МРНТИ 616.912-079:578.821.21: 636.3 **DOI: 10.58318/2957-5702-2026-25-15-23**
Оригинальная статья

ЭПИЗООТИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ И ИНТЕГРАЛЬНАЯ ОЦЕНКА РИСКОВ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ВИРУСА ОСПЫ ОВЕЦ В РЕСПУБЛИКЕ КАЗАХСТАН (2021–2024 ГГ.)

У.Ж.Омарбекова[1], Н.М.Матенова[1], Кондибаева Ж.Б[2].

[1]Казахский национальный аграрный исследовательский университет,
г. Алматы, 050040, Республика Казахстан
[2]ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности»,
Национальный холдинг «QazBioPharm», Гвардейский, Республика Казахстан
*urzanoma-58@mail.ru

Аннотация. Оспа овец остаётся одной из наиболее значимых вирусных болезней мелкого рогатого скота и представляет серьёзную угрозу для устойчивого развития овцеводства, вызывая экономический ущерб вследствие падежа, снижения продуктивности и ограничений на перемещение животных. Целью исследования явился анализ эпизоотической ситуации по оспе овец в Республике Казахстан за период 2021–2024 гг.

В работе использованы данные официальной ветеринарной отчётности, материалы эпизоотологических расследований очагов, результаты серологического мониторинга и лабораторной диагностики. Проведена оценка пространственно-временных особенностей распространения инфекции. Установлено возобновление циркуляции возбудителя с регистрацией заболевания в ряде регионов, включая Восточно-Казахстанскую область, где ранее в течение длительного времени случаи не отмечались.

Для оценки вероятности дальнейшего распространения инфекции разработана интегральная модель риска, учитывающая вероятность реализации неблагоприятных факторов, тяжесть возможных последствий и управляемость эпизоотического процесса. Дополнительно проанализированы результаты полногеномного секвенирования полевых изолятов вируса, подтвердившие их генетическую близость и возможный трансграничный характер циркуляции.

Полученные данные свидетельствуют о необходимости усиления профилактических мероприятий, расширения серологического мониторинга и применения современных молекулярно-генетических методов в практике ветеринарной службы. Комплексный риск-ориентированный подход позволит повысить эффективность контроля оспы овец и снизить вероятность формирования новых эпизоотических очагов.

Ключевые слова: Оспа овец, эпизоотический мониторинг, полногеномное секвенирование, филогенетический анализ, оценка рисков, трансграничные инфекции.

Введение

Оспа овец и коз (Sheep and Goat Pox) – это высококонтагиозное вирусное заболевание, характеризующееся тяжелой лихорадкой, специфической папулезно-пустулезной сыпью на коже и слизистых оболочках, а также развитием геморрагических процессов во внутренних органах [4, 6]. Несмотря на то, что первые упоминания о болезни датируются 3700 г. до н.э. [1], и фундаментальные работы по иммунизации были проведены Э. Дженнером еще в 1796 году [3], вирус остается критическим вызовом для современной ветеринарии.

Возбудитель относится к семейству Poxviridae, роду Capripoxvirus [4]. Вирионы представляют собой крупные ДНК-содержащие структуры сложного строения, обладающие двухцепочечным геномом. Особенностью каприпоксувирусов является их исключительная устойчивость к физико-химическим факторам внешней среды. В высушенном состоянии вирус сохраняет активность годами, в шерсти животных – до двух месяцев, а в верхних слоях почвы пастбищ – до 6 месяцев, что способствует формированию стойких стационарных неблагополучных пунктов [2].

Инфекция проникает в организм преимущественно респираторным путем или через микротравмы кожи. После первичной репликации в регионарных лимфоузлах наступает фаза виремии, в ходе которой вирус разносится кровью по всему организму, проявляя выраженный

тропизм к клеткам эпителия и эндотелия сосудов. У восприимчивых животных, особенно молодняка, болезнь часто протекает в генерализованной форме с летальностью до 100% [6]. Важнейший вклад в понимание природы вируса внес А. Боррель в 1903 году, доказав наличие невидимого фильтрующегося агента [5].

В период 2023–2024 гг. мировая эпизоотическая ситуация резко обострилась [7]. Наблюдается активная экспансия вируса из эндемичных зон Африки и Южной Азии в сторону европейского и центральноазиатского континентов. Крупные вспышки в Греции, Болгарии и приграничных районах РФ создают постоянное напряжение на границах Республики Казахстан. Для страны, где овцеводство является стратегической отраслью экономики, занос новых генотипов вируса представляет прямую угрозу национальной биологической безопасности [9]. Динамика последних лет (Рисунки 1–3) демонстрирует волнообразный характер эпизоотии: от резкого всплеска в Греции и Болгарии (более 300 очагов в 2024 г.) до выявления новых изолятов в Российской Федерации и Республике Казахстан.



Рисунок 1 - Эпизоотическая ситуация по оспе овец в мире за 2023 г.

В 2023 году на европейском континенте было депонировано 28 неблагополучных пунктов, локализованных в четырех странах: Российской Федерации, Испании, Греции и Болгарии. В то же время в странах Азии эпизоотия охватила 13 государств с общим количеством в 569 очагов, включая случаи регистрации на территории Республики Казахстан. Наиболее высокая плотность инфекционных очагов была верифицирована в КНР (263 объекта). В африканском регионе за отчетный период суммарно зафиксировано 465 вспышек заболевания (рисунок 1).

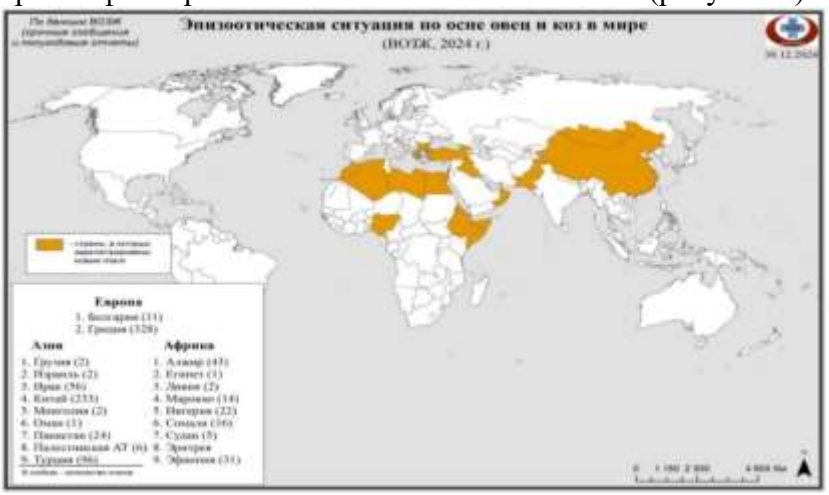


Рисунок 2 - Эпизоотическая ситуация по оспе овец в мире за 2024 г.

Динамика 2024 года продемонстрировала дальнейшую территориальную экспансию вируса: общее число зарегистрированных в мире эпизоотических очагов достигло 896. Несмотря на сужение географии распространения в Европе до Болгарии и Греции, именно в Греции отмечена наиболее сложная ситуация (328 очагов). В азиатском и африканском регионах инфекция была диагностирована в 18 государствах, что подтверждает сохранение высокого пандемического

потенциала возбудителя и необходимость усиления мер ветеринарного контроля (рисунок 2).

В условиях активного межрегионального и трансграничного перемещения поголовья актуальным становится применение формализованных методов оценки риска, позволяющих количественно ранжировать факторы распространения инфекции.

Целью исследования являлся анализ эпизоотической динамики оспы овец в Республике Казахстан за 2021–2025 годы, а также разработка интегральной модели оценки рисков распространения инфекции с использованием эпизоотологических, серологических и молекулярно-генетических данных.

Материалы и методы. Для постановки диагноза и идентификации возбудителя оспы овец был применен комплекс современных вирусологических и молекулярно-генетических методов.

Проанализированы официальные отчёты Комитета ветеринарного контроля и надзора МСХ РК за 2021–2025 гг. [8], материалы расследования очагов, а также данные региональных ветеринарных служб.

Серологические методы: Реакция диффузионной преципитации (РДП) проводилась с использованием специализированной тест-системы разработки НИИПББ (согласно СТ 405-1919-04 МК-087-2015). Метод основан на выявлении специфических антигенов вируса путем формирования линий преципитата при взаимодействии с антителами [15].

Молекулярно-генетический анализ: Детекцию консервативных участков генома вируса осуществляли методом ПЦР в реальном времени (ПЦР-РВ) с применением коммерческой тест-системы «ID Gene™ Capripox Virus Triplex», характеризующейся высокой аналитической чувствительностью [7].

Объектом исследования послужил патологический материал (соскобы с папул, струпья), отобранный в 2023 году от пяти голов овец с выраженной клинической картиной из эпизоотического очага в Актюбинской области. В общей сложности проанализировано 376 проб сыворотки крови, полученных из восьми регионов Казахстана.

Для генетической характеристики выделенного изолята PQ014465 выполнено полногеномное секвенирование на платформе Illumina. Последующая филогенетическая реконструкция проводилась в программе MEGA 11 методом максимального правдоподобия (Maximum Likelihood) [10, 11]. Для сранительного анализа использована последовательность PV434148 из базы данных GenBank» [13].

Результаты и обсуждение. Согласно данным мониторинга трансграничных инфекции среди МРС проведенного МСХ РК показал, что после периода относительного благополучия в 2021–2022 гг. случаев не регистрировалось, в 2023 году эпизоотическая ситуация резко обострилась [8]:

1. В Восточно-Казахстанской области 17 февраля 2023 г. в Катон-Карагайском районе была зафиксирована вспышка среди 200 овец. Введен карантин в селах Аккайнар, Жана-Ульга и Шынгыстау [17]. Данный случай примечателен тем, что инфекция проявилась в регионе впервые за последние 50 лет, что указывает на изменение границ ареала вируса.

2. В сентябре 2023 года в Актюбинской области диагноз был подтвержден в селе Садовое [18].

3. В июле 2023 г., крупная вспышка произошла в Уилском районе (Актюбинская область) в сельском округе Коптогай в КХ «Саят» [12].

В ходе наших исследований была детально изучена крупная вспышка оспы овец, зарегистрированная в КХ «Саят». Нами установлено, что из общего поголовья падеж составил 77 особей. В рамках ликвидационных мероприятий проведена экстренная иммунизация 1188 голов мелкого рогатого скота вакциной на основе штамма НИСХИ. Реализованный комплекс ветеринарно-санитарных мер позволил локализовать очаг, в связи с чем карантинные ограничения были официально сняты 21 августа 2023 года.

В результате вирусологических исследований из патологического материала, отобранного в данном очаге, нами был выделен и идентифицирован штамм вируса оспы овец. Полученная полногеномная последовательность депонирована в международную базу данных GenBank (номер доступа PQ014465) [12].

4. В 2024 году был выделен новый актуальный изолят вируса Алматинской области (Жамбылский район, село Таргап). Этот случай подтверждает сохранение вируса в популяции и расширение географии эпизоотии на юг страны [16]. Полногеномная последовательность депонирована в GenBank под номером PV434148 [13].

Регистрация очагов инфекции в ранее благополучных регионах (в частности, в Восточно-Казахстанской области) обусловила необходимость комплексного анализа эпизоотической ситуации в масштабах республики. Наряду с ликвидацией вспышки в Актюбинской области (2023 г.), был проведен серологический скрининг 376 проб сыворотки крови, отобранных из восьми регионов Казахстана (таб. 1). Исследования проводились методом реакции диффузной преципитации (РДП), что позволило оценить фоновую циркуляцию вируса и уровень популяционного иммунитета в зонах, где официальные случаи заболевания не регистрировались.

Таблица 1 - Результаты серологических исследований методом РДП

№	Название области	Вид животного	Кол-во проб	Положительно	Отрицательно
1	Восточно-Казахстанская	овца	52	-	52
2	Туркестанская	овца	83	-	83
3	Жамбылская	овца	56	-	56
4	Карагандинская	овца	47	-	47
5	Жетисуская	овца	23	-	23
6	Кызылординская	овца	20	-	20
7	Абайская	овца	35	-	35
8	Алматинская	овца	60	3	57
Всего			376	3	373

Несмотря на преимущественно отрицательные показатели в большинстве регионов (Восточно-Казахстанской, Туркестанской, Карагандинской областей и др.), выявление трех сероположительных образцов в Алматинской области указывает на существующие эпизоотические риски. Хотя активная стадия заболевания не была подтверждена вирусологически, наличие антител может быть следствием неконтролируемой миграции вакцинированных животных или скрытой циркуляции возбудителя.

Это подчеркивает прямую связь между активными вспышками (как в КХ «Саят») и латентными процессами: отсутствие клинических признаков заболевания не исключает наличие эпизоотического риска. Выявление серопозитивных животных при отсутствии официальных сведений о проведенной плановой иммунизации может указывать на латентное течение инфекции. Аналогичные явления «скрытой циркуляции» возбудителя (silent circulation) ранее были описаны при изучении трансграничных инфекций в Центральной Азии [19].

В частности, данные НИИ проблем биологической безопасности подтверждают наличие неравномерного иммунного фона в южных регионах Казахстана, что может быть связано с персистенцией вируса в популяциях с высокой плотностью поголовья. Это обосновывает необходимость внедрения системного поствакцинального и эпизоотологического мониторинга.

Нами проведен сравнительный филогенетический анализ с использованием 28 (27 архивных и 1 исследуемого) полногеномных последовательностей вируса оспы овец, доступных в GenBank. Результаты анализа показали, что исследуемый казахстанский изолят PQ014465 обладает высокой степенью генетического родства (99,89% идентичности) со штаммами, циркулирующими на территории Казахстана и Европейской части России.

Дерево казахстанского изолята PQ014465 подразделяется на три выраженные филогенетические группы (кластеры):

Группа I (Казахстанско-Российский кластер): Включает исследуемый изолят PQ014465. Основной отличительной чертой данной группы является наличие крупной делеции в гене 117 и специфический полиморфизм в генах 8, 118 и 134. Это подтверждает гипотезу о существовании единой эволюционной линии вируса, циркулирующей в трансграничных регионах Центральной Азии и Восточной Европы.

Группа II (Вакцинные штаммы): Объединяет аттенуированные штаммы, используемые для производства биопрепаратов. Несмотря на высокую гомологию с полевыми изолятами (>90%), они

формируют обособленную ветвь, что обусловлено накоплением мутаций в процессе пассирования и наличием вариабельных тандемных повторов.

Группа III (Глобальный кластер): Охватывает изоляты из Китая, Дальнего Востока России, Египта и стран Европы. Генетическая дистанция между этой группой и казахстанским изолятом указывает на независимые пути эволюции вируса в данных географических регионах.

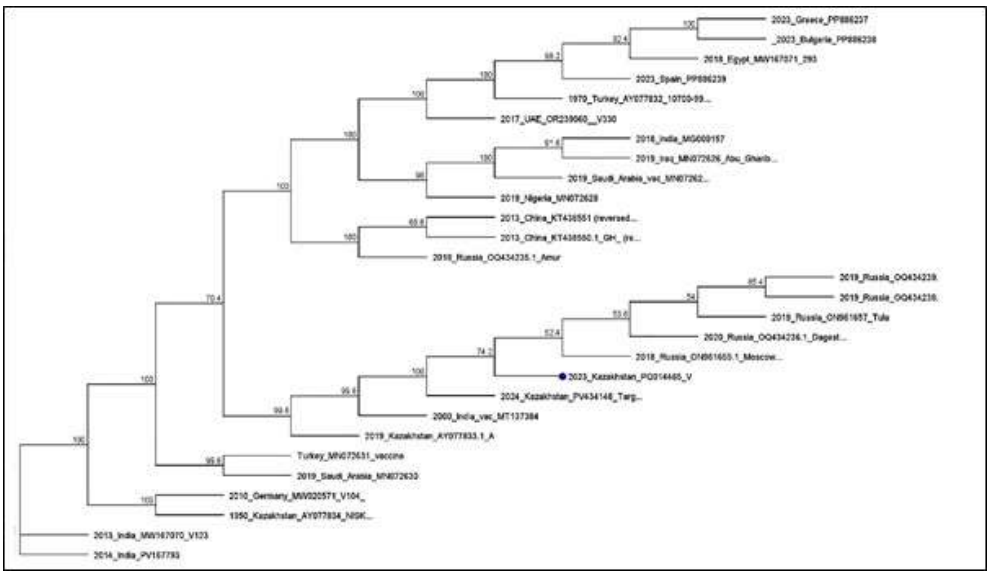


Рисунок 3 - Филогенетический анализ вариантов вируса оспы овец на модели полного генома

Важным результатом (рис.3) филогенетического анализа стало выявление ключевых аминокислотных замен, определяющих уникальность казахстанской ветви вируса. В частности, замены в гене 8 (гомолог рецептора интерферона-гамма) – I74→L и S233→T, вероятно, играют роль в механизмах ускользания вируса от иммунного ответа хозяина. Использование модели K2P + G4 (Kimura 2-Parameter) позволило с высокой точностью (bootstrap = 1000) подтвердить стабильность выявленной топологии древа.

Сравнительный анализ нашего изолята PQ014465 с изолятом 2024 года PV434148 [13] показал следующее:

Сравнительный анализ изолятов демонстрирует четкую эволюционную тенденцию развития вируса оспы овец в Казахстане. В то время как наш изолят 2023 года из Актюбинской области обладает специфическими аминокислотными заменами, изолят 2024 года из села Таргап (Алматинская обл.) проявил еще более высокую гомологию (99,94%) с трансграничными российскими штаммами. Это указывает на стабильную циркуляцию патогена по всему Центрально-Азиатскому региону и формирование единого эпизоотического кластера [14].

С целью перехода от описательного анализа вспышек к формализованной интерпретации эпизоотической ситуации была разработана геномное-ориентированная модель интегральной оценки риска распространения оспы овец в Республике Казахстан. Модель основана на полуколичественной системе балльной оценки с использованием трёх параметров: вероятность реализации фактора (P, 1–5), тяжесть последствий (I, 1–5) и управляемость (C, 1–5; обратная шкала). Интегральный риск рассчитывался по формуле:

$$R=P\times I\times(6-C)$$

что позволяет учитывать как эпизоотический потенциал фактора, так и степень его контролируемости [2, 6, 10, 14].

Ключевым элементом модели выступает молекулярно-генетический блок. Полногеномное секвенирование изолята PQ014465 (Актюбинская область, 2023 г.) и его сравнительный анализ с изолятом PV434148 (Алматинская область, 2024 г.) продемонстрировали высокую нуклеотидную идентичность (99,89–99,94%), что свидетельствует о циркуляции генетически консолидированного трансрегионального кластера [12, 13]. Высокая гомология с штаммами, выявленными в сопредельных регионах Российской Федерации, подтверждает формирование единого эпизоотического пространства Центрально-Азиатского региона.

Биологический риск дополнительно усиливается экологической устойчивостью

представителей рода Capripoxvirus, способных сохранять инфекционную активность во внешней среде в течение длительного времени. В условиях пастбищного содержания это создаёт предпосылки для формирования стационарных природных очагов и поддержания латентной циркуляции возбудителя [4, 7].

Наибольшее интегральное значение риска установлено для хозяйственного фактора – несанкционированного перемещения поголовья (R=50), что коррелирует с регистрацией вспышек в ранее благополучных регионах, включая Восточно-Казахстанскую область после длительного эпизоотического перерыва [8, 9]. Данный фактор обеспечивает пространственную диссеминацию генетически однородного вирусного кластера и выступает основным драйвером территориальной экспансии инфекции.

Эпизоотологические условия пастбищного содержания (совместное использование выпасов и водопоев) формируют усиливающий риск-блок (R≈30–35), повышающий коэффициент передачи возбудителя в период сезонной концентрации животных [6, 14].

Серологический мониторинг 376 проб из восьми областей выявил наличие серопозитивных животных в Алматинской области при отсутствии клинически подтверждённой активной вспышки. Этот факт указывает на формирование латентного эпизоотического фона и наличие «иммунологических окон», что повышает вероятность повторной манифестации инфекции при заносе возбудителя.

Синтез молекулярных, эпизоотологических и серологических данных позволяет заключить, что современная эпизоотическая ситуация по оспе овец в Казахстане характеризуется не эпизодическими заносами, а устойчивой циркуляцией генетически консолидированного трансграничного кластера. Доминирующее значение в структуре интегрального риска принадлежит хозяйственно-биологическому блоку (R=40–50), что обусловлено сочетанием геномной стабильности циркулирующего изолята и интенсивного межрегионального оборота поголовья.

Предложенная модель обосновывает необходимость перехода от реактивной системы ликвидации очагов к проактивному геномному надзору, включающему регулярное полногеномное секвенирование полевых изолятов, системный серомониторинг и цифровой контроль перемещения животных.

Заключение. Проведённый анализ эпизоотической ситуации по оспе овец в Республике Казахстан за 2021–2024 гг. свидетельствует о возобновлении и устойчивом развитии эпизоотического процесса, сопровождающемся территориальной экспансией вируса в регионы, ранее считавшиеся благополучными. Регистрация вспышек после длительного эпизоотического перерыва подтверждает формирование новых условий для циркуляции возбудителя и указывает на повышение эпизоотических рисков на национальном уровне.

Интегральная оценка риска показала, что доминирующее значение в распространении инфекции принадлежит хозяйственно-биологическим факторам, в первую очередь бесконтрольному перемещению животных и особенностям пастбищного содержания, создающим условия для пространственной диссеминации вируса. Экологическая устойчивость возбудителя дополнительно способствует формированию стационарных неблагополучных пунктов и поддержанию латентной циркуляции инфекции.

Использование молекулярно-генетических данных в рамках риск-анализа позволило подтвердить циркуляцию генетически однородного трансрегионального кластера вируса оспы овец, что указывает на существование единого эпизоотического пространства и повышает вероятность повторных заносов инфекции. При этом геномные исследования в данной работе выступают не самоцелью, а инструментом объективизации эпизоотологической интерпретации.

Полученные результаты обосновывают необходимость модернизации системы ветеринарного надзора путём интеграции эпизоотического мониторинга, серологического скрининга и целевого применения методов полногеномного секвенирования. Реализация проактивного подхода позволит повысить эффективность контроля оспы овец, снизить риск трансграничного распространения инфекции и обеспечить эпизоотическую стабильность животноводства Республики Казахстан.

Финансирование: «Научно-исследовательская работа выполнена в рамках инициативного проекта МСХ РК на 2022–2024 гг.: «Динамика распространения оспы овец и методы ветеринарных мероприятий на территории Республики Казахстан» (номер государственной регистрации № 0126РКИ0135)».

Конфликт интересов: Авторы заявляют, что нет конфликта интересов.

Литература

1 Абу Али ибн Сина (Авиценна). Канон врачебной науки. — Ташкент: Фан, 1981. — (О клинике инфекционных поражений).

2 Бакулов И. А. Эпизоотология с микробиологией. — М.: Агропромиздат, 1987. — 415 с.

3 Беляков В. Д. Эпидемиология: Учебник. — М.: Медицина, 1989. — 416 с. (Вклад Э. Дженнера в оспопрививание).

4 Сюрин В. Н. Вирусные болезни животных / В. Н. Сюрин, А. Я. Самуйленко и др. — М.: ВНИТИБП, 1998. — 928 с.

5 Borrel A. Sur la variole ovine. Étude de l'agent spécifique // Annales de l'Institut Pasteur. — 1903. — Vol. 17. — P. 123–146.

6 Bhanuprakash V. Sheep pox: a review // Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases. — 2006. — Vol. 29 (1). — P. 27–60.

7 World Organisation for Animal Health (WOAH). Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals. — Paris, 2023. — Chapter 3.7.12.

8 МСХ РК. Отчеты Комитета ветеринарного контроля и надзора за 2021–2025 гг. — Астана, 2025.

9 Сансызбай А. Р. Разработка средств диагностики и профилактики оспы овец в Казахстане // Вестник с/х науки Казахстана. — 2015. — № 4. — С. 45–52.

10 Tulman E. R. Genome of Sheeppox Virus // Journal of Virology. — 2002. — Vol. 76, No. 12. — P. 6054–6061.

11 Zhu X. Genetic characterization of sheeppox virus isolated in China // Archives of Virology. — 2021. — Vol. 166. — P. 153–162.

12 GenBank Database. Sheeppox virus isolate PQ014465 (Aktobe-2023). — [Electronic resource]. — URL: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PQ014465.

13 GenBank Database. Sheeppox virus isolate PV434148 (Targap-2024) / Kozhabergenov N.S., Zhugunissov K.D. et al. — [Electronic resource]. — URL: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PV434148.

14 Sprygin A. Analysis of the whole-genome sequences of sheep pox virus isolates // Transboundary and Emerging Diseases. — 2018. — Vol. 65. — P. 1421–1425.

15 НИИПББ. Инструкция по применению вакцины против оспы овец из штамма «НИСХИ». — Отар, 2018.

16 Azanbekova M, Mambetaliyev M, Valiyeva A, Kozhabergenov N, Aldayarov N, Kilibayev S, Usserbayev B, Tuyskanova M, Kadyrova B, Myrzakhmetova B, Kutumbetov L, Chervyakova O, Nurabayev S, Berdikulov M, Kerimbayev A, Rsaliyev A, Abduraimov Y and Zhugunissov K (2025) Phylogenetic analysis of a 2024 Sheeppox virus isolate from the Almaty region of Kazakhstan and investigation of its pathogenicity in merino sheep. Front. Vet. Sci. 12:1623187. doi: 10.3389/fvets.2025.1623187

17 Официальный интернет-ресурс Комитета ветеринарного контроля и надзора МСХ РК. (2023). Информация об оспе овец в ВКО. [Электронный ресурс]. URL: https://www.gov.kz/memleket/entities/vetcontrol/press/news/details/522777

18 Возможен карантин из-за оспы у овец. (2023, September 12). Актюбинский вестник. Retrieved April 21, 2026, from https://avestnik.kz/vozmozhen-karantin-iz-za-ospy-u-ovecz/

19 Алиева А. К., Айдарбекова Д. Т., Алмас Е. и др. Результаты мониторинговых исследований по оспе овец в Казахстане в 2024 году // Biosafety and Biotechnology. — 2025. — № 4. — С. 6. — DOI: 10.11134/btp.4.2025.6.

References

1. Abu Ali ibn Sina (Avicenna). Kanon vrachebnoj nauki. — Tashkent: Fan, 1981. — (O klinike infekcionnyh porazhenij).

2. Bakulov I. A. Epizootologiya s mikrobiologiej. — M.: Agropromizdat, 1987. — 415 s.

3. Belyakov V. D. Epidemiologiya: Uchebnik. — M.: Medicina, 1989. — 416 s. (Vklad E. Dzhennera v ospoprivivanie).

4. Syurin V. N. Virusnye bolezni zhivotnyh / V. N. Syurin, A. YA. Samujlenko i dr. — M.: VNITIBP, 1998. — 928 s.

5. Borrel A. Sur la variole ovine. Étude de l'agent spécifique // Annales de l'Institut Pasteur. — 1903. — Vol. 17. — P. 123–146.
6. Bhanuprakash V. Sheep pox: a review // Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases. — 2006. — Vol. 29 (1). — P. 27–60.
7. World Organisation for Animal Health (WOAH). Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals. — Paris, 2023. — Chapter 3.7.12.
8. MSKH RK. Otchety Komiteta veterinarnogo kontrolya i nadzora za 2021–2025 gg. — Astana, 2025.
9. Sansyzbaj A. R. Razrabotka sredstv diagnostiki i profilaktiki ospy ovec v Kazahstane // Vestnik s/h nauki Kazahstana. — 2015. — № 4. — S. 45–52.
10. Tulman E. R. Genome of Sheeppox Virus // Journal of Virology. — 2002. — Vol. 76, No. 12. — P. 6054–6061.
11. Zhu X. Genetic characterization of sheeppox virus isolated in China // Archives of Virology. — 2021. — Vol. 166. — P. 153–162.
12. GenBank Database. Sheeppox virus isolate PQ014465 (Aktobe-2023). — [Electronic resource]. — URL: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PQ014465
13. GenBank Database. Sheeppox virus isolate PV434148 (Targap-2024) / Kozhabergenov N.S., Zhugunissov K.D. et al. — [Electronic resource]. — URL: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PV434148.
14. Sprygin A. Analysis of the whole-genome sequences of sheep pox virus isolates // Transboundary and Emerging Diseases. — 2018. — Vol. 65. — P. 1421–1425.
15. NIIPBB. Instrukciya po primeneniyu vakciny protiv ospy ovec iz shtamma «NISKHI». — Otar, 2018.
16. Azanbekova M, Mambetaliyev M, Valiyeva A, Kozhabergenov N, Aldayarov N, Kilibayev S, Usserbayev B, Tuyskanova M, Kadyrova B, Myrzakhmetova B, Kutumbetov L, Chervyakova O, Nurabayev S, Berdikulov M, Kerimbayev A, Rsaliyev A, Abduraimov Y and Zhugunissov K (2025) Phylogenetic analysis of a 2024 Sheeppox virus isolate from the Almaty region of Kazakhstan and investigation of its pathogenicity in merino sheep. Front. Vet. Sci. 12:1623187. doi: 10.3389/fvets.2025.1623187
17. Official Internet Resource of the Committee for Veterinary Control and Surveillance of the Ministry of Agriculture of the Republic of Kazakhstan. (2023). Information about sheeppox in the East Kazakhstan region. [Electronic resource]. Retrieved from https://www.gov.kz/memleket/entities/vetcontrol/press/news/details/522777
18. Atyubinskiy Vestnik. (2023, September 12). Possible quarantine due to sheeppox in sheep. [Electronic resource]. Retrieved April 21, 2026, from https://avestnik.kz/vozmozhen-karantin-iz-za-ospy-u-ovecz/
19. Aliyeva, A. K., Aidarbekova, D. T., Almas, Ye., et al. (2025). Results of monitoring studies on sheeppox in Kazakhstan in 2024. Biosafety and Biotechnology, (4), 6. https://doi.org/10.11134/btp.4.2025.6

ҚАЗАҚСТАН РЕСПУБЛИКАСЫНДА ҚОЙ ШЕШЕГІ ВИРУСЫНЫҢ ТАРАЛУ ҚАУПІН ЭПИЗООТИЯЛЫҚ МОНИТОРИНГ ЖӘНЕ ИНТЕГРАЛДЫ БАҒАЛАУ (2021–2024 ЖЖ.)

У.Ж. Омарбекова[1], Н.М. Матенова[1], Ж.Б. Кондибаева[2]
[1]Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті, Алматы қ., Қазақстан Республикасы
[2]«Биологиялық қауіпсіздік проблемаларының ғылыми-зерттеу институты» ЖШС, «QazBioPharm» ұлттық холдингі, Гвардейский, Қазақстан Республикасы
*urzanoma-58@mail.ru

Аңнотация. Қой шешегі ұсақ малдың ең маңызды вирустық ауруларының бірі болып қала береді және қой шаруашылығының тұрақты дамуына айтарлықтай қауіп төндіреді. Бұл ауру малдың қырылуына, өнімділіктің төмендеуіне және жануарларды тасымалдауға шектеулер енгізілуіне байланысты экономикалық шығындарға әкеледі.

Зерттеудің мақсаты – 2021–2024 жылдар аралығында Қазақстан Республикасындағы қой шешегі бойынша эпизоотиялық жағдайды талдау.

Жұмыста ресми ветеринариялық есептілік деректері, індет ошақтарын эпизоотологиялық зерттеу материалдары, серологиялық мониторинг нәтижелері және зертханалық диагностика мәліметтері пайдаланылды. Инфекцияның таралуының кеңістіктік-уақыттық ерекшеліктеріне бағалау жүргізілді. Бұрын ұзақ уақыт бойы ауру тіркелмеген Шығыс Қазақстан облысын қоса алғанда, бірқатар өңірлерде қоздырғыштың қайта айналымға түскені анықталды. Инфекцияның әрі қарай таралу ықтималдығын бағалау үшін қолайсыз факторлардың жүзеге асу ықтималдығын, ықтимал салдардың ауырлығын және эпизоотиялық процесті басқару деңгейін ескеретін интегралды қауіп моделі әзірленді. Сонымен қатар вирус изоляттарының толық геномдық секвенирлеу нәтижелері талданып, олардың генетикалық жақындығы және айналымының трансшекаралық сипаты расталды.

Алынған деректер профилактикалық шараларды күшейту, серологиялық мониторингті кеңейту және ветеринариялық қызмет тәжірибесінде заманауи молекулалық-генетикалық әдістерді қолдану қажеттілігін көрсетеді. Кешенді тәуекелге негізделген тәсіл қой шешегін бақылаудың тиімділігін арттырып, жаңа эпизоотиялық ошақтардың пайда болу қаупін төмендетуге мүмкіндік береді.

Түйінді сөздер: қой шешегі, эпизоотиялық мониторинг, толық геномдық секвенирлеу, филогенетикалық талдау, тәуекелдерді бағалау, трансшекаралық инфекциялар.

EPIZOOTIC MONITORING AND INTEGRATED RISK ASSESSMENT OF THE SPREAD OF SHEEP POX VIRUS IN THE REPUBLIC OF KAZAKHSTAN (2021–2024)

U.Zh. Omarbekova[1], **N.M. Matenova**[1], **Zh.B. Kondibayeva**[2]
[1]Kazakh National Agrarian Research University, Almaty, Republic of Kazakhstan
[2]LLP «Research Institute for Biological Safety Problems», National holding «QazBioPharm», Guardeyskiy, Republic of Kazakhstan
*urzanoma-58@mail.ru

Abstract. Sheep pox remains one of the most significant viral diseases of small ruminants and poses a serious threat to the sustainable development of sheep farming, causing substantial economic losses due to mortality, decreased productivity, and restrictions on animal movement. The aim of the study was to analyze the epizootic situation of sheep pox in the Republic of Kazakhstan during the period 2021–2024.

The study was based on official veterinary reporting data, materials from outbreak investigations, results of serological monitoring, and laboratory diagnostics. A spatial and temporal assessment of infection spread was performed. The re-emergence of virus circulation was identified, with outbreaks recorded in several regions, including the East Kazakhstan Region, where no cases had been reported for a prolonged period.

To assess the probability of further disease spread, an integral risk assessment model was developed, incorporating the likelihood of adverse factor realization, the severity of potential consequences, and the controllability of the epizootic process. In addition, whole-genome sequencing data of field virus isolates were analyzed, confirming their genetic similarity and suggesting a possible transboundary pattern of circulation.

The findings indicate the need to strengthen preventive measures, expand serological monitoring, and implement modern molecular genetic methods in veterinary practice. A comprehensive risk-based approach will improve the effectiveness of sheep pox control and reduce the likelihood of new epizootic foci.

Keywords: Sheep pox, epizootic monitoring, whole-genome sequencing, phylogenetic analysis, risk assessment, transboundary infections.