

DOI: 10.21055/0370-1069-2023-2-140-145

УДК 616.9:578.835(574)

А.К. Наханов, Х.Б. Абеуов, З.Д. Омарова, Т.Т. Ермекбай, Е.Д. Бурашев, М.Б. Орынбаев

Первый случай ящура O/ME-SA/IND-2001 в Казахстане

РГП на ПХВ «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности»
Министерства здравоохранения Республики Казахстан, пгт. Гвардейский, Республика Казахстан

В Казахстане вспышки ящура регистрировались в 2011–2013 гг. в южных и восточных областях, в которых проводится вакцинация от ящура. В январе 2022 г. в с. Киикты Шетского района Карагандинской области Республики Казахстан отмечены случаи заболевания крупного рогатого скота (КРС), клинически сходные с ящуром. **Целью** исследования явилось установление причины возникновения болезни и типирование возбудителя. **Материалы и методы.** Пробы от больных животных анализировали в ПЦР, секвенировали и типировали согласно протоколу, разработанному Международным эпизоотическим бюро. **Результаты и обсуждение.** В культуре клеток ВНК-21 выделен цитопатогенный агент, идентифицированный методом ОТ-ПЦР-РВ и электронномикроскопически как вирус ящура. С целью определения происхождения вирусов проведено секвенирование и анализ нуклеотидной последовательности. В результате проведенных молекулярно-генетических исследований установлено, что заболевание КРС в Карагандинской области вызвано вирусом ящура, циркулирующим на территории приграничных с Казахстаном стран (Китай, Россия, Монголия) и относящимся к типу О, топотипу ME-SA генетической линии Ind-2001. Выделенный на территории Казахстана вирус ящура генетически связан с линией ящура из Азии и является новым для Казахстана генотипом, отнесенным к топотипу ME-SA генетической линии Ind-2001. Настоящее исследование еще раз доказывает необходимость постоянного генетического типирования вирусов ящура для повышения эффективности профилактических мероприятий.

Ключевые слова: ящур, ПЦР, секвенирование и типирование, топотип, генетическая линия.

Корреспондирующий автор: Наханов Азиз Куралбаевич, e-mail: aziz_nk@mail.ru.

Для цитирования: Наханов А.К., Абеуов Х.Б., Омарова З.Д., Ермекбай Т.Т., Бурашев Е.Д., Орынбаев М.Б. Первый случай ящура O/ME-SA/IND-2001 в Казахстане. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2023; 2:140–145. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-2-140-145

Поступила 21.09.2022. Отправлена на доработку 29.11.2022. Принята к публ. 09.12.2022.

A.K. Nakhanov, Kh.B. Abeuov, Z.D. Omarova, T.T. Ermekbai, E.D. Burashev, M.B. Orynbayev

The First Case of Foot-and-Mouth Disease Caused by O/ME-SA/IND-2001 Virus in Kazakhstan

Research Institute for Biological Safety Problems, uts Gvardeisky, Republic of Kazakhstan

Abstract. In Kazakhstan, foot-and-mouth disease (FMD) outbreaks were recorded in 2011–2013 in the southern and eastern regions where FMD vaccination is in place. In January 2022, in Kiikty village of the Shetsky district, Karaganda Region, Republic of Kazakhstan, cases among cattle clinically similar to foot-and-mouth disease were reported. **The aim** of the research was to establish the cause of the disease and to perform the typing of the pathogen. **Materials and methods.** Samples from sick animals were tested using PCR, sequenced and typed in compliance with the protocol developed by the International Office for Epizootic Diseases (OIE). **Results and discussion.** A cytopathogenic agent has been isolated from the BHK-21 cell culture, identified through real-time RT-PCR and electron microscopically as FMD virus. Molecular genetic studies have revealed that the infection of cattle in the Karaganda Region was caused by the FMD virus circulating in the territory of the countries bordering Kazakhstan (China, Russia, Mongolia) and belonging to type O, topotype ME-SA, genetic line Ind-2001. FMD virus isolated in Kazakhstan is genetically related to the FMD line from Asia and is a new FMDV genotype for Kazakhstan, assigned to the ME-SA topotype of the Ind-2001 genetic line. This study once again proves the need for continuous genetic typing of FMD viruses to improve the effectiveness of preventive measures.

Key words: foot-and-mouth disease, PCR, sequencing and typing, topotype, genetic line.

Conflict of interest: The authors declare no conflict of interest.

Funding: The work was carried out within the framework of the scientific and technical program “Biological safety of the Republic of Kazakhstan: threat assessment, scientific and technical foundations for their prevention and elimination” for 2021–2023.

Bioethics: All manipulations with animals were carried out in accordance with the Declaration of Helsinki (2013).

Acknowledgements: The authors express their gratitude to all the staff of the Laboratory for Monitoring of Infectious Diseases at the Research Institute for Biological Safety Problems, Ministry of Health of the Republic of Kazakhstan.

Corresponding author: Aziz K. Nakhanov, e-mail: aziz_nk@mail.ru.

Citation: Nakhanov A.K., Abeuov Kh.B., Omarova Z.D., Ermekbai T.T., Burashev E.D., Orynbayev M.B. The First Case of Foot-and-Mouth Disease Caused by O/ME-SA/IND-2001 Virus in Kazakhstan. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections].* 2023; 2:140–145. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2023-2-140-145

Received 21.09.2022. Revised 29.11.2022. Accepted 09.12.2022.

Nakhanov A.K., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6593-0271>
Abeuov Kh.B., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8123-9210>
Omarova Z.D., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4215-2638>

Ermekbai T.T., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1597-7784>
Burashev E.D., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4701-1992>
Orynbayev M.B., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5882-4964>

Ящур – широко известная трансграничная болезнь животных, признанная Руководящим комитетом Глобальной рамочной программы по прогрессивному контролю с трансграничными болезнями животных в Европе в качестве приоритетного заболевания. Ящур серьезно влияет на животноводство и нарушает региональную и международную торговлю животными и продуктами животного происхождения. Ящуром могут заболеть люди. Основной путь инфицирования людей – через сырое молоко больных животных и продукты его переработки, реже через мясо. У лиц, непосредственно контактирующих с больными животными, возможна прямая передача инфекции (при доении, уходе, лечении, убое), воздушно-капельный путь заражения (при дыхании, кашле животных), а также через предметы, загрязненные их выделениями. Однако от человека к человеку инфекция не передается. Болезнь циркулирует среди 77 % мирового поголовья скота: в Африке, на Ближнем Востоке и в Азии, а также на ограниченной территории в Южной Америке [1, 2]. Страны, в настоящее время свободные от ящура без вакцинации, остаются под постоянной угрозой проникновения этой болезни на их территорию. Стремительная генетическая эволюция вирусов, геополитическая ситуация, бесконтрольное перемещение скота между регионами или странами, эндемичными по ящуру, вызывают обеспокоенность по поводу инфицирования новым генотипом или серотипом ящура.

Территория Республики Казахстан считалась благополучной по ящуру. При этом в 2015 г. девять областей на западе, в центре и на севере были при-

знаны зоной, свободной от ящура без вакцинации. А в 2017 г. еще пять регионов на юге и востоке получили статус свободных от ящура с вакцинацией (рис. 1).

Целью нашего исследования явилось установление причины возникновения заболевания крупного рогатого скота (КРС) в Карагандинской области в 2022 г. и типирование возбудителя.

Материалы и методы

В работе использовали биологические пробы от больных животных с подозрением на ящур, доставленные в январе 2022 г. из Кииктинского сельского округа Шетского района Карагандинской области.

Пробы (соскобы из ротовой полости) от больных животных отбирали в хозяйствах ветеринарные врачи в ходе рутинного надзора и их доставляли в Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности Министерства здравоохранения Республики Казахстан (НИИПББ МЗ РК) для постановки диагноза и определения происхождения вируса.

Материал из зева отбирали, аккуратно прижимая язык шпатель и вводя стерильный ватный тампон. Движением тампона вперед и назад собирали материал с задней поверхности глотки, миндалин и участков воспаления или изъязвления.

Материал из носовой полости брали для выявления носительства вируса ящура. С этой целью вводили стерильный ватный тампон (предварительно смоченный в физиологическом растворе) в носовой

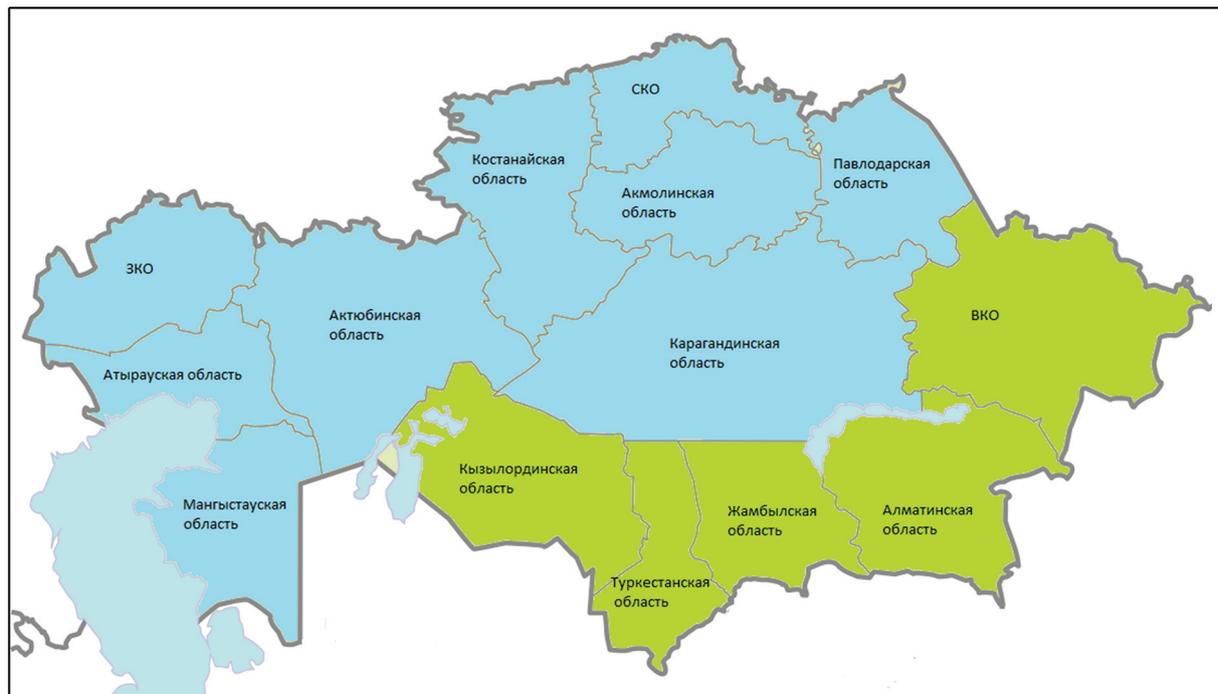


Рис. 1. Районирование территории Казахстана на зоны, свободные от ящура без вакцинации (выделены голубым цветом) и с вакцинацией (выделены зеленым цветом)

Fig. 1. Zoning of the territory of Kazakhstan into areas free from FMD without vaccination (highlighted in blue) and with vaccination (highlighted in green)

ход до упора на уровне носовой раковины и вращательными движениями тампона собирали материал со слизистой оболочки. Также процедуру повторяли в другом носовом ходу.

Выделение РНК вируса ящура, ПЦР, секвенирование и типирование проводили согласно протоколу RT-PCR and Sequencing Protocols for the Molecular Epidemiology of Exotic Virus Diseases of Animals, разработанному в OIE/FAO World Reference Laboratory for Foot-and-Mouth Disease, Institute for Animal Health, Pirbright Laboratory, United Kingdom [3].

Для выделения РНК вируса ящура из биоматериалов использованы наборы Viral RNA MiniKit фирмы Qiagen согласно рекомендациям изготовителя.

Обнаружение вируса ящура проводили методом ОТ-ПЦР-РВ с помощью набора «Вирус ящура-РВ» фирмы «Синтол». Реакции проводили в амплификаторе RotorGene фирмы Qiagen при следующих условиях: при температуре 55 °С в течение 900 с, 95 °С в течение 300 с, денатурации – 95 °С в течение 15 с и 60 °С в течение 40 с. Последние два шага повторены в течение 50 циклов с последующей выдержкой при температуре 4 °С согласно инструкции по применению набора.

Идентификацию вируса ящура проводили в ПЦР с последующим секвенированием наработанных ПЦР-продуктов. Для этого использовали специфические праймеры, а также набор для постановки ОТ-ПЦР OneStepRT-PCR Kit фирмы Qiagen.

Для наработки ПЦР-продуктов вируса ящура типа А использовали праймеры NK61 и А-1С562, а для типа О использовали праймеры NK61 и ARS-4 [4]: NK61 – GACATGTCCTCCTGCATCTG; А-1С562 – TACCAAATACACACGGGAA; ARS-4 – ACCAACCTCCTTGATGTGGCT.

При использовании праймеров NK61 и А-1С562 должен наработаться ПЦР-продукт размером 863–866 п.о., характерный для вируса ящура типа А, тогда как для типа О, с праймерами NK61 и ARS-4, размер ПЦР-ампликонов должен соответствовать 1301 п.о.

ПЦР-анализ проводили с использованием OneStepRT-PCR kit (Qiagen). Реакционная смесь состояла из 20 пмоль/мкл прямых и обратных праймеров, использовали воду, свободную от РНКазы, и 5 мкл кДНК в реакционном объеме 25 мкл. Постановку ОТ-ПЦР проводили с праймерами NK61, ARS-4 и А-1С562, рекомендованными N.J. Knowles *et al.* [4]. Реакции проводили в амплификаторе MasterCycler фирмы Eppendorf при следующих условиях: при температуре 55 °С в течение 30 мин, 95 °С в течение 15 мин, денатурации – 94 °С в течение 10 с, 55 °С в течение 30 сек и 72 °С в течение 1 мин. Эти три шага повторены в 40 циклах с последующей выдержкой при температуре от 4 °С.

Электрофорез продуктов амплификации проводили в аппарате для горизонтального электрофореза BioRad при напряжении 10 В/см. Для электрофореза использовали 2,0 % (вес/объем) суспензию агарозы с 0,5 мкг/мл бромистого этидия. Разделение продуктов

амплификации проводили в ТАЕ-буфере. В качестве маркера молекулярных масс использовали GelPilot 1 kbPlusLadder фирмы Qiagen.

Документирование полученных результатов проводили при помощи системы фотодокументирования с трансиллюминатором и цифровой фотокамерой BioRad.

Секвенирование осуществляли методом терминирующих дидезоксинуклеотидов (метод Сенгера) на автоматическом 16-капиллярном секвенаторе GeneticAnalyser 3130xl, AppliedBiosystems. В качестве полимера для капилляров использовали POP-7. Нарботку терминирующих продуктов нуклеиновых кислот проводили методом циклического секвенирования.

Анализ нуклеотидных последовательностей генов или их отдельных фрагментов проводили с помощью различных пакетов компьютерных программ, таких как VectorNTISuite 9, BLAST, BioEdit 7.0.

Филогенетический анализ проведен посредством использования программного обеспечения MEGA 11 с использованием метода Neighbor-Joining. Консенсусное дерево начальной загрузки, полученное с использованием 1000 реплик (bootstrap test), взято для представления истории эволюции анализируемых таксонов. Эволюционные расстояния рассчитаны с использованием двухпараметрического метода Кимуры и выражены в единицах количества замен оснований на сайт [5, 6].

Результаты и обсуждение

В начале января 2022 г. в крестьянском хозяйстве села Киикты Шетского района Карагандинской области произошла вспышка ящура у КРС. Заболевание характеризовалось повышением температуры тела, угнетением дыхания, хромотой, обильными истечениями из ротовой полости, поражением слизистой оболочки ротовой полости (рис. 2). На основании клинических признаков поставлен предварительный диагноз «ящур».

Специалистами ветеринарной службы отобран биологический материал от больных животных и



Рис. 2. Клинические признаки заболевания КРС

Fig. 2. Clinical signs of the disease in cattle

передан в НИИПББ МЗ РК для подтверждения предварительного диагноза и типирования возбудителя. Поступившие образцы подвергнуты комплексному вирусологическому исследованию. В результате проведенных исследований методом ПЦР в реальном времени в образцах от больных животных выявлен вирус ящура. В культуре клеток ВНК-21 выделен цитопатогенный агент, идентифицированный методом ОТ-ПЦР-РВ и электронномикроскопически как вирус ящура.

С целью определения происхождения вирусов проведено секвенирование и анализ нуклеотидной последовательности. В результате проведенных молекулярно-генетических исследований установлено, что заболевание КРС в Карагандинской области вызвано вирусом ящура, относящимся к типу О, топотипу ME-SA генетической линии Ind-2001 (рис. 3). По результатам исследований все животные в очаге уничтожены, а в регионе проведена профилактическая вакцинация.

Существуют семь серотипов ящура: А, О, С, Азия 1, SAT1, SAT2 и SAT3, – среди которых серотип О имеет наибольшее распространение в мире. Линия O/ME-SA/Ind-2001, впервые зарегистрированная в Индии в 2001 г. [7], распространилась по всему миру и имеет 5 сублиний O/ME-SA/Ind-2001a-e [8, 9]. К 2009 г. линия O/ME-SA/Ind-2001 (Ind-2001d) стала преобладающим вирусом серотипа О, вызывающим эпидемии в Индии [10], и, по-видимому, вытеснила доминирующую линию O/ME-SA/PanAsia.

Линия O/ME-SA/Ind-2001, аборигенная для Индийского субконтинента, вызвала вспышки в Северной Африке, на Ближнем Востоке, в Юго-Восточной Азии, на Дальнем Востоке и на острове Маврикий, свободном от ящура, в период с 2013 по 2017 г. После единичной вспышки 2009 г. в Иране [11] линия Ind-2001 также стала причиной масштабных эпидемий в Северной Африке и на Ближнем Востоке в 2013–2014 гг. и в Юго-Восточной Азии в 2015 г. [12].

В 2017 г. А.М. Тимина и соавт. сообщают о вспышке ящура в населенных пунктах Среднеаргунск, Падь Широкая и Кайластуй Забайкальского края Российской Федерации, причиной которой явилась линия O/ME-SA/Ind-2001d, которая ранее никогда не регистрировалась в России [13]. S. Ryoo *et al.* сообщают о вспышке ящура в Камбодже в период с января по март 2019 г., причиной которой также явилась линия O/ME-SA/Ind-2001e, хотя предыдущие вспышки ящура были вызваны линиями PanAsia и Муа-98 серотипа О и линией Sea-97 серотипа А [8]. В период 2019–2020 гг. вспышки ящура указанной линии регистрировались и в десяти районах двух провинций на северо-востоке и северо-западе Пакистана [14]. С марта 2021 г. регистрируется эпизоотия ящура, вызванная вирусом типа O/ME-SA/Ind-2001e в 20 провинциях Монголии [15]. В декабре 2021 г. вспышка ящура типа O/ME-SA/Ind-2001e зарегистрирована вблизи границы с Казахстаном в г. Карагач Беляевского района Оренбургской об-

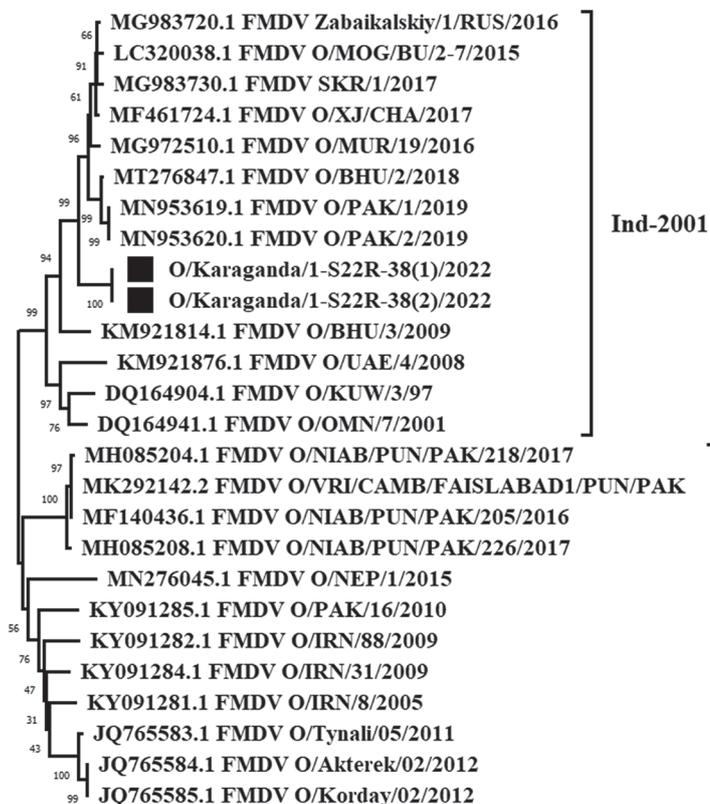


Рис. 3. Филогенетическое древо на основе VP-1 гена вируса ящура. Квадратом выделены казахстанские штаммы вируса ящура, принадлежащие к генетической линии O/ME-SA/Ind-2001

Fig. 3. Phylogenetic tree based on the FMDV VP-1 gene. Kazakhstan strains of FMDV belonging to the O/ME-SA/Ind-2001 genetic lineage are marked with a square

ласти [16]. Эти данные показывают способность этой линии не только закрепляться на эндемическом уровне, но и быстро распространяться на большие расстояния [17, 18].

Как показано нами ранее, последние вспышки ящура в Казахстане в период 2011–2013 гг. были вызваны 4 различными вариантами вируса ящура. А именно: 8 вспышек вызваны вирусом ящура O/PanAsia-2, 7 вспышек – вирусом O/PanAsia, 2 вспышки – вирусом A/Iran-05 и 4 вспышки – вирусом A/SEA-97 топотипа ME-SA [19]. Результаты исследований, представленные в данной работе показали, что вспышка в Карагандинской области вызвана генетической линией O/ME-SA/Ind-2001.

В квартальном отчете Продовольственной и сельскохозяйственной организации ООН указано, что линия вируса ящура, вызвавшая вспышки в Монголии, России и Казахстане, представляет собой дальнейшее распространение линии O/ME-SA/Ind-2001e, и отмечена вероятность новых угроз, исходящих от пути из Восточной в Среднюю Азию [15, 16].

Учитывая вышесказанное, можно ожидать доминирующую роль этой линии в последующем и на основании этого определять приоритетные штаммы для вакцинации скота против ящура.

Таким образом, результаты наших исследований подтверждают, что причиной заболевания КРС в Карагандинской области является новый для Казахстана вирус ящура, отнесенный к топотипу ME-SA генетической линии Ind-2001. Исследования показали, что выделенный на территории Казахстана вирус ящура генетически связан с линией ящура из Азии. Вспышка ящура связана с трансграничным переносом заболевания из соседних неблагополучных стран и бесконтрольным передвижением животных. Учитывая тот факт, что в северных регионах вакцинация не проводится, существует высокий риск распространения заболевания. Данное исследование еще раз доказывает необходимость постоянного генетического типирования вирусов ящура.

Конфликт интересов. Авторы подтверждают отсутствие конфликта финансовых/нефинансовых интересов, связанных с написанием статьи.

Финансирование. Работа выполнена в рамках научно-технической программы «Биологическая безопасность Республики Казахстан: оценка угроз, научно-технические основы их предупреждения и ликвидации» на 2021–2023 гг.

Биоэтика. Все манипуляции с животными проводились в соответствии с Хельсинской декларацией 2013 г.

Благодарность. Авторы выражают признательность всем сотрудникам лаборатории мониторинга инфекционных болезней Научно-исследовательского института проблем биологической безопасности Министерства здравоохранения Республики Казахстан.

Список литературы

1. WOAH – Foot-and-mouth-disease. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.woah.org/en/disease/foot-and-mouth-disease/>.
2. OIE/FAO Reference Laboratory Network for Foot-and-Mouth Disease. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.foot-and-mouth.org>.
3. WRLFMD – FMDV Genome. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.wrlfmd.org/foot-and-mouth-disease/fmdv-genome>.
4. Knowles N.J., Samuel A.R. Molecular techniques in foot-and-mouth disease epidemiology. In: Towards Livestock Disease Diagnosis and Control in the 21st Century. Proceedings of an International Symposium on Diagnosis and Control of Livestock Diseases Jointly Organized by the International Atomic Energy Agency and the Food and Agriculture Organization of the United Nations. Vienna, 1997 Apr 7–11. Vienna: International Atomic Energy Agency; 1998. P. 185–201.
5. Kimura M. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J. Mol. Evol.* 1980; 16(2):111–20. DOI: 10.1007/BF01731581.
6. Tamura K., Stecher G., Kumar S. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Mol. Biol. Evol.* 2021; 38(7):3022–27. DOI: 10.1093/molbev/msab120.
7. Hemadri D., Tosh C., Sanyal A., Venkataraman R. Emergence of a new strain of type O foot-and-mouth disease virus: its phylogenetic and evolutionary relationship with the PanAsia pandemic strain. *Virus Genes.* 2002; 25(1):23–34. DOI: 10.1023/a:1020165923805.
8. Ryoo S., Lee H., Lim D.R., Lee J.W., Bunnary S., Tum S., Lee D.S., Hwang H., Jeong S., Nah J., Ku B.K., Kim J.M., Cha S.H. Identification of the O/ME-SA/Ind-2001e sublineage of foot-and-mouth disease virus in Cambodia. *Front. Vet. Sci.* 2021; 8:749966. DOI: 10.3389/fvets.2021.749966.
9. Blacksell S.D., Siengsan-Lamont J., Kamolsiripichaiorn S., Gleeson L.J., Windsor P.A. A history of FMD research and control programmes in Southeast Asia: lessons from the past informing the future. *Epidemiol. Infect.* 2019; 147:e171. DOI: 10.1017/S0950268819000578.
10. Subramaniam S., Mohapatra J.K., Sharma G.K., Biswal J.K., Ranjan R., Rout M., Das B., Dash B.B., Sanyal A., Pattnaik B. Evolutionary dynamics of foot-and-mouth disease virus O/ME-SA/Ind2001 lineage. *Vet. Microbiol.* 2015; 178(3-4):181–9. DOI: 10.1016/j.vetmic.2015.05.015.
11. Knowles N.J., Bachanek-Bankowska K., Wadsworth J., Mioulet V., Valdazo-González B., Eldaghayes I.M., Dayhum A.S., Kammon A.M., Sharif M.A., Waight S., Shamia A.M., Tenzin S., Wernery U., Grazioli S., Brocchi E., Subramaniam S., Pattnaik B., King D.P. Outbreaks of foot-and-mouth disease in Libya and Saudi Arabia during 2013 due to an exotic O/ME-SA/Ind-2001 lineage virus. *Transbound. Emerg. Dis.* 2016; 63(5):e431–5. DOI: 10.1111/tbed.12299.
12. Qiu Y., Abila R., Rodtian P., King D.P., Knowles N.J., Ngo L.T., Le V.T., Khounsy S., Bounma P., Lwin S., Verin B.C., Widders P. Emergence of an exotic strain of serotype O foot-and-mouth disease virus O/ME-SA/Ind-2001d in South-East Asia in 2015. *Transbound. Emerg. Dis.* 2018; 65(1):e104–e112. DOI: 10.1111/tbed.12687.
13. Тимина А.М., Зиняков Н.Г., Щербakov А.В., Лозовой Д.А. Филогенетический анализ изолятов вируса ящура, выявленных на постсоветском пространстве и в Монголии в 2016 году. *Ветеринария сегодня.* 2017; 4:3–8.
14. Jamal S.M., Khan S., Knowles N.J., Wadsworth J., Hicks H.M., Mioulet V., Bin-Tarif A., Ludi A.B., Shah S.A.A., Abubakar M., Manzoor S., Afzal M., Eschbaumer M., King D.P., Belsham G.J. Foot-and-mouth disease viruses of the O/ME-SA/Ind-2001e sublineage in Pakistan. *Transbound. Emerg. Dis.* 2021; 68(6):3126–35. DOI: 10.1111/TBED.14134.
15. Bodisaikhan Kh. FMD Situation and its Prevention & Control. MONGOLIA [Электронный ресурс]. URL: https://tr-asia.woah.org/wp-content/uploads/2022/03/05_mongolia.pdf.
16. FAO. Foot-and-Mouth Disease. Quarterly Report, January–March 2022. Rome. DOI: 10.4060/cc0196en.
17. Bachanek-Bankowska K., Wadsworth J., Gray A., Abouchoaib N., King D.P., Knowles N.J. Genome sequence of foot-and-mouth disease virus serotype O isolated from Morocco in 2015. *Genome Announc.* 2016; 4(2):e01746–15. DOI: 10.1128/genomeA.01746-15.
18. Valdazo-González B., Knowles N.J., King D.P. Genome sequences of foot-and-mouth disease virus O/ME-SA/Ind-2001 lineage from outbreaks in Libya, Saudi Arabia, and Bhutan during 2013. *Genome Announc.* 2014; 2(2):e00242–14. DOI: 10.1128/genomeA.00242-14.
19. Орынбаев М.Б., Закарья К.Д., Хайруллин Б.М., Керимбаев А.А., Омарова З.Д., Копеев С.К., Строчков В.М., Султанкулова К.Т. Молекулярная эпидемиология ящура в Республике Казахстан в 2011–2013 годы. *Биобезопасность и биотехнология.* 2021; 6:19–30.

References

1. WOAHA – Foot-and-mouth-disease. [Internet]. Available from: <https://www.woha.org/en/disease/foot-and-mouth-disease/>.
2. OIE/FAO Reference Laboratory Network for Foot-and-Mouth Disease. [Internet]. Available from: <https://www.foot-and-mouth.org>.
3. WRLFMD – FMDV Genome. [Internet]. Available from: <https://www.wrlfmd.org/foot-and-mouth-disease/fmdv-genome>.
4. Knowles N.J., Samuel A.R. Molecular techniques in foot-and-mouth disease epidemiology. In: Towards Livestock Disease Diagnosis and Control in the 21st Century. Proceedings of an International Symposium on Diagnosis and Control of Livestock Diseases Jointly Organized by the International Atomic Energy Agency and the Food and Agriculture Organization of the United Nations. Vienna, 1997 Apr 7–11. Vienna: International Atomic Energy Agency; 1998. P. 185–201.
5. Kimura M. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J. Mol. Evol.* 1980; 16(2):111–20. DOI: 10.1007/BF01731581.
6. Tamura K., Stecher G., Kumar S. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Mol. Biol. Evol.* 2021; 38(7):3022–27. DOI: 10.1093/molbev/msab120.
7. Hemadri D., Tosh C., Sanyal A., Venkataraman R. Emergence of a new strain of type O foot-and-mouth disease virus: its phylogenetic and evolutionary relationship with the PanAsia pandemic strain. *Virus Genes.* 2002; 25(1):23–34. DOI: 10.1023/a:1020165923805.
8. Ryoo S., Lee H., Lim D.R., Lee J.W., Bunnary S., Tum S., Lee D.S., Hwang H., Jeong S., Nah J., Ku B.K., Kim J.M., Cha S.H. Identification of the O/ME-SA/Ind-2001e sublineage of foot-and-mouth disease virus in Cambodia. *Front. Vet. Sci.* 2021; 8:749966. DOI: 10.3389/fvets.2021.749966.
9. Blacksell S.D., Siengsan-Lamont J., Kamolsiripichaiorn S., Gleeson L.J., Windsor P.A. A history of FMD research and control programmes in Southeast Asia: lessons from the past informing the future. *Epidemiol. Infect.* 2019; 147:e171. DOI: 10.1017/S0950268819000578.
10. Subramaniam S., Mohapatra J.K., Sharma G.K., Biswal J.K., Ranjan R., Rout M., Das B., Dash B.B., Sanyal A., Pattnaik B. Evolutionary dynamics of foot-and-mouth disease virus O/ME-SA/Ind2001 lineage. *Vet. Microbiol.* 2015; 178(3-4):181–9. DOI: 10.1016/j.vetmic.2015.05.015.
11. Knowles N.J., Bachanek-Bankowska K., Wadsworth J., Mioulet V., Valdazo-González B., Eldaghayes I.M., Dayhum A.S., Kammon A.M., Sharif M.A., Waight S., Shamia A.M., Tenzin S., Wernery U., Grazioli S., Brocchi E., Subramaniam S., Pattnaik B., King D.P. Outbreaks of foot-and-mouth disease in Libya and Saudi Arabia during 2013 due to an exotic O/ME-SA/Ind-2001 lineage virus. *Transbound. Emerg. Dis.* 2016; 63(5):e431–5. DOI: 10.1111/tbed.12299.
12. Qiu Y., Abila R., Rodtian P., King D.P., Knowles N.J., Ngo L.T., Le V.T., Khounsy S., Bounma P., Lwin S., Verin B.C., Widders P. Emergence of an exotic strain of serotype O foot-and-mouth disease virus O/ME-SA/Ind-2001d in South-East Asia in 2015. *Transbound. Emerg. Dis.* 2018; 65(1):e104–e112. DOI: 10.1111/tbed.12687.
13. Timina A.M., Zinyakov N.G., Shcherbakov A.V., Lozovoy D.A. [Phylogenetic analysis of foot-and-mouth disease virus isolates identified in the post-Soviet space and in Mongolia in 2016]. *Veterinariya Segodnya [Veterinary Science Today]*. 2017; (4):3–8.
14. Jamal S.M., Khan S., Knowles N.J., Wadsworth J., Hicks H.M., Mioulet V., Bin-Tarif A., Ludi A.B., Shah S.A.A., Abubakar M., Manzoor S., Afzal M., Eschbaumer M., King D.P., Belsham G.J. Foot-and-mouth disease viruses of the O/ME-SA/Ind-2001e sublineage in Pakistan. *Transbound. Emerg. Dis.* 2021; 68(6):3126–35. DOI: 10.1111/TBED.14134.
15. Bodisaikhan Kh. FMD Situation and its Prevention & Control. MONGOLIA [Internet]. Available from: https://tr-asia.woha.org/wp-content/uploads/2022/03/05_mongolia.pdf.
16. FAO. Foot-and-Mouth Disease. Quarterly Report, January–March 2022. Rome. DOI: 10.4060/cc0196en.
17. Bachanek-Bankowska K., Wadsworth J., Gray A., Abouchoaib N., King D.P., Knowles N.J. Genome sequence of foot-and-mouth disease virus serotype O isolated from Morocco in 2015. *Genome Announc.* 2016; 4(2):e01746–15. DOI: 10.1128/genomeA.01746-15.
18. Valdazo-González B., Knowles N.J., King D.P. Genome sequences of foot-and-mouth disease virus O/ME-SA/Ind-2001 lineage from outbreaks in Libya, Saudi Arabia, and Bhutan during 2013. *Genome Announc.* 2014; 2(2):e00242–14. DOI: 10.1128/genomeA.00242-14.
19. Orynbayev M.B., Zakar'ya K.D., Khairullin B.M., Kerimbaev A.A., Omarova Z.D., Kopeev S.K., Strochkov V.M., Sultankulova K.T. [Molecular epidemiology of FMD in the Republic of Kazakhstan in 2011–2013]. *Biobezopasnost' i Biotekhnologiya [Biosafety and Biotechnology]*. 2021; (6):19–30.

Authors:

Nakhanov A.K., Abeuov Kh.B., Omarova Z.D., Ermekbai T.T., Burashev E.D., Orynbayev M.B. Research Institute for Biological Safety Problems. 15, B. Momysuly St., 080409, Gvardeisky, Kordaysky District, Zhambyl Region, 080409, Republic of Kazakhstan. E-mail: ribsp@biosafety.kz.

Об авторах:

Наханов А.К., Абеуов Х.Б., Омарова З.Д., Еркебай Т.Т., Бурашев Е.Д., Орынбаев М.Б. Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности Министерства здравоохранения Республики Казахстан. Республика Казахстан, 080409, Жамбылская область, Кордайский район, пгт. Гвардейский, ул. Б. Момышулы, 15. E-mail: ribsp@biosafety.kz.