переменные области содержат достаточное количество информативных полиморфизмов для дифференциации штаммов. Важно отметить, что обратная транскриптаза как ключевой фермент репликации ретровирусов демонстрирует эволюционно стабильные паттерны мутаций, что позволяет проследить филогенетические связи между изолятами. Технические преимущества работы с этим геном включают стабильную амплификацию, высокое качество секвенирования и воспроизводимость результатов, что особенно важно при ограниченных ресурсах. По сравнению с полногеномным анализом, исследование гена *pol* обеспечивает оптимальное соотношение затрат и информативности, позволяя получать достоверные данные о генетическом разнообразии вируса без необходимости сложного и дорогостоящего полногеномного секвенирования. Кроме того, накопленные в международных базах данных последовательности гена *pol* различных штаммов BLV позволяют проводить комплексный сравнительный анализ

и выявлять потенциальные источники заноса инфекции в регион.

Изучение генетического разнообразия изолятов BLV и их первичной структуры в различных регионах предоставляет важные данные для понимания филогенетических взаимосвязей и эволюционных изменений вируса [3]. Геном BLV состоит из 8714 нуклеотидов и включает структурные гены (*gag*, *pro*, *pol*, *env*), регуляторные области *pX* (*tax*, *rex*), а также вспомогательные белки (R3 и G4) и микроРНК, которые активно экспрессируются в предлейкозных и опухолевых клетках [6; 7; 13]. Несмотря на значительный прогресс в изучении BLV, данные о генетическом разнообразии и эпидемиологических особенностях вируса в отдельных регионах, таких как Калмыкия, остаются недостаточно исследованными.

Целью данного исследования является анализ полиморфизма изолятов BLV в хозяйствах Республики Калмыкия с использованием методов секвенирования и филогенетического анализа на основе гена *pol*. Для достижения этой цели были поставлены следующие задачи: (1) выделение и характеристика провирусных изолятов BLV из различных хозяйств региона, (2) проведение филогенетического анализа для определения генетического сходства с известными штаммами, (3) выявление потенциальных источников заражения и путей распространения вируса. Настоящее исследование направлено на восполнение пробелов в знаниях о генетическом разнообразии BLV в регионе и разработку рекомендаций для контроля и профилактики заболевания.

Материалы и методы

Этические аспекты. Исследование проводилось с соблюдением всех этических норм, регулирующих работу с животными.

Материалы

Объекты исследования

Обследовано 30 голов крупного рогатого скота калмыцкой породы (возраст 3–7 лет) из 4 хозяйств Городовиковского района Республики Калмыкия. Все животные (возраст 3–7 лет) были серопозитивны по ИФА, но без клинических признаков лимфосаркомы, что соответствует стадии персистентного лимфоцитоза. Для молекулярного анализа использовали образцы цельной крови, отобранные в вакутейнеры с ЭДТА.

Образцы крови крупного рогатого скота калмыцкой породы были отобраны из различных племенных хозяйств Республики Калмыкия. Животные содержались в стандартных условиях, соответствующих требованиям животноводства.

Оборудование

Программируемый термоциклер «Терцик» (производитель: ДНК-Технология), автоматический анализатор ABI PRISM 3130 (Applied Biosystems, США).

Реактивы и препараты

Коммерческие наборы для экстракции ДНК (производитель: НекстБИО) с выходом 35–50 нг/мкл ($A_{260}/_{280}=1.8-2.0$), набор BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems, США), агарозный гель (1,5 %), набор для быстрой элюции ДНК из агарозных гелей (Синтол).

Методы

Экстракция ДНК

Выделение ДНК проводили с использованием коммерческих наборов реагентов в соответствии с инструкцией производителя.

ПЦР-амплификация

Для амплификации использовали 438 п. н. фрагмента гена pol BLV с праймерами: PF2: 5'-TGA ACG GAC AAA TGG ACT GCT C-3' (позиция 4470–4491) и PR2: 5'-CCG ACA GAG AGC GAG GAG AG-3' (позиция 4888–4907).

Программа амплификации включала этапы, представленные в таблице 1.

Таблица 1 – Этапы программы амплификации

Table 1 – Stages of the amplification program

Этап	Температура, °C	Время
Начальная денатурация	95	3 мин
Денатурация	94	20 с
Отжиг	62	30 с
Синтез	72	1 мин
Заключительный синтез	72	3 мин
Циклы	35	

Процедура исследования

Анализ ПЦР-продуктов

Фрагменты ДНК после амплификации разделяли методом электрофореза в 1,5 %-ном агарозном геле.

Очистка ампликонов

Для выделения ДНК из геля использовали набор для быстрой элюции.

Секвенирование

Последовательности нуклеотидов определяли с использованием набора BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit и автоматического анализатора ABI PRISM 3130. Секвенирование проводили во ВНИИ ветеринарной вирусологии и микробиологии.

Идентификация последовательностей

Полученные последовательности сравнивали с базами данных GenBank/EMBL с использованием сервиса BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>).

Филогенетический анализ

Для построения филогенетического дерева использовали программу Мегэ 3.1. Достоверность топологии оценивали с помощью бутстрэп-анализа (100 и 1000 случайных выборок) [1; 13].

Анализ данных

Для анализа данных использовали филогенетические методы, включая построение дендрограмм и оценку генетического сходства. Бутстрэп-анализ применяли для подтверждения достоверности филогенетических связей. Выбор методов анализа обусловлен их высокой точностью и широким использованием в исследованиях генетического разнообразия вирусов.

Результаты

В ходе исследования были отобраны и проанализированы 6 изолятов провируса вируса лейкоза крупного рогатого скота (BLV) из хозяйств различной категории собственности, расположенных в Городовиковском районе Республики Калмыкия. В качестве контроля использовался положительный контрольный образец ПЦР. Характеристика исследованных изолятов представлена в таблице 2.

Таблица 2 – Характеристика исследованных изолятов провируса

Table 2 – Characteristics of the studied provirus isolates

Хозяйство	Количество изолятов	Изолят
КФХ Демкин П. В.	2	10/8k KALMIKIYA
		10/2k KALMIKIYA
с. Дружное, индосектор	1	10/2d KALMIKIYA
БАК КГУ гурт Алиева А. М.	1	10/5b KALMIKIYA
п. Шин-Бял. Южный индосектор	1	10/15sh KALMIKIYA
ПКО ДНК ВЛКРС*	1	K+FLK-BLV

* – положительный контрольный образец ПЦР

* – positive control sample for PCR

В ходе исследования шести изолятов вируса лейкоза крупного рогатого скота (BLV), выделенных в Городовиковском районе Республики Калмыкия, проведен филогенетический анализ гена *pol*, который выявил высокую степень генетического сходства с референсными штаммами из различных стран. Изоляты демонстрируют 97–100 % идентичность нуклеотидных последовательностей с консенсусными последовательностями из Аргентины, Австралии, Японии, США и Бразилии. Построенные ден-

дрограммы (рисунки 1, 2, 3) демонстрируют филогенетические связи между исследуемыми образцами.

Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей гена *pol* показал, что изолят 10/8k KALMIKIYA оказался полностью идентичным американскому штамму M16017_USA, тогда как 10/2d KALMIKIYA и 10/5b KALMIKIYA показали 98–99 % сходство с изолятами из Бразилии (DQ288979) и Японии (K02120).

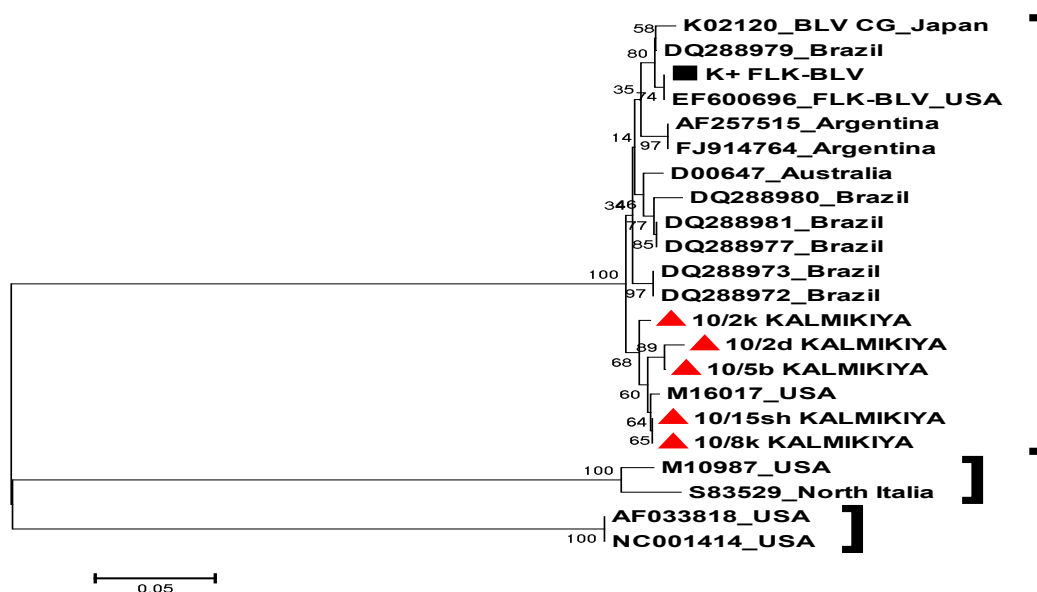


Рис. 1 – Филогенетическое сравнение участков гена *pol* BLV

Fig. 1 – Phylogenetic comparison of BLV *pol* gene regions

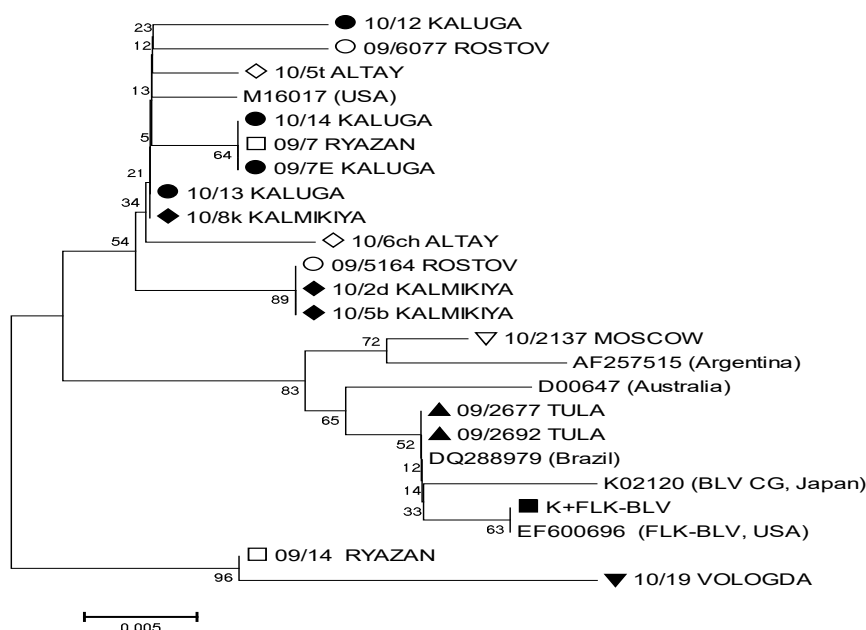


Рис. 2 – Ветвь филогенетического дерева

Fig. 2 – Branch of the phylogenetic tree

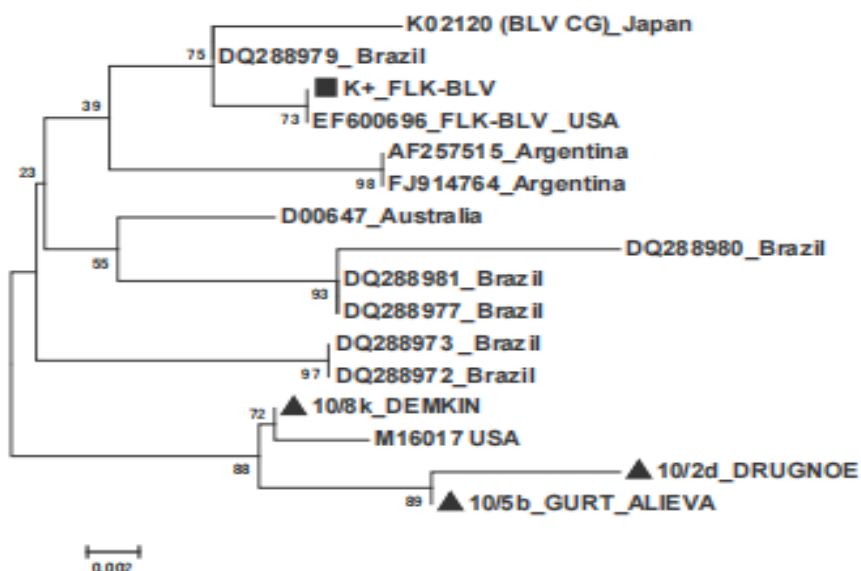


Рис. 3 – Ветвь филогенетического древа

Fig. 3 – Phylogenetic tree branch

Проведенный филогенетический анализ показал полную нуклеотидную идентичность изолятов 09/2677 TULA и 09/2692 TULA с бразильским изолятом DQ288979. Высокая степень генетического сходства обнаружена с японским штаммом K02120 – 99,4 %, а также с американским изолятом EF600696 – 99,7 %. Полученные данные позволяют сделать вывод о потенциальном источнике заражения крупного рогатого скота в данном географическом регионе.

Дополнительно изолят 10/2137 MOSCOW демонстрирует 99 % генетическую схожесть с аргентинским штаммом AF257515, что указывает на возможные пути передачи патогена.

Обнаружена генетическая идентичность изолята 09/7 RYAZAN, 09/7E KALUGA, 10/14 KALUGA, а также 09/5164 ROSTOV, 10/5b KALMIKIYA и 10/2d KALMIKIYA, что свидетельствует о едином источнике инфекции или наличии общего предка в их филогенетической линии.

Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей гена *pol* вируса лейкоза крупного рогатого скота (BLV) выявил высокую степень сходства изолятов из Республики Калмыкия с референсными штаммами из различных географических регионов, включая Аргентину, Австралию, Японию, США и Бразилию. Однако, помимо нуклеотидных замен, важное значение имеют аминокислотные замены в кодируемом белке, которые могут влиять на функциональные свойства вируса, включая ферментативную активность обратной транскриптазы и интегразы, кодируемых геном *pol*.

В ходе исследования были обнаружены точечные нуклеотидные замены, преимущественно транзиционного типа (A→G, G→A, T→C), а также трансверсии (T→A). Некоторые из этих мутаций приводят к аминокислотным заменам в кодируемом белке. Например, замена A→G в определенных позициях гена *pol* может приводить к замене лизина на аргинин, что потенциально влияет на электростатические взаимодействия белка с нуклеиновыми кислотами. Аналогично, замена T→C может вызывать консервативные аминокислотные изменения, такие как изолейцин→валин, которые могут незначительно влиять на стабильность белка.

Высокая степень нуклеотидной идентичности калмыцких изолятов с изолятами из Ростовской и Калужской областей подтверждает их общее происхождение, что согласуется с данными о перемещении крупного рогатого скота между этими регионами. Однако наличие аминокислотных замен в гене *pol* у некоторых изолятов может указывать на адаптацию вируса к локальным условиям или накопление мутаций в процессе циркуляции.

Исследование 6 изолятов провируса вируса лейкоза крупного рогатого скота, выявленных в западной части Республики Калмыкия, показало высокий уровень их генетического сходства с изолятами из Аргентины, Австралии, Японии, США и Бразилии. В зависимости от используемой референсной последовательности уровень генетического сходства варьировал в диапазоне от 97 до 100 %. Анализ выявил идентичность штам-

ма из Калмыкии 10/8k_DEMKIN и изолята M16017_USA, а для двух других штаммов из Калмыкии – 10/2d_DRUGNOE и 10/5b_GURT_ALIEVA сходство составило 98–99 %.

Анализ нуклеотидной последовательности вируса помог выявить источник заражения животных в Республике Калмыкия. Генетическое сходство изолятов из Калмыкии с изолятами, обнаруженными в Ростовской и Калужской областях, подтверждается имеющимися документами о ввозе крупного рогатого скота из этих регионов в Калмыкию.

Обсуждение

Результаты филогенетического анализа изолятов вируса лейкоза крупного рогатого скота (BLV) из Республики Калмыкия демонстрируют их высокое генетическое сходство со штаммами из Аргентины, Бразилии, Австралии, Японии и США (97–100 % гомологии). Это подтверждает гипотезу о трансрегиональном распространении вируса через перемещение скота или другие эпидемиологические пути.

Полученные данные согласуются с результатами исследований, проведенных в других регионах мира, где также наблюдалось генетическое сходство изолятов BLV с международными штаммами [1; 3; 5]. Например, идентичность изолятов 09/2677 TULA и 09/2692 TULA с бразильским штаммом DQ288979 и высокая степень сходства с японским (K02120) и американским (EF600696) изолятами подтверждают гипотезу о глобальной циркуляции вируса. Однако обнаруженные различия с изолятами из Северной Италии (S83529) и некоторых регионов США (M10987, NC001414, AF033818) указывают на формирование отдельных филогенетических кластеров, что может быть связано с локальными мутациями или изоляцией популяций вируса.

Результаты исследования подтверждают, что BLV обладает высокой генетической изменчивостью, что характерно для ретровирусов. Наблюдаемые транзиции (A→G, G→A, T→C) и трансверсии (T→A) в нуклеотидных последовательностях согласуются с механизмами мутагенеза, описанными в литературе [6; 7]. Это подчеркивает важность мониторинга генетического разнообразия вируса для понимания его эволюции и адаптации.

Выявленное генетическое сходство изолятов из Калмыкии с изолятами из Ростовской и Калужской областей подтверждается данными о ввозе скота из этих регионов. Это ука-

зывает на необходимость усиления контроля за перемещением животных и внедрения строгих карантинных мер для предотвращения распространения BLV.

Одним из ограничений исследования является относительно небольшое количество проанализированных изолятов ($n = 6$), что может ограничивать обобщение результатов на всю популяцию BLV в регионе. Кроме того, отсутствие данных о клинических проявлениях заболевания у исследуемых животных не позволяет установить корреляцию между генетическими особенностями вируса и его патогенностью. Для более глубокого понимания эпидемиологии BLV рекомендуется расширить выборку и включить изоляты из других регионов России. Также целесообразно провести анализ полного генома вируса, что позволит выявить дополнительные мутации и их роль в патогенезе. Исследование клинических данных в сочетании с генетическим анализом может помочь установить связь между генотипом вируса и его вирулентностью.

Таким образом, полученные результаты вносят вклад в понимание генетического разнообразия BLV и его распространения в Республике Калмыкия. Они подчеркивают необходимость дальнейших исследований для разработки эффективных мер контроля и профилактики заболевания.

Заключение

В данной статье были изучены генетические особенности изолятов вируса лейкоза крупного рогатого скота (BLV), выделенных в Городовиковском районе Республики Калмыкия (Россия). Полученные результаты показали, что данные изоляты имеют высокое генетическое сходство (97–100 %) со штаммами из Аргентины, Австралии, Японии, США и Бразилии, что свидетельствует о возможных путях заноса вируса через международные торговые операции. Кроме того, была установлена генетическая связь между калмыцкими изолятами и образцами из Ростовской и Калужской областей, что подтверждается данными о ввозе скота из этих регионов России. В районах Калмыкии, где отсутствовал контакт местного скота с инфицированными животными, поголовье оставалось здоровым, что подчеркивает важность биологической изоляции для предотвращения распространения инфекции.

Ограничением исследования является недостаточное количество данных о локальных пу-

тях передачи вируса и факторах, способствующих его распространению внутри региона. Практическая значимость работы заключается в возможности применения разработанной методики для мониторинга BLV в других регионах России, а также для разработки мер по пре-

дотвращению заноса и контроля распространения вируса. В будущих исследованиях целесообразно изучить динамику распространения BLV, влияние различных факторов на его передачу, а также разработать стратегии повышения устойчивости скота к инфекции.

Вклад авторов

А. Я. Генджиев: концептуализация, методология, проведение исследования, написание – первоначальный проект, визуализация.

М. И. Гулюкин: методология, формальный анализ, курирование данных, написание – обзор и редактирование.

А. В. Убушиева: курирование данных, ресурсы, проведение исследования, визуализация.

Н. В. Чимидова: проведение исследования, формальный анализ, написание – обзор и редактирование.

В. А. Оробец: валидация, написание – обзор и редактирование.

Contributions

A. Y. Gendzhiev: conceptualization, methodology, investigation, writing – original draft, visualization.

M. I. Gulyukin: methodology, formal analysis, data curation, writing – review & editing.

A. V. Ubushieva: data curation, resources, investigation, visualization.

N. V. Chimidova: investigation, formal analysis, writing – review & editing.

V. A. Orobets: validation, writing – review & editing.

Конфликт интересов

Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

Список литературы / References

- Абакин С.С., Криворучко С.В., Пономаренко Д.Г., Борщев Е.А. Современный взгляд на особенности прижизненной диагностики и иммуногенез у телят в системе мать – потомство при лейкозе крупного рогатого скота. *Ветеринарная патология*. 2010;(1):6–9. EDN OBMMZZ
Abakin S.S., Krivoruchko S.V., Ponomarenko D.G., Borshchev E.A. Modern view on the features of lifetime diagnosis and immunogenesis in calves in the mother – offspring system in bovine leukemia. *Veterinary Pathology*. 2010;(1):6–9. (In Russ.). EDN OBMMZZ
- Генджиев А.Я., Джапова В.В., Чимидова Н.В., Убушиева А.В., Оробец В.А. Лейкоз крупного рогатого скота мясных пород и его взаимосвязь с группами крови. *Аграрный вестник Северного Кавказа*. 2024;3(55):4–8.
Gendzhiev A.Y., Dzhapsova V.V., Chimidova N.V., Ubushieva A.V., Orobets V.A. Leukosis of beef cattle and its relationship with blood groups. *Agrarian Bulletin of the North Caucasus*. 2024;3(55):4–8. (In Russ.).
- Генджиев А.Я., Абакин С.С. Значение комплексной диагностики при оздоровлении хозяйств Калмыкии от лейкоза крупного рогатого скота. *Ветеринарная патология*. 2018;4(66):12–19.
Gendzhiev A.Y., Abakin S.S. The importance of comprehensive diagnosis in the recovery of Kalmykia farms from bovine leukemia. *Veterinary Pathology*. 2018;4(66):12–19. (In Russ.).
- Генджиева О.Б. Филогенетическое сравнение вируса лейкоза крупного рогатого скота. *Вестник Калмыцкого университета*. 2012;2(14):10–16.
Gendzhieva O.B. Phylogenetic comparison of bovine leukemia virus. *Bulletin of Kalmyk University*. 2012;2(14):10–16. (In Russ.).
- Гулюкин М.И., Иванова Л.А., Генджиева О.Б., Козырева Н.Г. Генотипирование изолятов ВЛКРС, распространенных на территории Республики Калмыкия. *Ветеринария Кубани*. 2012;(4):4–7.
Gulyukin M.I., Ivanova L.A., Gendzhieva O.B., Kozyreva N.G. Genotyping of BLV isolates spread at the territory of the Republic of Kalmykia. *Veterinaria Kubani*. 2012;(4):4–7. (In Russ.).

6. Гулюкин М.И., Барабанов И.И., Иванов Л.А. и др. Мониторинг эпизоотической ситуации по лейкозу крупного рогатого скота в товарных и племенных хозяйствах РФ за 2014–2015 гг. *Ветеринария и кормление*. 2016;(4):4–41. EDN WFIZOZ
Gulyukin M.I., Barabanov I.I., Ivanov L.A. et al. Monitoring of the epizootic situation of bovine leukemia in commercial and breeding farms of the Russian Federation for 2014–2015. *Veterinary Medicine and Feeding*. 2016;(4):4–41. (In Russ.). EDN WFIZOZ
7. Донник И.М., Петропавловский М.В., Макутина В.А., Гулюкин М.И., Барсуков Ю.И. Современная ситуация по распространению лейкоза крупного рогатого скота в Российской Федерации. *Ветеринария*. 2024;11:18–22. <https://doi.org/10.30896/0042-4846.2024.27.11.18-22>
Donnik I.M., Petropavlovsky M.V., Makutina V.A., Gulyukin M.I., Barsukov Y.I. Current situation of bovine leukemia virus spread in the Russian Federation. *Veterinary Medicine*. 2024;11:18–22. (In Russ.). <https://doi.org/10.30896/0042-4846.2024.27.11.18-22>
8. Козырева Н.Г. Филогенетический анализ участка гена pol изолятов провируса лейкоза КРС, обнаруженных у животных из различных хозяйств регионов Российской Федерации. *Доклады РАСХН*. 2011;(6):48–50.
Kozyreva N.G. Phylogenetic analysis of the pol gene fragment of bovine leukemia virus isolates detected in animals from various farms in the regions of the Russian Federation. *Vestnik RASHN*. 2011;(6):48–50. (In Russ.).
9. Крикун В.А. Лейкоз крупного рогатого скота и иммунологическая толерантность. *Ветеринария*. 2002;(6):7–9.
Krikun V.A. Bovine leukemia and immunological tolerance. *Veterinary Medicine*. 2002;(6):7–9. (In Russ.).
10. Прохвятилова Л.Б., Ломакин А.И., Колосов С.Н., Дрыгин В.В., Рыбаков С.С., Гусев А.А. Диагностика лейкоза КРС методом полимеразной цепной реакции. *Вестник РАСХН*. 1998;(5):65–68.
Prokhvatilova L.B., Lomakin A.I., Kolosov S.N., Drygin V.V., Rybakov S.S., Gusev A.A. Diagnosis of cattle leukemia by polymerase chain reaction method. *Vestnik RASHN*. 1998;(5):65–68. (In Russ.).
11. Руденко А.В., Басангова Р.В., Убушиева А.В., Генджиев А.Я., Моисейкина Л.Г., Генджиева О.Б. Детекция провирусной ДНК BLV в иксодовых клещах. *Ветеринария Кубани*. 2015;(5):10–13.
Rudenko A.V., Basangova R.V., Ubushieva A.V., Gendzhiev A.Y., Moiseikina L.G., Gendzhieva O.B. Detection of proviral DNA of BLV in ixodid ticks. *Veterinaria Kubani*. 2015;(5):10–13. (In Russ.).
12. Убушиева А.В., Убушиева В.С., Натиров А.К., Чимидова Н.В., Генджиев А.Я. Влияние детекции провирусной ДНК-BLV в иксодовых клещах на распространение вируса лейкоза. *Стратегия развития АПК России на основе рационального использования региональных генетических и сырьевых ресурсов : материалы Международной научно-практической конференции*. Волгоград, 2024. С. 25–30.
Ubushieva A.V., Ubushieva V.S., Natyrov A.K., Chimidova N.V., Gendzhiev A.Y. The influence of proviral DNA-BLV detection in ixodid ticks on the spread of the virus leukemia. *Strategy for the Development of the Agro-Industrial Complex of Russia Based on the Rational Use of Regional Genetic and Raw Material Resources : proceedings of the International Scientific and Practical Conference*. Volgograd, 2024. P. 25–30. (In Russ.).
13. Abakin S.S., Krasovskaya T.L. On the protection of cattle breeding stock from infectious diseases in the farms of Stavropol Krai. *Collection of scientific works of the All-Russian Research Institute of Sheep and Goat Breeding*. 2014;2:335–340.
14. Felmer R.G. Molecular analysis of a 444 bp fragment of the BLV gp51 env gene reveals a high frequency of non-silent point mutations and suggests the presence of two subgroups of BLV in Chile. *Vet. Microbiology*. 2005;108:39–47. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2005.04.005>
15. Gendzhiev A.Y., Mashtykov S.S., Ubushieva V.S., Ubushieva A.V., Abakin S.S. Development of anti-leukemia measures in livestock farms of Kalmykia on the basis of complex diagnosis of the disease. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. 2020;012074. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/422/1/012074>
16. Gulyukin M.I., Kozyreva N.G., Genjieva O.B., Ivanova L.A. Genotyping of BLV isolates distributed in the territory of the Republic of Kalmykia. *Veterinaria Kubani*. 2012;4.
17. Licursi M., Inoshima Y., Wu D., Yokoyama T., Gonzales E.T., Sentsui H. Genetic heterogeneity of bovine leukemia virus genotypes and its relation to humoral responses in hosts. *Virus Research*. 2002;86:101–110. [https://doi.org/10.1016/s0168-1702\(02\)00059-x](https://doi.org/10.1016/s0168-1702(02)00059-x)

18. Polat M., Takeshima S., Aida Y. Epidemiology and genetic diversity of bovine leukemia virus. *Virology Journal*. 2017;14:209. <https://doi.org/10.1186/s12985-017-0876-4>
19. Polat M., Takeshima S., Hosomichi K. et al. A new genotype of bovine leukemia virus in South America identified by NGS-based whole genome sequencing and molecular evolutionary genetic analysis. *Retrovirology*. 2016;13:4. <https://doi.org/10.1186/s12977-016-0239-z>
20. Kobayashi T., Inagaki Y., Ohnuki N., Sato R., Murakami S., Imakawa K. Increasing Bovine leukemia virus (BLV) proviral load is a risk factor for progression of Enzootic bovine leucosis: A prospective study in Japan. *Preventive Veterinary Medicine*. 2019;178:104680. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2019.04.009>

СВЕДЕНИЯ ОБ АВТОРАХ

Генджи́ев Алекса́ндр Ялмтаевич – кандидат ветеринарных наук, доцент, Калмыцкий государственный университет имени Б. Б. Городовикова, г. Элиста, Россия
<https://orcid.org/0009-0005-3946-689X>
SPIN-код: [6864-1547](https://orcid.org/0009-0005-3946-689X)
gend-alex08@mail.ru

Гулюкин Михаил Иванович – доктор ветеринарных наук, профессор, академик РАН, Федеральный научный центр – Всероссийский научно-исследовательский институт экспериментальной ветеринарии имени К. И. Скрябина и Я. Р. Коваленко Российской академии наук, г. Москва, Россия
<https://orcid.org/0000-0002-7489-6175>
SPIN-код: [3910-2067](https://orcid.org/0000-0002-7489-6175)
gulukin@viev.ru

Убушиева Алтана Вадимовна – кандидат биологических наук, старший преподаватель, Калмыцкий государственный университет имени Б. Б. Городовикова, г. Элиста, Россия
<https://orcid.org/0000-0002-9916-7972>
SPIN-код: [7219-0185](https://orcid.org/0000-0002-9916-7972)
ameli-altanas@mail.ru

Чими́дова Наде́жда Васи́льевна – кандидат биологических наук, доцент, Калмыцкий государственный университет имени Б.Б. Городовикова, г. Элиста, Россия
<https://orcid.org/0000-0003-3043-091X>
SPIN-код: [3221-7432](https://orcid.org/0000-0003-3043-091X)
nadezhdatchimidova@yandex.ru

Оробе́ц Влади́мир Алекса́ндрович – доктор ветеринарных наук, профессор, Ставропольский государственный аграрный университет, г. Ставрополь, Россия
<https://orcid.org/0000-0002-4774-263X>
SPIN-код: [6207-2121](https://orcid.org/0000-0002-4774-263X)
orobets@yandex.ru

ABOUT THE AUTHORS

Alexander Y. Gendzhiev – Cand. Sci.(Vet.), Assoc. Prof., Kalmyk State University named after B. B. Gorodovikov, Elista, Russia
<https://orcid.org/0009-0005-3946-689X>
gend-alex08@mail.ru

Mikhail I. Gulyukin – Dr. Sci. (Vet.), Prof., Academician of the Russian Academy of Sciences, Federal Research Center – All-Russian Research Institute of Experimental Veterinary Medicine named after K. I. Scriabin and Ya. R. Kovalenko of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia
<https://orcid.org/0000-0002-7489-6175>
gulukin@viev.ru

Altana V. Ubushieva – Cand. Sci.(Biol.), Sen. Lec. Kalmyk State University named after B. B. Gorodovikov, Elista, Russia
<https://orcid.org/0000-0002-9916-7972>
ameli-altanas@mail.ru

Nadezhda V. Chimidova – Cand. Sci.(Biol.), Assoc. Prof., Kalmyk State University named after B. B. Gorodovikov, Elista, Russia
<https://orcid.org/0000-0003-3043-091X>
nadezhdatchimidova@yandex.ru

Vladimir A. Orobets – Dr. Sci. (Vet.), Prof., Stavropol State Agrarian University, Stavropol, Russia
<https://orcid.org/0000-0002-4774-263X>
orobets@yandex.ru