

С.В.Борисевич, Т.Е.Сизикова, А.А.Петров, А.В.Карулин, В.Н.Лебедев

**НОДУЛЯРНЫЙ ДЕРМАТИТ: ПОЯВЛЕНИЕ НОВОЙ ПОКСВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИИ В РОССИИ***ФГБУ «48 Центральный научно-исследовательский институт» Министерства обороны Российской Федерации, Сергиев Посад, Российская Федерация*

Нодулярный дерматит представляет собой экзотическое для России поксвирусное заболевание. В обзоре рассмотрены отдельные эпизоотологические характеристики нодулярного дерматита, вопросы лабораторной диагностики заболевания, возможные причины расширения ареала распространения возбудителя, а также проведен филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей гена P32 вируса нодулярного дерматита. Отмечено, что с учетом экономического урона, вызываемого нодулярным дерматитом, чтобы не допустить возможности его распространения в неэнзоотические регионы необходимо активно использовать существующие эффективные средства специфической профилактики. Быстрое расширение ареала распространения нодулярного дерматита на территории РФ следует расценивать как фактор, несущий угрозу биологической безопасности страны.

*Ключевые слова:* биологическая безопасность, заразный узелковый дерматит, нодулярный дерматит, поксвирусы, полимеразная цепная реакция, филогенетический анализ.

*Корреспондирующий автор:* Борисевич Сергей Владимирович, e-mail: 48cnii@mail.ru.

S.V.Borisevich, T.E.Sizikova, A.A.Petrov, A.V.Karulin, V.N.Lebedev

**Nodular Dermatitis: Emergence of Novel Poxviral Infection in Russia***“48<sup>th</sup> Central Research Institute of the Ministry of Defense of the Russian Federation”, Sergiev Possad, Russian Federation*

Nodular dermatitis, (dermatitis nodularis), is an exotic for the Russian Federation poxviral disease. Some epizootical characteristics of it, problems of laboratory diagnostics, and possible reasons of extension of agent spread areal are discussed in this review. Phylogenetic analysis of P32 gene nucleotide sequences of dermatitis nodularis virus has also been conducted. It is noted that taking into account the economic loss caused by the disease and possibility of its import into non-enzootic regions, it is necessary to use existing effective means of specific prophylaxis extensively. The swift outspread of the disease in the Russian Federation should be considered as the risk factor for biological safety of our country.

*Key words:* biological safety, dermatitis nodularis, poxviruses, polymerase chain reaction, phylogenetic analysis.

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

*Corresponding author:* Sergey V. Borisevich, e-mail: 48cnii@mail.ru.

*Citation:* Borisevich S.V., Sizikova T.E., Petrov A.A., Karulin A.V., Lebedev V.N. Nodular Dermatitis: Emergence of Novel Poxviral Infection in Russia. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2018; 1:5–11. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2018-1-5-11

Нодулярный дерматит (синонимы: заразный узелковый дерматит, кожная бугорчатка, кожно-узелковая сыпь, болезнь кожного отека, лоскутная болезнь кожи; англ.: Lumpy skin disease, dermatitis nodularis) – вирусная контагиозная эмерджентная болезнь крупного рогатого скота (КРС), характеризующаяся лихорадкой, поражением лимфатической системы, отеками подкожной клетчатки, образованием кожных узелков, поражением органов зрения, слизистых оболочек органов дыхания и пищеварения. К заболеванию восприимчивы коровы, а также азиатские буйволы. Животные молочных пород являются более восприимчивыми к заболеванию [8, 10, 12]. До настоящего времени случаев заболевания среди людей не зарегистрировано.

Болезнь впервые выявлена в Замбии в 1929 г. и охарактеризована как аллергическая реакция на множественные укусы насекомых. Инфекционная природа болезни впервые установлена в 1943 г. [16]. В дальнейшем произошло расширение ареала распространения заболевания на всей территории

Африканского континента.

Возбудителем болезни является вирус нодулярного дерматита (англ. Lumpy skin disease virus), относящийся к группе *Neethling* рода *Capripoxvirus* подсемейства *Chordipoxvirus* семейства *Poxviridae*. Род *Capripoxvirus* представляет один из восьми родов подсемейства *Chordipoxvirus* [16, 22]. Вирусы внутри рода этого подсемейства являются антигенно родственными и способны формировать перекрестный защитный эффект [19, 22].

Вирус нодулярного дерматита является одним из самых больших по размеру среди известных вирусов человека и животных, вирионы имеют сферическую форму, диаметр вириона 300–450 нм [7]. Геномная ДНК вируса нодулярного дерматита имеет размер 150773 пары нуклеотидных остатков (п.н.о.) [18, 22]. Геном состоит из центрального кодирующего региона, связанного с идентичными инвертированными терминальными последовательностями размером 2400 п.н.о. Содержание G+C составляет 25,91 % [18].

Геном вируса нодулярного дерматита содержит 156 предполагаемых генов. Сравнение геномных последовательностей вируса нодулярного дерматита и поксвирусов, относящихся к другим родам, позволило выявить 146 консервативных генов, кодирующих белки, включенные в биогенез информационных РНК, метаболизм нуклеотидов, репликацию геномной ДНК, формирование структурных белков, сборку вириона. Данные гены определяют патогенность возбудителей для соответствующих чувствительных хозяев [22].

В центральном геномном кодирующем регионе гены представителей рода *Capripoxvirus* характеризуются высокой степенью гомологии с генами других известных поксвирусов млекопитающих (в среднем 65 %). Уровень гомологии инвертированных участков ниже (в среднем 43 %). Тем не менее, большинство из выявленных различий также касаются генов, определяющих уровень вирулентности и круг чувствительных хозяев [23].

Геном вируса нодулярного дерматита содержит четыре аномальных гена, вероятно, полученных от естественных хозяев вируса в ходе эволюции [20]. В качестве прототипного штамма вируса нодулярного дерматита в настоящее время рассматривают штамм Ismailiya 88, выделенный в 1988 г. в Египте [8].

С помощью программы MEGA версии 7.0.21 [15] нами проведен филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей генов кодирующих субъединицу РНК-полимеразы 30 кДа (RPO30), G-белок хемокинового рецептора (GPCR) и белок оболочки (P32) штаммов и изолятов вируса нодулярного дерматита. Выбор данных генов обоснован в работе [22]. Наиболее информативным является анализ по гену GPCR. Филогенетическое древо, построенное методом максимального правдоподобия с использованием модели Кимура [17], представлено на рис. 2. Индексы поддержки ветвей определяли перестановочным тестом для 1000 повторов. Для каждой нуклеотидной последовательности представлен номер по базе данных GenBank, наименование возбудителя (LSDV), область гена, дата и место выделения.

Множественное выравнивание последовательностей фрагментов гена GPCR вируса нодулярного дерматита свидетельствует о наличии 27 переменных сайтов, в которых имеется 18 синонимичных и 14 несинонимичных нуклеотидных замен (всего 32). Обнаружено семь сайтов, находящихся под действием отрицательной селекции. Сайтов, находящихся под действием положительной селекции, не выявлено.

По результатам филогенетического анализа также можно выделить два кластера: один из них формирует изолят LSDV17, выделенный в 1954 г. в Южной Африке (II подтип), а второй представлен всеми остальными штаммами и изолятами (I подтип). Уровень дивергенции составляет от 18 до 20 %.

Входными воротами инфекции при нодулярном дерматите являются кожа, слизистые оболочки орга-

нов дыхания, пищеварения и конъюнктивы глаз [8].

Инкубационный период при нодулярном дерматите составляет 28 сут [8]. Источником возбудителя является больное животное. Вирус способен выделяться из организма животного с выдыхаемым воздухом, слюной, спермой, молоком, отделяемым носоглотки и глаз, экссудатами и пораженными участками кожи и слизистых. Источниками заражения могут являться контаминированные корма, вода. Кроме того, в неэнзоотические регионы возбудитель может быть занесен с поставляемыми туда шкурами животных, находящимися в период забоя в инкубационном периоде заболевания [13]. Заражение может происходить контактным, аэрозольным и трансмиссивным способами [8].

При первичных вспышках заболевают 50–100 % животных, летальность среди заболевших может достигать 85 %, хотя обычно данный показатель составляет 1–10 %. Продолжительность болезни в среднем четыре недели, естественное выздоровление происходит в 90 % случаев. У переболевших животных формируется длительный иммунитет [8, 11].

Экономический ущерб от болезни определяется резким снижением молочной продуктивности КРС, снижением массы тела животных, повреждением кожных покровов, бесплодием вследствие перенесенного заболевания, а также затратами на проведение профилактических, лечебных и ликвидационных ветеринарных мероприятий.

Заболевание проявляется в энзоотических регионах с определенной периодичностью, а также может вызывать эпизоотии, в ходе которых происходит распространение вируса нодулярного дерматита на значительные территории [8]. Распространение вируса за пределы очага происходит зараженными животными в инкубационном периоде заболевания, реже реконвалесцентами. Эпизоотии заболевания, вызванного вирусом нодулярного дерматита, обычно возникают летом, в период наибольшей активности кровососущих насекомых. Установлено, что комары родов *Aedes* и *Culex*, а также мухи рода *Stomoxys* могут лишь механически передавать вирус от больных животных здоровым [18].

Персистенция вируса нодулярного дерматита в межэпидемический период осуществляется инфицированными клещами. Установлена возможность репродукции вируса нодулярного дерматита в клещах *Rhipicephalus appendicularis* и *Albliomma hebraeum*, а также трансвариальная передача возбудителя в указанных видах и в клещах *Rhipicephalus decoloratus*. У данных видов клещей перезимовка вне хозяина является частью их жизненного цикла [18]. Следовательно, эти клещи являются резервуаром вируса в межэпидемический период.

При экспериментальном инфицировании клещей *Albliomma hebraeum* и последующем их содержании при температуре 20 °С днем и 5 °С ночью доказано сохранение в них биологически активного вируса в течение двух месяцев. Авторами сделан

вызывают, что именно клещи имеют наибольшее по-  
тентипальное значение как вектор передачи инфек-  
ции [18, 24].  
Длительное время основным нозооагеном зооараза забо-  
левания были исключительно страны Африканского  
континента, но в конце прошлого века случая болез-  
ни отмечены и на Ближнем Востоке [10]. Первый слу-  
чай нодулярного дерматита вне Африканского кон-  
тинента зарегистрирован в 1986 г. в Кувейте, затем  
в Израиле, Саудовской Аравии, Йемене, Бахреине,  
Омане, Иордании, ОАЭ [12, 18, 26].  
Возможными причинами расширения ареала  
распространения вируса нодулярного дерматита мо-  
гут быть занос возбудителя на неэзоотические тер-  
ритории инфипированными клещами, а также транс-  
граничная торговля и выпас КРС. Можно говорить  
о том, что основным вектором распространения но-  
зоараза инфекции является направление на северо-  
восток от Африканского континента.  
По данным национальных ветеринарных служб,  
в 2013–2016 гг. нодулярный дерматит зарегистри-  
рован уже в 21 стране Средиземноморья, Ближнего  
Востока, Северного Кавказа, Европы и Средней  
Азии. Следует отметить, что можно судить не только  
о реальных показателях распространения нодуляр-  
ного дерматита в соответствующих странах, но и об

эффекивности работы национальных ветеринарных  
служб.  
Несомненный интерес вызывает распростра-  
нение нодулярного дерматита в сопредельных с  
Россией государствах, и, в первую очередь, странах  
СНГ, подерживающих тесные экономические кон-  
такты с нашей страной. После официальной реги-  
страции вспышек нодулярного дерматита в Иране  
рабочая группа Азербайджанского государственного  
контрольного центра провела исследование своего  
КРС в пограничных с Ираном районах. С июня по  
ноябрь 2014 г. обследованы 2762 животных с при-  
знаками нодулярного дерматита. При тестировании  
с помощью ПЦР-РВ 199 (74%) из 269 исследован-  
ных проб были получены положительные результаты  
положительные результаты анализа выявлены в про-  
бах из кожных уезлков. Сделан вывод о том, что для  
предотвращения распространения заболевания не-  
обходимо проведение вакцинации КРС. Кроме того,  
российскими и азербайджанскими специалистами  
сделан вывод о возможности распространения забо-  
левания в сопредельных с Азербайджаном государ-  
ствах – Грузии, Армении и России [1–6, 14].  
В июле 2015 г. в приграничных с Азербайджаном  
и Грузии селах Ляратинского района Дагестана у

Регистрация нодулярного дерматита в Российской Федерации [8]

Год	Регион	Район	Дата выявления заболевания	Кол-во очагов, шт.
2015	Республика Дагестан	Ляратинский, Хунзахский, Гергебильский, Кумторкалинский, Кизлярский, Ботлихский, Тарумовский, Ахвахский, Гуниский, Лумалинский, Хасавюртовский, Кировский, Бавортовский, Ногайский	07.07	37
	Чеченская Республика	Наурский, Грозненский, Налгерчинский, Гудермесский, Ачхой-Мартановский, Сунженский, Шаталовский, Шелковской, Шаталовский, Курчалоевский, Веденский, Итум-Калинский, г. Арзгун, Урус-Мартановский, Шаройский, Ножай-Юртовский	25.08	104
	Республика Северная Осетия	Кировский	15.10	2
	Краснодарский край	Тбилинский, Тулькевинский, Лабинский, Орджоникидский, Восточный	25.05	5
	Республика Калмыкия	Латанский, Черномезельский, Целинный, Яшкульский, Кетченеровский, Яшалтинский, Октябрьский	07.06	57
	Астраханская область	Лиманский, Ахтубинский, Камызякский, Волгодарский, Лиманский, Енотаевский, Красноярский	15.06	10
	Ставропольский край	Нефтекумский, Кировский, Курский, Степновский, Левюкumский, Арзгунский, Ипатовский, Анапасский, Георгиевский, Ирарский	19.06	30
	Республика Ингушетия	Назаровский, Сунженский, Малгобекский	01.07	35
	Волгодарская область	Светловский, Чернышковский, Октябрьский, Катаевский, Кировский, Клетский	03.07	12
	Ростовская область	Ремонтненский, Заветинский	17.07	5
Карачаево-Черкесская Республика	Малокарагаевский, Прикубанский, Хабезский, Усть-Джегутинский	22.07	10	
Республика Адыгея	Красногвардейский	22.07	1	
Воронежская область	Лискинский	10.08	1	
Кабардино-Балкарская Республика	Баксанский	10.08	1	
Тамбовская область	Староурьевский	27.08	6	
Рязанская область	Сараевский, Ухоловский	24.09	2	
Самарская область	Широнский, Большаячерныговский, Безенчукский, Сергиевский	02.10	8	
Саратовская область	Дергачевский, Александрово-Гайский, Федоровский, Озинский, Питерский, Новоузенский, Советский, Луговой, Самойловский, Краснокутский	05.06	24	
Оренбургская область	Соль-Илецкий, Ташлинский, Акбулакский, Новосергиевский, Илекский, Беляевский, Оренбургский, Саркыташский	05.07	12	
Республика Башкортостан	Ермекеевский	30.07	1	
Ульяновская область	Мелекесский	23.09	1	
<i>Итого:</i>				
				364

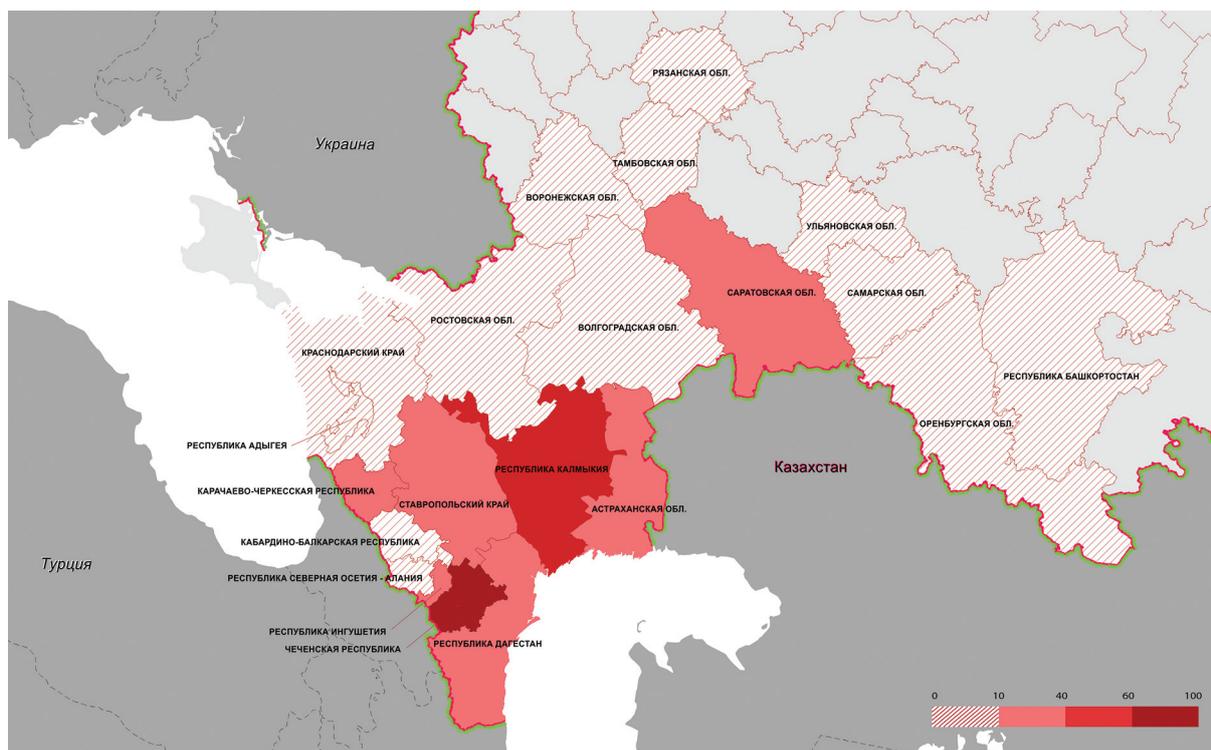


Рис. 1. Неблагополучные по нодулярному дерматиту регионы Российской Федерации (2015–2017 гг.)

дулярный дерматит [4]. В августе того же года нодулярный дерматит выявлен у КРС в Чеченской Республике [4].

В 2016–2017 гг. нодулярный дерматит выявлен в различных регионах Южного и Центрального федеральных округов. Зарегистрированные случаи выявления нодулярного дерматита КРС в 21 субъекте РФ представлены в таблице.

В общей сложности в пострадавших субъектах РФ к настоящему времени зарегистрировано 364 очага заболевания [3]. Практически во всех случаях источник заноса инфекции неизвестен или не доказан.

Принятые меры против распространения заболевания включали ограничение перевозок в энзоотических регионах, скрининг, дезинфекцию потенциально зараженных помещений и инвентаря, карантин, борьбу с переносчиками, вакцинацию животных.

Зарегистрированные в России очаги нодулярного дерматита расположены значительно севернее всех ранее диагностированных в мире эпизоотических очагов заболевания, наиболее вероятной причиной чего является наличие на этой территории резервуара возбудителя – клещей рода *Rhipicephalus*.

При распространении заболевания на территории России наиболее неблагополучными субъектами по данному заболеванию являются Ставропольский край, Республики Дагестан, Калмыкия, Ингушетия, Чечня (рис. 1). В этих субъектах в общей сложности зарегистрировано 263 очага заболевания [3].

Диагностика нодулярного дерматита основывается на результатах эпизоотологических исследований, данных осмотра больных животных, выявлен-

ных патологоанатомических изменениях и результатах лабораторных исследований патологического материала. Наиболее часто встречаются характерные узелки на коже, на поверхности и в толще мышц, отечность лимфатических узлов, язвы и эрозии на слизистых оболочках носовой полости, гортани и трахее, воспаление слизистых оболочек желудочно-кишечного тракта.

Диагноз «нодулярный дерматит» считают установленным при выявлении в пробах, полученных от больных или подозреваемых на заболевание животных, ДНК вируса нодулярного дерматита КРС. Данные, полученные методом ПЦР, коррелируют с данными клинической диагностики [1, 9, 14]. С помощью ПЦР-РВ удастся выявить ДНК вируса нодулярного дерматита у животных с клиническими признаками заболевания в 100 % случаев [25]. При проведении обогатительного пассажа на хорион-аллантоисной оболочке (ХАО) РКЭ возбудитель может быть выявлен с помощью ПЦР в течение 4 ч, а с помощью МФА или ИФА – спустя 48 ч после инфицирования, до появления на ХАО РКЭ специфических оспин [18].

В литературе имеются сведения о структуре специфических компонентов амплификационных тест-систем для постановки различных модификаций ПЦР [12, 19, 26].

Для характеристики вновь выделенных изолятов различных возбудителей инфекционных заболеваний в последнее время широко используют генотипирование геномной нуклеиновой кислоты или отдельных ее фрагментов. Так, анализ первичной структуры гена белка Р32 геномной ДНК изолятов вируса ноду-

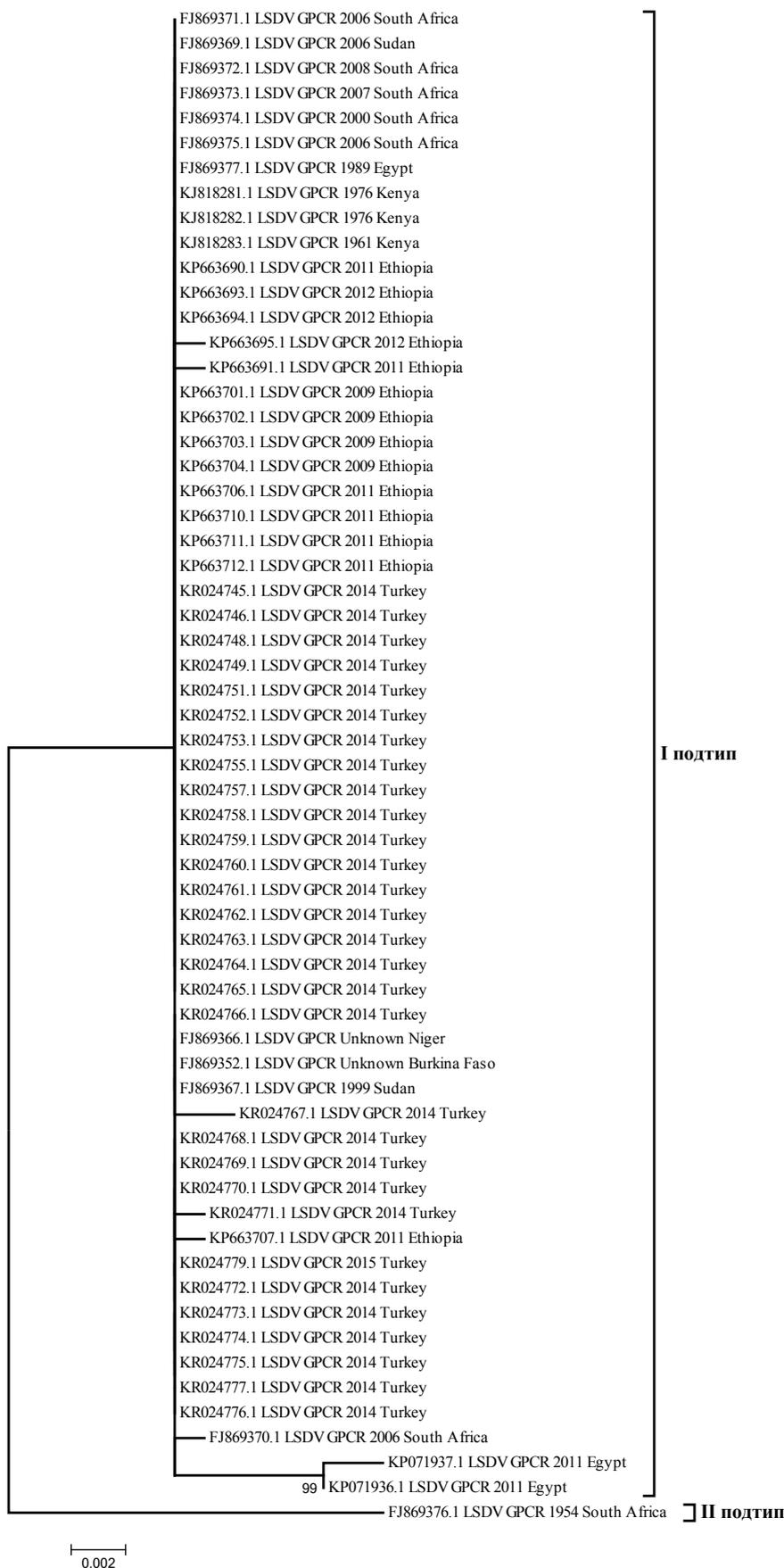


Рис. 2. Филогенетическое дерево штаммов и изолятов вируса нодулярного дерматита, построенное на основе нуклеотидных последовательностей гена P32

лярного дерматита, выделенных в 2013 г. в иракском Курдистане, по сравнению с другими нуклеотидными последовательностями данного гена, депонирован-

ными в GenBank, и расчет соответствующих аминокислотных последовательностей показывают замену в позиции 51 лейцина на фенилаланин [21].

Специалистами ФГБУ «ВНИИЗЖ» для подтверждения первых случаев заболевания у КРС в Республике Дагестан и Чеченской Республике проведено генотипирование возбудителя, выделенного от заболевших животных. Нуклеотидные последовательности изученных ампликонов были на 100 % идентичны соответствующим зарубежным геномным последовательностям вируса нодулярного дерматита, депонированным в GenBank (рис. 2).

Таким образом, быстрое расширение ареала распространения нодулярного дерматита на территории России следует расценивать как фактор, несущий угрозу для биологической безопасности страны. В этой связи необходимо расширение мониторинга за нодулярным дерматитом в Южном и Центральном федеральных округах и прилегающих к ним регионах. Необходимо провести выбор наиболее эффективной (из уже существующих) вакцин, ее экспериментальную оценку и наработку необходимых запасов препарата для проведения иммунизации КРС. Важно отметить, что для предотвращения дальнейшего проникновения инфекции вглубь России необходима поголовная вакцинация всего КРС в пострадавших регионах. Также необходимо проводить диагностику всех подозрительных на нодулярный дерматит случаев заболевания КРС.

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

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Бирюченков М.В., Тимина А.М., Зиняков Н.Г., Щербakov А.В. Результаты генодиагностики нодулярного дерматита в Дагестане и Чеченской Республике – первое официальное подтверждение болезни на территории Российской Федерации. *Ветеринария сегодня*. 2015; 4(15):42–5.
2. Мищенко А.В., Мищенко В.А., Кононов А.В., Шевкопляс В.Н., Джалилиди Г.А., Дресвянникова С.Г., Черных О.Ю. Проблемы нодулярного дерматита крупного рогатого скота. *Ветеринария Кубани*. 2015; 5:3–6.
3. Официальный сайт Федеральной службы по ветеринарному и фитосанитарному надзору [Электронный ресурс]. URL: [www.fsvps.ru/fsvps/iac/foreign.html](http://www.fsvps.ru/fsvps/iac/foreign.html).
4. Официальный сайт Международного эпизоотического бюро (МЭБ) [Электронный ресурс]. URL: [www.oie.int/eng/info](http://www.oie.int/eng/info).
5. Рахманов А.М., Срибный Н.И. Эпизоотическая и фитосанитарная обстановка в стране и в мире. *Ветеринарная патология*. 2002; 2:5–7.
6. Рябикина О.А., Диев В.И., Кукушкина М.С. Нодулярный дерматит крупного рогатого скота (обзор литературы). *Актуальные вопросы ветеринарии*. 2015; 4(28):45–52.
7. Черных О.Ю., Мищенко А.В., Мищенко В.А., Шевкопляс В.Н. Специфическая профилактика нодулярного дерматита крупного рогатого скота. *Ветеринария Кубани*. 2016; 3:3–5.
8. Amin A.A., Ehab El-Nahas, Abd-Elbaset El-Mashed. Pathological and Virological Studies on an Outbreak of Lumpy Skin Disease among Cattle in Kalubia Governorate-Egypt. *Journal of Advanced Veterinary Research*. 2015; 5(4):165–75.
9. Armson B., Fowler V.L., Tuppurainen E.S., Howson E.L., Madi M., Sallu R., Kasanga C.J., Pearson C., Wood J., Martin P., Mioulet V., King D.P. Detection of Capripoxvirus DNA Using a Field-Ready Nucleic Acid Extraction and Real-Time PCR Platform. *Transbound Emerg. Dis*. 2017; 64(3):994–7. DOI: 10.1111/tbed.12447.
10. Ayelet G., Abate Y., Sisay T., Nigusie H., Gelaye E., Jemberie S., Asmare K. Lumpy Skin Disease: Preliminary vaccine efficacy assessment and overview on outbreak impact in dairy cattle at Debrezeit, central Ethiopia. *Antiviral Res*. 2013; 98(2):261–5. DOI: 10.1016/j.antiviral.2013.02.008.
11. Ayelet G., Haftu R., Jemberie S., Belay A., Gelaye E., Sibhat B., Skjerve E., Asmare K. Lumpy skin disease in cattle in central Ethiopia: outbreak investigation and isolation and molecular

detection of the virus. *Rev. Sci. Tech*. 2014; 33(3):877–87. PMID: 25812211.

12. El-Kenawy A.A., El-Tholoth M.S. Lumpy Skin Disease Virus Identification in Different Tissues of Naturally Infected Cattle and Chorioallantoic Membrane of Embryonated Chicken Eggs Using Immunofluorescence, Immunoperoxidase Techniques and Polymerase Chain Reaction. *International Journal of Virology*. 2011; 7:158–66. DOI: 10.3923/ijv.2011.158.166.
13. Gale P., Kelly L., Snarya E.L. Qualitative assessment of the entry of capripoxviruses into Great Britain from the European Union through importation of ruminant hides, skins and wool. *Microbial Risk Analysis*. 2016; 1:13–8. DOI: 10.1016/j.mran.2015.07.001
14. Gürçay M., Saft A., Parmaksız A., Kılıç A. The detection of lumpy skin disease virus infection by clinical findings and PCR method in Turkey. *Kafkas Univ. Vet. Fak. Derg*. 2015; 21(3):417–20. DOI: 10.9775/kvfd.2014.12364.
15. Kimura M. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J. Mol. Evol*. 1980; 16:111–20.
16. Kreindel S., Pinto J., Lockhart C., ElIdrissi A., Raizman E. Emergence of lumpy skin disease (LSD) in Europe. *EMPRES Watch*. 2015; 33:1–4. Available from: <http://www.fao.org/3/a-i5012e.pdf>.
17. Kumar S., Stecher G., Tamura K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Mol. Biol. Evol*. 2016; 33:1870–4. DOI: 10.1093/molbev/msw054.
18. Lubinga J.C., Tuppurainen E.S., Coetzer J.A., Stoltz W.H., Venter E.H. Evidence of lumpy skin disease virus over-wintering by transstadial persistence in *Amblyomma hebraeum* and transovarial persistence in *Rhipicephalus decoloratus* ticks. *Exp. Appl. Acarol*. 2014; 62(1):77–90. DOI: 10.1007/s10493-013-9721-7.
19. Mansour K.A., Naser H.H., Asaad J. Molecular and Clinical investigation of lumpy skin disease in cattle in AL. Qadissiyya province. *Kufa Journal For Veterinary Medical Sciences*. 2015; 6(1): 1–14. Available from: <http://www.uokufa.edu.iq/journals/index.php/kjvs/article/view/4253>.
20. Monier A., Claverie J.M., Ogata H. Horizontal gene transfer and nucleotide compositional anomaly in large DNA viruses. *BMC Genomics*. 2007; 8(456):1–17. DOI: 10.1186/1471-2164-8-456.
21. Rashid P.M.A., Baba Sheikh M.O., Raheem Z.H., Marouf A.S. Molecular characterisation of lumpy skin disease virus and sheeppox virus based on p32 gene. *Bulgarian Journal of Veterinary Medicine*. 2017; 20(2):131–40. DOI: 10.15547/bjvm.984.
22. Santhamani R., Yogisharadhya R., Venkatesan G., Shivachandra S.B., Randey A.B., Ramakrishnan M.A. Molecular characterization of Indian sheeppox and goatpox viruses based on RPO30 and GPCR genes. *Virus genes*. 2014; 49(2):286–91. DOI: 10.1007/s11262-014-1095-3.
23. Tulman E.R., Afonso C.L., Lu Z., Zsak L., Kutish G.F., Rock D.L. Genome of lumpy skin disease virus. *J. Virol*. 2001; 75(15):7122–30. DOI: 10.1128/JVI.75.15.7122-7130.2001.
24. Tuppurainen E.S., Pearson C.R., Bachanek-Bankowska K., Knowles N.J., Amareen S., Frost L., Henstock M.R., Lamien C.E., Diallo A., Mertens P.P. Characterization of sheep pox virus vaccine for cattle against lumpy skin disease virus. *Antiviral Res*. 2014; 109:1–6. DOI: 10.1016/j.antiviral.2014.06.009.
25. Tuppurainen E.S., Venter E.H., Coetzer J.A., Bell-Sakya L. Lumpy skin disease: attempted propagation in tick cell lines and presence of viral DNA in field ticks collected from naturally-infected cattle. *Ticks Tick Borne Dis*. 2015; 6(2):134–40. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2014.11.002.
26. Zeynalova S., Asadov K., Guliyev F., Vatani M., Aliyev V. Epizootology and Molecular Diagnosis of Lumpy Skin Disease among Livestock in Azerbaijan. *Front. Microbiol*. 2016; 7(1022):1–7. DOI: 10.3389/fmicb.2016.01022.

#### References

1. Biryuchenkov M.V., Timina A.M., Zinyakov N.G., Shcherbakov A.V. [Results of nodular dermatitis diagnostics in Dagestan and Chechen Republic – first official confirmation of the disease in the territory of the Russian Federation]. *Veterinariya Segodnya*. 2015; 4(15):42–5.
2. Mishchenko A.V., Mishchenko V.A., Kononov A.V., Shevkoplyas V.N., Dzhaliidi G.A., Dresvyanikova S.G., Chernykh O.Yu. [Problems of nodular dermatitis in cattle stock]. *Veterinariya Kubani*. 2015; 5:3–6.
3. Official website of the Federal Service for Veterinary and Phytosanitary Surveillance [Internet]. Available from: [www.fsvps.ru/fsvps/iac/foreign.html](http://www.fsvps.ru/fsvps/iac/foreign.html).
4. Official website of the International Veterinary Bureau (IVB). [Electronic resource]. Available from: [www.oie.int/eng/info](http://www.oie.int/eng/info).
5. Rakhmanov A.M., Sribny N.I. [Epizootic and phytosanitary situation around the country and the world]. *Veterinarnaya patologiya*. 2002; 2:5–7.
6. Ryabkina O.A., Diev V.I., Kukushkina M.S. [Nodular dermatitis in cattle stock (literature review)]. *Aktual. Vopr. Veterinar. Biologii*. 2015; 4(28):45–52.
7. Chernykh O.Yu., Mishchenko A.V., Mishchenko V.A., Shevkoplyas V.N. [Specific prophylaxis of nodular dermatitis in cattle stock]. *Veterinariya Kubani*. 2016; 3:3–5.
8. Amin A.A., Ehab El-Nahas, Abd-Elbaset El-Mashed. Pathological and Virological Studies on an Outbreak of Lumpy Skin Disease among Cattle in Kalubia Governorate-Egypt. *Journal of Advanced Veterinary Research*.

- 2015; 5(4):165–75.
9. Armson B., Fowler V.L., Tuppurainen E.S., Howson E.L., Madi M., Sallu R., Kasanga C.J., Pearson C., Wood J., Martin P., Mioulet V., King D.P. Detection of Capripoxvirus DNA Using a Field-Ready Nucleic Acid Extraction and Real-Time PCR Platform. *Transbound Emerg. Dis.* 2017; 64(3):994–7. DOI: 10.1111/tbed.12447.
  10. Ayelet G., Abate Y., Sisay T., Nigussie H., Gelaye E., Jemberie S., Asmare K. Lumpy Skin Disease: Preliminary vaccine efficacy assessment and overview on outbreak impact in dairy cattle at Debrezeit, central Ethiopia. *Antiviral Res.* 2013; 98(2):261–5. DOI: 10.1016/j.antiviral.2013.02.008.
  11. Ayelet G., Haftu R., Jemberie S., Belay A., Gelaye E., Sibhat B., Skjerve E., Asmare K. Lumpy skin disease in cattle in central Ethiopia: outbreak investigation and isolation and molecular detection of the virus. *Rev. Sci. Tech.* 2014; 33(3):877–87. PMID: 25812211.
  12. El-Kenawy A.A., El-Tholoth M.S. Lumpy Skin Disease Virus Identification in Different Tissues of Naturally Infected Cattle and Chorioallantoic Membrane of Embryonated Chicken Eggs Using Immunofluorescence, Immunoperoxidase Techniques and Polymerase Chain Reaction. *International Journal of Virology.* 2011; 7:158–66. DOI: 10.3923/ijv.2011.158.166.
  13. Gale P., Kelly L., Snary E.L. Qualitative assessment of the entry of capripoxviruses into Great Britain from the European Union through importation of ruminant hides, skins and wool. *Microbial Risk Analysis.* 2016; 1:13–8. DOI: 10.1016/j.mran.2015.07.001.
  14. Gürçay M., Salt A., Parmaksız A., Kılıç A. The detection of lumpy skin disease virus infection by clinical findings and PCR method in Turkey. *Kafkas Üniv. Vet. Fak. Derg.* 2015; 21(3):417–20. DOI: 10.9775/kvfd.2014.12364.
  15. Kimura M. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J. Mol. Evol.* 1980; 16:111–20.
  16. Kreindel S., Pinto J., Lockhart C., Elidrissi A., Raizman E. Emergence of lumpy skin disease (LSD) in Europe. EMPRES Watch. 2015; 33:1–4. Available from: <http://www.fao.org/3/a-i5012e.pdf>.
  17. Kumar S., Stecher G., Tamura K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Mol. Biol. Evol.* 2016; 33:1870–4. DOI: 10.1093/molbev/msw054.
  18. Lubinga J.C., Tuppurainen E.S., Coetzer J.A., Stoltz W.H., Venter E.H. Evidence of lumpy skin disease virus over-wintering by transstadial persistence in *Amblyomma hebraeum* and transovarial persistence in *Rhipicephalus decoloratus* ticks. *Exp. Appl. Acarol.* 2014; 62(1):77–90. DOI: 10.1007/s10493-013-9721-7.
  19. Mansour K.A., Naser H.H., Asaad J. Molecular and Clinical investigation of lumpy skin disease in cattle in AL Qadissiyya province. *Kufa Journal For Veterinary Medical Sciences.* 2015; 6(1): 1–14. Available from: <http://www.uokufa.edu.iq/journals/index.php/kjvs/article/view/4253>.
  20. Monier A., Claverie J.M., Ogata H. Horizontal gene transfer and nucleotide compositional anomaly in large DNA viruses. *BMC Genomics.* 2007; 8(456):1–17. DOI: 10.1186/1471-2164-8-456.
  21. Rashid P.M.A., Baba Sheikh M.O., Raheem Z.H., Marouf A.S. Molecular characterisation of lumpy skin disease virus and sheepox virus based on p32 gene. *Bulgarian Journal of Veterinary Medicine.* 2017; 20(2):131–40. DOI: 10.15547/bjvm.984.
  22. Santhamani R., Yogisharadhya R., Venkatesan G., Shivachandra S.B., Randey A.B., Ramakrishnan M.A. Molecular characterization of Indian sheeppox and goatpox viruses based on RPO30 and GPCR genes. *Virus genes.* 2014; 49(2):286–91. DOI: 10.1007/s11262-014-1095-3.
  23. Tulman E.R., Afonso C.L., Lu Z., Zsak L., Kutish G.F., Rock D.L. Genome of lumpy skin disease virus. *J. Virol.* 2001; 75(15):7122–30. DOI: 10.1128/JVI.75.15.7122-7130.2001.
  24. Tuppurainen E.S., Pearson C.R., Bachanek-Bankowska K., Knowles N.J., Amareen S., Frost L., Henstock M.R., Lamien C.E., Diallo A., Mertens P.P. Characterization of sheep pox virus vaccine for cattle against lumpy skin disease virus. *Antiviral Res.* 2014; 109:1–6. DOI: 10.1016/j.antiviral.2014.06.009.
  25. Tuppurainen E.S., Venter E.H., Coetzer J.A., Bell-Sakyi L. Lumpy skin disease: attempted propagation in tick cell lines and presence of viral DNA in field ticks collected from naturally-infected cattle. *Ticks Tick Borne Dis.* 2015; 6(2):134–40. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2014.11.002.
  26. Zeynalova S., Asadov K., Guliyev F., Vatani M., Aliyev V. Epizootology and Molecular Diagnosis of Lumpy Skin Disease among Livestock in Azerbaijan. *Front. Microbiol.* 2016; 7(1022):1–7. DOI: 10.3389/fmicb.2016.01022.

**Authors:**

Borisevich S.V., Sizikova T.E., Petrov A.A., Karulin A.V., Lebedev V.N. 48<sup>th</sup> Central Research Institute of the Ministry of Defense of the Russian Federation. 11, Oktyabrskaya, Sergiev Possad-6, 141306, Russian Federation. E-mail: 48cnii@mail.ru.

**Об авторах:**

Борисевич С.В., Сизикова Т.Е., Петров А.А., Карулин А.В., Лебедев В.Н. 48 Центральный научно-исследовательский институт Министерства обороны Российской Федерации. Российская Федерация, 141306, Московская область, Сергиев Посад-6, ул. Октябрьская, 11. E-mail: 48cnii@mail.ru.

Поступила 20.06.17.

Отправлена на доработку 04.07.17.

Принята к публ. 15.11.17.