

УДК 619: 636.2.085.5:577.218.3  
DOI:10.52419/issn2072-2419.2024.3.28

## МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ИССЛЕДОВАНИЯ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ОПТИМИЗИРОВАННОЙ ПРАЙМЕРНОЙ ТЕСТ-СИСТЕМЫ, ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ ГЕНОМНОЙ ДНК *CHLAMYDOPHILA ABORTUS*

**Безбородова Н.А.** \* – канд. ветеринар. наук, зав. отд. геномных исследований и селекции животных (ORCID ID:0000-0003-2793-5001); **Кожуховская В.В.** – науч. сотр. отд. ветеринарно-лабораторной диагностики с испытательной лабораторией (ORCID ID: 0000-0001-7924-6844); **Бальшева Н.С.** – лаборант отд. экологии и незаразной патологии животных; **Томских О.Г.** – канд. вет. наук, ст. науч. сотр. отд. мониторинга и прогнозирования инфекционных болезней (ORCID ID:0000-0003-3306-8346); **Мартынов Н.А.** – лаборант отд. геномных исследований и селекции животных (ORCID ID:0000-0001-7744-0432); **Суздальцева М.А.** – канд. ветеринар. наук, ст. науч. сотр. отд. ветеринарно-лабораторной диагностики с испытательной лабораторией (ORCID ID:0000-0003-1528-1987); **Романова А.С.** – канд. ветеринар. наук, ст. науч. сотр. отд. мониторинга и прогнозирования инфекционных болезней (ORCID ID:0000-0003-0189-2963).

Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр  
Уральского отделения Российской академии наук

\*n-bezborodova@mail.ru

**Ключевые слова:** крупный рогатый скот, *Chlamydophila abortus*, *Chlamydophila pecorum*, тест-системы, ПЦР, ИФА

**Key words:** cattle, *Chlamydophila abortus*, *Chlamydophila pecorum*, test systems, PCR, ELISA

**Финансирование:** в рамках Государственные задания № 0532-2021-0007 «Изучение структуры антигенного пейзажа возбудителей эмерджентных инфекций сельскохозяйственных животных, биологических особенностей механизмов их взаимодействия с макроорганизмом».

Поступила: 02.07.2024

Принята к публикации: 20.09.2024

Опубликована онлайн: 01.10.2024



### РЕФЕРАТ

Хламидийные инфекции животных представляют серьезную проблему, распространенную на многих континентах. Несмотря на то, что в 22% стран мира зарегистрированы случаи хламидийной инфекции животных, реальная распространенность этого заболевания может быть значительно выше из-за сложности его диагностики. На сегодняшний день в Российской Федерации отсутствует коммерческий ПЦР-набор для выявления *Chlamydophila abortus*.

В связи с этим, основной целью нашего исследования стало проведение молекулярно-генетического исследования возбудителя хламидийной инфекции у крупного рогатого скота с использованием разработанной и оптимизированной нами праймерной ПЦР тест-системы для выявления геномной ДНК видоспецифичной *Chlamydophila abortus*. Для достижения этой цели мы провели ретроспективный анализ эпизоотологической ситуа-

ции по хламидийным инфекциям крупного рогатого скота на территории 2-х субъектов РФ. Выполнены молекулярно-биологические исследования видовой идентификации возбудителей хламидийной инфекции у крупного рогатого скота с использованием коммерческих ПЦР-наборов и оптимизированной праймерной системой для выявления геномной ДНК видоспецифичной *Chlamydomphila abortus*. Ретроспективный анализ показал, что в 2018-2022 годах «хламидийная инфекция» диагностировалась в 13,4% случаях. В 51,2% случаев присутствовала ДНК возбудителя *Chlamydomphila pecorum*; в 19,5 % случаев - *Chlamydomphila abortus*, в 29,3 % случаев - *Chlamydia spp*. Молекулярно-генетические исследования с использованием оптимизированной праймерной тест-системы, для выявления специфичных участков ДНК *Chlamydomphila abortus*, позволили выявить геномы данного возбудителя в 34% случаев. Так же в пробах были обнаружены ДНК *Chlamydomphila pecorum* и *Chlamydomphila psittaci*. Чаще всего ДНК *Chlamydomphila abortus* выделяли из смывов с влагалища коров – 68,8%, реже из внутренних органов от павших животных. Разработанная праймерная тест-система представляет собой эффективный инструмент для дифференциальной диагностики хламидийных инфекций у крупного рогатого скота, что может обеспечить контроль над эпизоотической ситуацией по данному заболеванию.

#### ВВЕДЕНИЕ / INTRODUCTION

Хламидиозы являются одними из широко распространенных инфекционных заболеваний крупного рогатого скота по всему миру [1, 2]. Вызывая различные серьезные заболевания у животных, в том числе аборт, рождение нежизнеспособных телят и пневмонии, хламидийные инфекции способствуют значительным экономическим потерям в животноводстве [1, 4, 5].

Хламидии — это облигатные внутриклеточные грамотрицательные бактерии, имеющие широкий круг хозяев. Выделяют три вида хламидий, имеющих патогенное значение для крупного рогатого скота - *Chlamydomphila psittaci*, *Chlamydomphila abortus* и *Chlamydomphila pecorum* [3, 6]. Патогенная для птиц и людей *Chlamydomphila psittaci*, по данным зарубежных авторов, часто является причиной абортов у взрослых коров и разнообразных проявлений острых респираторных заболеваний, кератоконъюнктивитов и полиартритов у телят [1, 2, 4, 5]. Поражение взрослых животных *Chlamydomphila abortus* характеризуется преимущественно абортами, в основном на 7-9 месяце стельности, а также нарушениями репродуктивной функции, эндометритом, сальпингитом [4, 6, 7]. *Chlamydomphila pecorum* ассоциирована с конъюнктивитом, энцефаломиелитом, энтеритом, пневмонией и полиартритом у крупного рогатого скота

[5, 7, 8]. Хламидийные заболевания животных описаны на всех континентах, а в 22% стран и регионов мира зарегистрированы случаи хламидийной инфекции животных.

По данным (2021-2023 г.г.) Департамента ветеринарии Свердловской области неблагополучными по хламидиозу районами являются: Пышминский (28,57%), Талицкий (28,57%), Полевской (14,29%), Алапаевский (14,29%) и Сысертский (14,28%) [4]. Эти данные, вероятно, не отражают действительную распространенность хламидийных инфекций из-за сложности обнаружения внутриклеточного возбудителя и преимущественно хронического характера самого заболевания.

В настоящее время на территории Российской Федерации нет коммерческого ПЦР-набора на выявление *Chlamydomphila abortus* [2, 3, 6]. В связи с этим, основной нашей целью стало проведение молекулярно-генетического исследования возбудителей хламидийной инфекции у крупного рогатого скота с использованием разработанной и оптимизированной нами праймерной системой для выявления геномной ДНК видоспецифичной *Chlamydomphila abortus*.

Для выполнения этой цели были поставлены задачи:

Провести ретроспективный анализ эпизоотической ситуации по хламидиозу крупного рогатого скота на территории

Свердловской области;

Оптимизировать праймерную систему для выявления специфичного участка ДНК *Chlamydophila abortus*, подобрать протокол амплификации для детекции методом гель-электрофорез;

Провести молекулярно-генетические исследования видовой идентификации возбудителей хламидийной инфекции у крупного рогатого скота с использованием коммерческих ПЦР наборов и оптимизированной праймерной системы для выявления геномной ДНК видоспецифичной *Chlamydophila abortus*.

#### МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ / MATERIALS AND METHODS

Исследования выполнены в отделе ветеринарно-лабораторной диагностики с испытательной лабораторией, отделе мониторинга и прогнозирования инфекционных болезней, отделе геномных исследований и селекции животных Уральского НИВИ – структурном подразделении ФГБНУ УрФАНИЦУрО РАН в рамках Государственного задания Минобрнауки России № 0532-2021-0007.

Комплексные лабораторные исследования проводили в 11 животноводческих организациях Свердловской области и 3 предприятий Удмуртской республики. Всего на хламидийные инфекции в 2023 году методом полимеразной цепной реакции было исследовано 118 проб.

Биоматериал для молекулярно-биологических исследований включал смывы с влагалища коров, с носовой полости и трахеи телят, послед, патологический материал (кусочки паренхиматозных органов и кишечника) от павших животных, абортированный плод.

Для выделения ДНК из биологического материала использовали наборы «Diatom DNA Prep 200» (Россия). ПЦР-исследование проводили с использованием наборов «РеалБест-Вет ДНК Chlamydia resorum» (Россия), «РеалБест-Вет ДНК Chlamydia psittaci» (Россия), набора на выявление ДНК *Chlamydia spp.* (ООО «ИнтерЛабСервис», Россия) и тест-системы на обнаружение ДНК *Chlamydophila abortus* компании ООО

«Изоген» (Россия), приостановившей выпуск набора реагентику в 2019 году. Амплификацию коммерческих трест-систем осуществляли на приборе QuantStudio 5 (США), в соответствии с прописанными режимами в инструкции к наборам.

При оптимизации праймерной системы для выявления *Chlamydophila abortus*, нами был подобран и апробирован протокол амплификации специально под прибор CFX 96 Touch (Bio-Rad, Франция/США). Детекция полученного ПЦР – продукта проводилась методом гель-электрофорез. Использовали размерный стандарт шагом 50 п.н. (SibEnzyme, Россия).

Для выявления *Chlamydophila abortus* использовали нуклеотидные последовательности праймеров (Таблица 1), ранее предложенные А. Pantchev с соавторами [9].

Для выявления *Chlamydophila abortus* использовали праймеры (Таблица 1), ранее предложенные А. Pantchev с соавторами [9]. Данные олигонуклеотидные последовательности инициируют амплификацию целевого участка гена *ompA*, кодирующего белки клеточной мембраны возбудителя. Так же был применен искусственно синтезированный положительный контроль *ompA* (83 п.н.) (Таблица 1).

Постановку ПЦР проводили с использованием Российской реагентику мастермикс «Биомастер HS-Тaq ПЦР (2×)». 100 мМ Трис-НСl, рН 8.5 (при 25 °С), 100 мМ КСl, 0.4 мМ каждого дезоксинуклеозидтрифосфата, 4 мМ MgCl<sub>2</sub>, 0.06 ед. акт./мкл Таq ДНКполимеразы, 0.2% Tween 20, стабилизаторы HS-Тaq ДНК-полимеразы. Для оптимизации подбирались разные концентрации веществ для отработки праймеров (включая матрицу (ДНК), ее количество, сами праймеры, синтезированный контроль плюс).

Для подбора наиболее оптимальных условий проведения реакции был произведен подбор температуры отжига праймеров. Для этого была произведена постановка ПЦР с градиентом температур по следующей программе, представленной в таблице №2.

Таблица 1– Нуклеотидные последовательности праймеров

Наименование	Последовательность 5'-3'	Длина продукта
СраОМР1-F	GCAACTGACACTAAGTCGGCTACA	83 п.н.
СраОМР1-R	ACAAGCATGTTCAATCGATAAGAGA	
ompA	GCAACTGACACTAAGTCGGCTACAATTAAAT ACCACGAATGGCAAGTTGGTTTAGCCCTCTCTT ATCGATTGAACATGCTTGT	

Таблица 2 – Программа амплификации

95 °C	5 min	×1
94 °C	20 sec	×35
62-56 °C	20 sec	
72 °C	20 sec	

Амплификацию проводили на амплификаторе Real-Time CFX 96 Touch (Bio-Rad, Франция/США).

Для тестирования специфичности праймеров использовали, образцы с выявленной ДНК *Chlamydophila pecorum* и *Chlamydophila psittaci*, выделенной из биологических проб от животных с помощью коммерческих тест-систем. Выделенную ДНК *Chlamydophila pecorum* и *Chlamydophila psittaci* использовали в качестве контроля, ввиду отсутствия коллекционных штаммов в лаборатории и вакцин на территории РФ для крупного рогатого скота против *Chlamydophila abortus*.

Также в качестве контролей использовали дополнительные коллекционные штаммы (*Escherichia coli* ATCC 8739 (Microbiologics, США), *Clostridium perfringens* ATCC 13124(ФБУН ГНЦ ПМБ, Россия). Это связано с тем, что в поступающем биологическом материале от животных, чаще всего обнаруживали данные сопутствующие микроорганизмы.

Конечный результат учитывали при проведении электрофореза с применением агарозного геля и мини-камеры Mini-Sub Cell GT (Bio-Rad, США) с визуализацией в камере CHEMIDOC XRS+ и интерпретацией результатов с помощью Gel Doc XR+ (Bio-Rad, США). Для исследований на наличие специфического участка возбудителя *Chlamydophila abortus* использовали клинические образцы, под-

тверждённые на наличие антигена по ИФА диагностике.

Чувствительность используемых праймеров была установлена в ранее проведенных исследованиях А. Pantchev с соавторами [9].

#### РЕЗУЛЬТАТЫ / RESULTS

Ретроспективный анализ ранее проведенных молекулярно-генетических исследований на коммерческих наборах (2018-2022 года) показал, что в 13,4% случаев диагностировалась «хламидийная инфекция» [1, 7]. Дифференцированный анализ специфических участков выделенных ДНК хламидий установил, что в 51,2 % случаев они идентифицировались как *Chlamydophila pecorum*; в 19,5 % случаев - как *Chlamydophila abortus*, в 29,3 % случаев - как *Chlamydia spp.* [1, 2, 7].

Для наработки специфического участка гена *ompA Chlamydophila abortus* использовали праймеры ранее предложенные А. Pantchev с соавторами [9]. Данные праймеры (олигонуклеотиды) иницируют амплификацию целевого участка гена, образуя ампликон в 83 п.н. Для подбора наиболее оптимальных условий амплификации специфического ПЦР продукта, была произведена постановка ПЦР с градиентом температур, от 62 °C до 56 °C соответственно. При этом нами в качестве оптимальной температуры отжига праймеров, был выбран температурный режим в 57 °C (Рисунок 1).

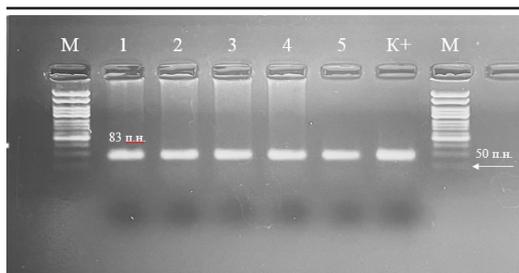


Рисунок 1 – Электрофореграмма продуктов ПЦР с праймерами, специфичными гену *ompA Chlamydomphila abortus*: 1-5 - /положительные клинические образцы (83 п.н.), ранее подтвержденные методом ИФА-диагностикой; K (+) - искусственно синтезированный контроль плюс *ompA* (83 п.н.), K(-) - отрицательный контроль; M – размерный стандарт, шаг 100 п.н.

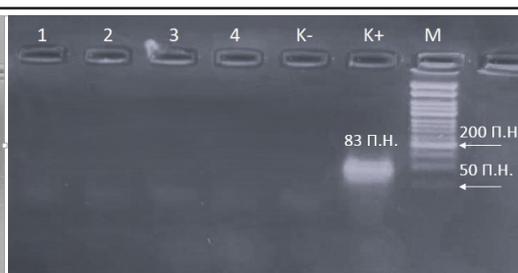


Рисунок 2 – Электрофореграмма специфичности отжига праймеров, специфичных гену *ompA Chlamydomphila abortus*: 1- *E. coli*; 2- *Cl. Perfringens*; 3 – *Chl. Psittaci*; 4 – *Chl. Pecorum*; K «-» - отрицательный контроль; K «+» - положительный контроль; M - размерный стандарт от 50 п.н. до 1500 п.н.

При отработке специфичности праймеров, характерных гену *ompA Chlamydomphila abortus* (83 п.н.) получены результаты: образцы ДНК *Chlamydomphila pecorum* и *Chlamydomphila psittaci* выделенные из биологического материала коммерческими наборами и ДНК коллекционных штаммов *E. coli* ATCC 8739 (Microbiologics, США), *Cl. perfringens* ATCC 13124 (ФБУН ГНЦ ПМБ, Россия) были отрицательными, проба ДНК положительного контроля специфического участка *Chlamydomphila abortus* (83 п.н.) положительной (Рисунок 2).

Разработанный протокол амплификации для выявления ДНК *Chlamydomphila abortus* в биологическом материале от крупного рогатого скота позволил проводить дальнейшие исследования, показавшие, что ДНК хламидофилы были обнаружены в 39,8% проб. Дифференциальный анализ полученных ДНК хламидий позволил установить, что в 53,3% случаев ген возбудителя был представлен *Chlamydomphila pecorum*, в 34% - *Chlamydomphila abortus*, 12,7% - *Chlamydomphila psittaci* (рисунок 3).

ДНК *Chlamydomphila pecorum* чаще всего выделяли из смывов с влагалища коров (64 %) и трахеи телят (16 %). В 8 % случаев ДНК *Chlamydomphila pecorum* об-

наруживали в паренхиматозных органах от абортированных плодов и патологическом материале, реже всего геном возбудителя обнаруживали в смывах с носоглотки телят – 4%. *Chlamydomphila abortus* в 68,8% случаев была выявлена в смывах с влагалища коров и в 31,2% случаев в патологическом материале от павших животных. Геном *Chlamydomphila psittaci*, в большинстве случаев, выделяли из смывов с влагалища коров – 45,4%, а также из паренхиматозных органов от абортированных плодов – 9%.

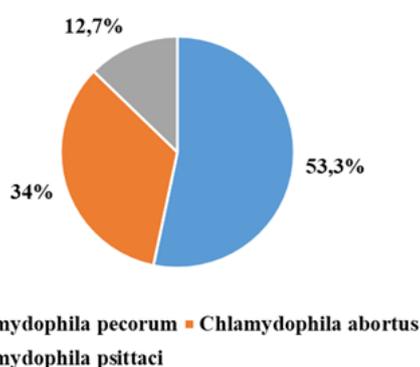


Рисунок 3 – Результаты дифференциального анализа выделенных ДНК хламидий в 2023 году (n=47).

## ВЫВОДЫ / CONCLUSION

Ретроспективный анализ ранее проведенных молекулярно-генетических исследований на коммерческих наборах (2018-2022 года) показал, что в 13,4% случаев у животных диагностировали «хламидийную инфекцию». Установлено наличие в пробах ДНК *Chlamydomphila pecorum* в 51,2 % случаев, *Chlamydomphila abortus* в 19,5 %, *Chlamydia spp.* в 29,3 %.

Оптимизированная праймерная система для выявления специфического участка гена *ompA Chlamydomphila abortus* с подобранным протоколом инициировала амплификацию целевого участка гена, обрастая ампликон в 83 п.н. Праймеры показали себя в работе специфичными участку гена *ompA Chlamydomphila abortus* (82 п.н.).

В дальнейшей нашей работе будет оптимизирован протокол для выявления специфического участка гена *ompA Chlamydomphila abortus* в реально времени.

Проведенные нами молекулярно-генетические исследования с использованием оптимизированной нами праймерной системы для выявления геномной ДНК видоспецифичной *Chlamydomphila abortus* позволило обнаружить геном возбудителя в 34% случаев. С помощью коммерческих наборов также выявлена ДНК *Chlamydomphila pecorum* в 53,3% случаев, *Chlamydomphila psittaci* в 12,7% случаев.

Чаще всего ДНК *Chlamydomphila abortus* выделяли из смывов с влагалища коров – 68,8%, реже из патологического материала от павших животных.

Разработанная нами ПЦР тест-система для выявления геномной ДНК видоспецифичной *Chlamydomphila abortus* позволила дополнить и ускорить проведение лабораторной дифференциальной диагностики хламидийных инфекций крупного рогатого скота.

## MOLECULAR-BIOLOGICAL STUDY OF CAUSES OF PERSISTENT CHLAMYDIAL INFECTION IN CATTLE: APPLICATION OF DEVELOPED PCR TEST SYSTEM FOR DETECTING CHLAMYDOMPHILA ABORTUS

**Bezborodova N.A.**<sup>1\*</sup> - Candidate of Veterinary Sciences, Head of the Department of Genomic Research and Animal Breeding (ORCID ID: 0000-0003-2793-5001); **Kozhukhovskaya V.V.**<sup>1</sup> - Researcher of the Department of Veterinary Laboratory Diagnostics with a Testing Laboratory (ORCID ID: 0000-0001-7924-6844); **Balysheva N.S.**<sup>1</sup> - Laboratory Assistant of the Department of Ecology and Non-Infectious Pathology of Animals; **Tomskikh O.G.**<sup>1</sup> - Candidate of Veterinary Sciences, Senior Researcher of the Department of Monitoring and Forecasting of Infectious Diseases (ORCID ID: 0000-0003-3306-8346); **Martynov N.A.**<sup>1</sup> - laboratory assistant of the Department of Genomic Research and Animal Breeding (ORCID ID: 0000-0001-7744-0432); **Suzdaltseva M.A.**<sup>1</sup> - candidate of veterinary sciences, senior researcher of the Department of veterinary laboratory diagnostics with a testing laboratory (ORCID ID: 0000-0003-1528-1987); **Romanova A.S.**<sup>1</sup> - candidate of veterinary sciences, senior researcher of the Department of Monitoring and Forecasting of Infectious Diseases (ORCID ID: 0000-0003-0189-2963).

Ural Federal Agrarian Scientific Research Centre, Ural Branch of the Russian Academy of Science

\*n-bezborodova@mail.ru

## ABSTRACT

Chlamydial infections in animals are a serious problem spread across many continents. Despite the fact that 22% of the world's countries have reported cases of chlamydial infection in animals, the actual prevalence of this disease may be much higher due to the difficulty of diagnosing it. To date, there is no commercial PCR kit for the detection of *Chlamydomphila abortus* in the Russian Federation. In this regard, the main goal of our study was to conduct a molecular genetic study of the causative agent of chlamydial infection in cattle, using a primer PCR test system developed and optimized by us to detect the genomic DNA of species-specific *Chlamydomphila abortus*. To

achieve this goal, we conducted a retrospective analysis of the epizootological situation regarding chlamydial infections of cattle in the territory of 2 constituent entities of the Russian Federation. Molecular biological studies of species identification of causative agents of chlamydial infection in cattle were carried out using commercial PCR kits and an optimized primer system to detect genomic DNA of species-specific *Chlamydomphila abortus*. A retrospective analysis showed that in 2018-2022, "chlamydial infection" was diagnosed in 13.4% of cases. In 51.2% of cases, DNA from the pathogen *Chlamydomphila pecorum* was present; in 19.5% of cases - *Chlamydomphila abortus*, in 29.3% of cases - *Chlamydia* spp. Molecular genetic studies using an optimized primer test system to identify specific DNA regions of *Chlamydomphila abortus* allowed us to identify the genomes of this pathogen in 34% of cases. DNA from *Chlamydomphila pecorum* and *Chlamydomphila psittaci* was also found in the samples. Most often, *Chlamydomphila abortus* DNA was isolated from cow vaginal swabs - 68.8%, less often from internal organs from dead animals. The developed primer test system is an effective tool for the differential diagnosis of chlamydial infections in cattle, which can provide control over the epizootic situation for this disease.

#### СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Безбородова, Н.А. Роль ПЦР в диагностике видоспецифичного хламидиоза у крупного рогатого скота / Н.А. Безбородова, В.В. Кожуховская, О.В. Соколова и др. // Агарный вестник Урала. - 2021. - №1 (204).  
2. Безбородова, Н.А. Полимеразная цепная реакция в диагностике латентных, бессимптомных и хронических форм инфекционных заболеваний крупного рогатого скота / Н.А. Безбородова, В.В. Кожуховская, М.В. Петропавловский, О.Г. Томских // Вопросы нормативно-правового регулирования в ветеринарии. - 2019. - № 4. - С. 30-33.  
3. Безбородова, Н. А. Значение ПЦР в выявлении инфекционных агентов у крупно-

го рогатого скота на территории Уральского региона / Н. А. Безбородова, В. В. Кожуховская // Материалы международной научной конференции "наука, техника и инновационные технологии в период Возрождения новой эпохи могущественного государств, Ашхабад, 12-13 июня 2022 года. Том 1. - Ашхабад: Издательство «Наука» Академии наук Туркменистана, 2022. - С. 265-268.

4. Информация о регистрации случаев заразных, в том числе особо опасных болезней животных на территории Свердловской области в 2021-2023 годах // Департамент ветеринарии Свердловской области URL: <https://vet.midural.ru/document/category/count/0> (дата обращения: 25.01.24).

5. Печура, Е.В. Значение лабораторных исследований в системе эпизоотологической характеристики и оптимизации эпизоотологического надзора за острыми респираторными вирусными инфекциями крупного рогатого скота / Е. В. Печура, О. Г. Петрова, А. П. Порываева и др. // Ветеринарный фармакологический вестник. - 2020. - № 4(13). - С. 151-158.

6. Соколова, О.В. Патоморфологические изменения в системе "мать-плацента-плод" у коров при хламидиозе / О.В. Соколова, И.А. Шкуратова, Л.И. Дроздова, Л.В. Халтурина // Ветеринария. - 2020. - № 12. - С. 9-12.

7. Шилова, Е. Н. Острые респираторные вирусные болезни крупного рогатого скота / Е.Н. Шилова, Е.В. Печура, О.Г. Петрова, К.П. Югров // БИО. - 2019. - № 4 (223). - С. 30-33

8. Шкуратова, И.А. Программы контроля инфекционных факторов, влияющих на репродуктивную функцию высокопродуктивных молочных коров / И.А. Шкуратова, Е.Н. Шилова, О.В. Соколова, и др. // Ветеринария и кормление. - 2020. - №2. - С.54-57.

9. Pantchev, A. Detection of all *Chlamydomphila* and *Chlamydia* spp. of veterinary interest using species-specific real-time PCR assays / A. Pantchev, R. Bauerfeind, J. Tyczka, K. Sachse // Comp Immunol Microbiol Infect Dis. - 2010. - №33. - P. 473-484.

REFERENCES

1. Bezborodova, N.A. Rol' PTSR v diagnostike vidospetsifichnogo khlamidioza u krupnogo rogatogo skota / N.A. Bezborodova, V.V. Kozhukhovskaia, O.V. Sokolova i dr. // Agarnyi vestnik Urala. - 2021. - no 1 (204).
2. Bezborodova, N.A. Polimeraznaia tsepnaia reaktsiia v diagnostike latentnykh, bessimptomnykh i khronicheskikh form infektsionnykh zabolevaniy krupnogo rogatogo skota / N.A. Bezborodova, V.V. Kozhukhovskaia, M.V. Petropavlovskii, O.G. Tomskikh // Voprosy normativno-pravovogo regulirovaniia v veterinarii. - 2019. - no 4. - S. 30-33.
3. Bezborodova, N. A. Znachenie PTSR v vyivlenii infektsionnykh agentov u krupnogo rogatogo skota na territorii Ural'skogo regiona / N. A. Bezborodova, V. V. Kozhukhovskaia // Materialy mezhdunarodnoi nauchnoi konferentsii "nauka, tekhnika i innovatsionnye tekhnologii v period Vozrozhdeniia novoi epokhi mogushchestvennogo gosudarstv, Ashkhabad, 12–13 iyunia 2022 goda. Tom 1. Ashkhabad: Izdatel'stvo «Nauka» Akademii nauk Turkmenistana, 2022. pp. 265-268.
4. Informatsiia o registratsii sluchaev zaraznykh, v tom chisle osobo opasnykh boleznei zhivotnykh na territorii Sverdlovskoi oblasti v 2021-2023 godakh // Departament veterinarii Sverdlovskoi oblasti URL: <https://vet.midural.ru/document/category/count/0> (data obrashcheniia: 25.01.24).
5. Pechura, E.V. Znachenie laboratornykh issledovaniy v sisteme epizootologicheskoi kharakteristiki i optimizatsii epizootologicheskogo nadzora za ostrymi respiratornymi virusnymi infektsiiami krupnogo rogatogo skota / E. V. Pechura, O. G. Petrova, A. P. Poryvaeva i dr. // Veterinarnyi farmakologicheskii vestnik. 2020. no 4(13). pp. 151-158.
6. Sokolova, O.V. Patomorfologicheskie izmeneniia v sisteme "mat'-platsenta-plod" u korov pri khlamidioze / O.V. Sokolova, I.A. Shkuratova, L.I. Drozdova, L.V. KHalaturina // Veterinariia. 2020. no 12. pp. 9-12.
7. Shilova, E. N. Ostrye respiratornye virusnye bolezni krupnogo rogatogo skota / E.N. SHilova, E.V. Pechura, O.G. Petrova, K.P. IUgrov // BIO. - 2019. - no 4 (223). - S. 30-33
8. Shkuratova, I.A. Programmy kontrolya infektsionnykh faktorov, vliiaiushchikh na reproduktivnuiu funktsiiu vysokoproduktivnykh molochnykh korov / I.A. Shkuratova, E.N. SHilova, O.V. Sokolova, i dr. // Veterinariia i kormlenie. - 2020. - no 2. - S.54-57.
- 9.9) Pantchev, A. Detection of all Chlamydomphila and Chlamydia spp. of veterinary interest using species-specific real-time PCR assays /A. Pantchev, R. Bauerfeind, J. Tyuczka, K. Sachse // Comp Immunol Microbiol Infect Dis. - 2010. - no 33. - P. 473–484.