



DOI: 10.22363/2312-797X-2026-21-2-345–355

EDN JTZCHV

УДК 619:616.34

Обзорная статья / Review article

Изменчивость и многообразие генетических вариантов парвовируса — причина парвовирусного энтерита у собак

С.В. Лаптев , **М.В. Селина**  

Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологии
им. К.И. Скрябина, г. Москва, Российская Федерация

 project@mgavm.ru

Аннотация. Авторами проведен углубленный анализ научной литературы, посвященной изменчивости вируса CPV-2. Эта мутационная изменчивость обуславливает рост заболеваемости парвовирусным энтеритом среди собак и представляет исключительную опасность для невакцинированных щенков, требуя пристального внимания ветеринарного сообщества и разработки эффективных профилактических мер. Кровавая диарея чаще поражает щенков чистокровных пород в возрасте до шести недель. В числе вирусных причин диареи у собак выделяются чума плотоядных, коронавирусная инфекция, парвовирусный энтерит и другие вирусные заболевания. Особую опасность представляет парвовирус типа 2 (CPV-2), возникший в 1970-х гг., вызывающий тяжелый гастроэнтерит и, в ряде случаев, миокардит. Вирус CPV-2 имеет несколько генетических вариантов, включая CPV-2a, CPV-2b и CPV-2c. Изначально CPV-2 был выявлен на территории Китая, а вариант CPV-2c впервые обнаружен во Вьетнаме, после чего получил широкое распространение по всему миру. В Российской Федерации парвовирусный энтерит составляет значительную долю — до 37 % — от всех инфекционных заболеваний, регистрируемых у собак, особенно у щенков в возрасте до шести месяцев. CPV-2 характеризуется высокой скоростью мутаций, что требует постоянного мониторинга его генетической изменчивости для оценки и поддержания эффективности применяемых вакцин. Высокая изменчивость вирусных геномов позволяет им ускользать от иммунного ответа, что объясняет не всегда достаточную эффективность существующих вакцин. Оптимальная схема вакцинации предусматривает трехкратное введение вакцины, начиная с возраста 4 недель. Следует учитывать, что иммунный ответ на вакцинацию может варьироваться в зависимости от возраста животного, массы тела и уровня материнских антител. Осложнения после вакцинации наблюдаются крайне редко. Вакцины, разработанные на основе вируса CPV-2, обеспечивают надежную защиту от различных штаммов парвовируса.

Ключевые слова: диарея, мутации, генетическая изменчивость, вакцинация, вирус, щенки

Вклад авторов: С.В. Лаптев — идея и постановка исследования; С.В. Лаптев, М.В. Селина — проведение исследования и сбор данных; М.В. Селина — анализ и результатов и написание текста статьи;

© Лаптев С.В., Селина М.В., 2026



This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License
<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/legalcode>

С.В. Лаптев — редактирование и научное руководство. Все авторы ознакомились с финальной версией статьи и одобрили ее к публикации.

Заявление о конфликте интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

История статьи: поступила в редакцию 17 октября 2025 г., принята к публикации 8 апреля 2026 г.

Для цитирования: Лаптев С.В., Селина М.В. Изменчивость и многообразие генетических вариантов парвовируса — причина парвовирусного энтерита у собак // Вестник Российского университета дружбы народов. Серия: Агрономия и животноводство. 2026. Т. 21. № 2. С. 345–355. doi: 10.22363/2312-797X-2026-21-2-345-355 EDN: JTZCHV

Genetic variability and antigenic diversity of canine parvovirus as the cause of canine parvoviral enteritis

Sergey V. Laptev , Marina V. Selina  

Moscow State Academy of Veterinary Medicine and Biotechnology — MVA named
after K.I. Skryabin, Moscow, Russian Federation
 project@mgavm.ru

Abstract. The present review provides a comprehensive analysis of the scientific literature concerning the genetic variability of canine parvovirus type 2 (CPV-2). This mutational variability increases the incidence of parvoviral enteritis among dogs and poses an exceptional threat to unvaccinated puppies, requiring the close attention of the veterinary community and the development of effective preventive measures. Haemorrhagic diarrheal is more likely to affect purebred puppies under the age of six weeks. Viral aetiologies of canine diarrheal are carnivorous distemper, coronavirus infection, parvovirus enteritis and other viral diseases. Parvovirus type 2 (CPV-2), which emerged in the 1970s, is particularly dangerous, causing severe gastroenteritis and, occasionally, myocarditis. The CPV-2 virus has several genetic variants, including CPV-2a, CPV-2b, and CPV-2c. CPV-2 was initially recognized in China, and the CPV-2c variant was first detected in Vietnam, then it spread worldwide. Within the Russian Federation, parvoviral enteritis constitutes a considerable proportion — up to 37% — of all infectious diseases diagnosed in dogs, particularly affecting individuals under six months of age. CPV-2 exhibits a remarkably high mutation rate, warranting ongoing molecular monitoring to evaluate and preserve the protective efficacy of currently available vaccines. The substantial genomic flexibility of CPV-2 facilitates immune evasion, which explains the insufficient effectiveness of existing vaccines. The optimal vaccination schedule provides for a triple injection of the vaccine, starting at the age of 4 weeks. Notably, the post-vaccinal humoral response is influenced by factors such as age, body weight, and the titres of maternally derived antibodies. Complications after vaccination are extremely rare. Vaccines developed based on the CPV-2 virus provide reliable protection against various strains of parvovirus.

Keywords: diarrhoea, mutations, genetic variability, vaccination, virus, puppies

Authors' contribution: S.V. Laptev — the idea and design of the study; S.V. Laptev, M.V. Selina — conducting research and collecting data; M.V. Selina — analysis of the results and manuscript preparation; S.V. Laptev — editing and scientific guidance. All the authors have reviewed the final version of the article and approved it for publication.

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

Article history: received 17 October 2025; accepted 8 April 2026.

For citation: Laptev SV, Selina MV. Genetic variability and antigenic diversity of canine parvovirus as the cause of canine parvoviral enteritis. *RUDN Journal of Agronomy and Animal Industries*. 2026;21(2):345–355. (In Russ.). doi: 10.22363/2312-797X-2026-21-2-345-355 EDN: JTZCHV

Введение

Среди виновников вирусной диареи у собак выделяются чума плотоядных (CDV), коронавирус (CCoV), парвовирус 2-го типа (CPV-2), кобувирсы (СКоV) и бокавирус (СBoV) [1]. CPV-2 — ДНК-вирус из семейства Parvoviridae, родственен вирусу панлейкопении кошек (FPV) [2]. Считается, что CPV-2 появился в 1970-х гг., мутировав из FPV-подобного вируса кошек, приобретя способность заражать собак [3]. Вирусные геномы изменчивы, мутируют, ускользая от иммунного ответа. Исследования показывают, что существующие вакцины против полиовируса 2-го типа не всегда эффективны [4]. Собачий парвовирус 2 (CPV-2) вызывает у собак гастроэнтерит и миокардит [5]. Существуют антигенные варианты CPV-2: CPV-2a, CPV-2b и CPV-2c, классифицированные по аминокислоте 426 белка капсида VP2 [6]. В 1979 г. в Соединенных Штатах Америки был выявлен новый вариант собачьего парвовируса, известный как CPV-2a. Его появление было связано с мутациями в белке VP2, что отражено в научном исследовании [7]. Впоследствии появились варианты CPV-2b и CPV-2c, отличающиеся изменениями в аминокислоте 426 VP2 [8]. Исходный CPV-2 исчез, уступив место новым вариантам [9–11]. В 1982 г. CPV-2 впервые зафиксировали в Китае, где он стал эндемиком, порождая новые варианты [1, 12, 13], имеет пять мутаций в гене VP2: M87L, I101T, A300G, D305Y и V555I. CPV-2b выявлен в 1984 г. и отличается мутациями I555V и N426D в гене VP2. В 2004 г. во Вьетнаме обнаружили CPV-2c [14], который затем распространился по миру, утратив статус «азиатского» [8]. До 2015 г. в Китае преобладали CPV-2a и CPV-2b, но в Европе и Америке росло число случаев CPV-2c [1, 12, 15–24].

Классификация CPV-2 зависит от аминокислоты в позиции 426 белка VP2: N (CPV-2a), D (CPV-2b) и E (CPV-2c). География распространения CPV-2 демонстрирует четкие региональные особенности. В континентальной Европе циркулируют различные варианты: во Франции и Бельгии — CPV-2a и CPV-2b, в Италии — CPV-2a и CPV-2c. В Северной и Южной Америке преобладают CPV-2b/2c и CPV-2a/2c. В Азии, Великобритании, Австралии и Японии доминируют CPV-2a и CPV-2b. Северная Африка характеризуется совместной циркуляцией всех трех основных типов CPV-2, а в Южной Африке чаще встречаются CPV-2a и CPV-2b.

Для точной идентификации вариантов CPV-2 необходим молекулярный анализ гена VP2. Этот анализ позволяет оценить генетическое разнообразие, проследить распространение вируса и совершенствовать стратегии вакцинации. Вакцины на основе CPV-2 могут давать нестойкий иммунитет против новых вариантов вируса, что затрудняет диагностику гастроэнтерита у привитых щенков. Но вакцины CPV-2b обычно защищают от варианта CPV-2c. По данным исследований, осложнения после вакцинации против парвовирусной инфекции отмечаются приблизительно в 3,8 % случаев, причем чаще у кастрированных щенков, щенков с недостаточным весом и у животных в возрасте до 9 месяцев. Вакцины, разработанные на основе штамма NL-35-D CPV-2, обеспечивают полную защиту от различных штаммов парвовируса [25].

Цель обзора — системный анализ изменчивости и распространения вируса CPV-2 в мире, а также оценка методов его профилактики и лечения.

Использовались данные о распространенности CPV-2 в мире по публикациям, отраженным в базах данных eLIBRARY.RU, PubMed, Google Scholar. Особое внимание уделено изучению закономерностей распространения, механизмов высокой генетической изменчивости геномов собачьего парвовируса CPV-2, а также детальному рассмотрению вопросов эпизоотологии заболевания, разработки эффективных профилактических мер и современных методов лечения.

Кровавая диарея у собак — верный признак CPV-2, спровоцировавшего острое кровотечение в желудке и кишечнике [1, 26]. У щенков чистокровных пород до 6 недель CPV-2 выявлялся чаще ($p < 0,05$). Инфекция CPV-2 поражает щенков и чистокровных собак чаще, чем взрослых дворняг. Ранее CPV-2 чаще обнаруживался у животных 2–4 месяцев [1, 27]. Низкая заболеваемость парвовирусным энтеритом у щенков до месяца объясняется материнским иммунитетом. После четырех месяцев щенки реже болеют из-за развития собственного иммунитета. У кобелей CPV-2 встречается чаще, чем у сук [1, 28]. Результаты исследований указывают на увеличение числа случаев CPV-2с в последние годы [1, 10, 20–24, 29–33].

Эпизоотическая картина свидетельствует о нарастающей тенденции: парвовирусный энтерит занимает 37 % в структуре инфекционных патологий, регистрируемых у собак на территории Российской Федерации [34].

Эпизоотология парвовирусного энтерита представляет собой сложное переплетение факторов, среди которых ключевую роль играют возрастная восприимчивость и сезонная активность вируса. Щенки в возрасте до шести месяцев, лишенные полноценной иммунной защиты, становятся наиболее уязвимой группой и одновременно выступают в роли основного источника инфекции. Вакцинация как действенный инструмент профилактики и строгий карантин для уязвимых групп животных являются необходимыми мерами для контроля и снижения масштабов распространения заболевания. Глубокое понимание этих взаимосвязанных аспектов — краеугольный камень эффективной профилактики эпизоотического распространения парвовирусного энтерита [35].

У новорожденных щенков материнские антитела обеспечивают пассивный иммунитет, однако снижают эффективность вакцинации. Ранняя вакцинация щенков в 6 недель «Мультикан DP» с последующей вакцинацией «Мультикан-DHP» и «Мультикан-L» в 9 недель, а также «Мультикан-DHP» и «Мультикан-LR» в 12 недель, вызывает выработку специфических антител ко всем вирусам, включенным в вакцины, в титрах, обеспечивающих минимальный защитный уровень [36].

В основе вакцины «Мультикан-8» лежит парвовирус собак CPV-2 № 23, прошедший адаптацию к клеткам CRFK. Высокий титр антител к парвовирусу собак является подтверждением способности вакцины обеспечивать надежную защиту животных от заражения [37].

Несмотря на доступность вакцинации, парвовирусный энтерит остается серьезной проблемой для популяции собак. Высокая плотность содержания животных и механизм распространения вируса в помете создают благоприятные условия для возникновения и прогрессирования заболевания. Применение альфа-интерферона в комплексной терапии позволяет значительно повысить эф-

фективность лечения и предотвратить развитие тяжелых форм энтерита, снижая риск летального исхода [38].

Особую опасность парвовирус CPV-2 представляет для щенков в возрасте от 6 недель до 6 месяцев. Вирус демонстрирует высокую скорость эволюции, постоянно порождая новые варианты, такие как CPV-2a, CPV-2b и CPV-2c, которые активно циркулируют в различных регионах мира. Наиболее часто заражение происходит в весенний и осенне-зимний периоды, что связано с характерными для этих сезонов колебаниями температуры и снижением общего иммунитета животных. Несмотря на широкое применение вакцин, вирус продолжает распространяться, что обусловлено влиянием материнских антител у щенков, нивелирующих эффективность вакцинации, и недостаточной степенью защиты у взрослых собак. В связи с этим возникает острая необходимость в постоянном мониторинге генетических и антигенных свойств вновь выявляемых изолятов вируса, что позволит своевременно обновлять состав вакцин и повышать их эффективность [34].

Многообразие циркулирующих изолятов парвовируса — яркое свидетельство его высокой генетической изменчивости и адаптивности. Филогенетический анализ выявляет «горячие точки» в геноме вируса, определяющие основные направления его эволюции. Например, штамм «ЭС-95» вируса CPV-2, изолированный в России, образует единый кластер с изолятами, обнаруженными в Канаде, Уругвае и Италии, что указывает на возможные пути распространения вируса и наличие общих источников заражения [39].

Парвовирус собак 2 (CPV-2) — ДНК-вирус, быстро мутирующий [40] и изменяющий свои свойства. Геном CPV-2 содержит две открытые рамки считывания, кодирующие неструктурные белки NS1 и NS2, а также капсидные белки VP1 и VP2 [41]. Вариации в структуре капсида могут усиливать распространение и вирулентность вируса [42, 43]. Выявлены мутации, потенциально приводящие к устойчивости к вакцинам [44]. Белок VP2, ключевой для капсида и состоящий из 584 аминокислот, определяет, кого заразит вирус. Он играет важную роль в выработке антител против парвовируса собак 2-го типа, вызывающего тяжелое заболевание с кровавой диареей, миокардитом и возможным летальным исходом [1, 4, 23, 45, 46]. Белок NS1 важен для патогенности вируса [47]. В южноамериканских образцах обнаружены мутации N351K и N361S. Мутации I60V и L630P [29] становятся все более распространенными. Распространение конкретных мутаций может указывать на появление новых свойств, таких как устойчивость к лекарствам, что повлияет на эффективность вакцин и расширит круг носителей вируса [48].

VP1 и VP2 кодируют белок капсида вируса парвовируса собак 2-го типа. VP1 длиннее и содержит сигналы ядерной локализации (MAPPAKRARRGLV) [49], важные для заражения клетки. Большинство мутаций в VP1 не меняют аминокислоты и могут регулировать экспрессию генов [50], не влияя на белок капсида. Однако другие N-концевые мутации могут влиять на скорость репликации вируса.

Эволюция VP2 показывает рост мутаций G5A и Q370R в CPV-2c. Эти мутации могут объяснять неэффективность вакцин против CPV-2. Предположительно, ами-

нокислота 5 в VP2 участвует в связывании лигандов и проникновении в клетку, но ее роль неясна [51]. Мутация Q370R может влиять на гемагглютинацию и круг хозяев CPV-2 [52]. VP2, кодирующая капсидный белок CPV-2, критически важна для вирусной патогенности. Мутации VP2 [53, 54], такие как T440A, ведут к антигенному дрейфу и снижают эффективность вакцин. Замена N93K, аналогичная изменениям в вирусе мышей Minute, влияет на взаимодействие с хозяином и антигенные свойства VP2; она обнаружена в образцах из Ирана и Японии [55]. Эта мутация может снижать эффективность вакцин [56]. Мутации NS1 и VP2 вызывают особую обеспокоенность в Азии и Европе [57]. Обобщенная картина эволюционной изменчивости парвовируса CPV-2 по итогам анализа источников представлена в таблице.

Эволюционная изменчивость парвовируса CPV-2

Парво-вирус собак	Год	Изменения в гене VP2 и аминокислоте 426 белка VP2	Краткая характеристика
CPV-2	1978	Нет сведений	Первоначальный CPV-2 больше не встречается у собак, уступив место новым вариантам. Исходный CPV-2 заражал только собак, вызывая кишечные расстройства. В отличие от него, варианты CPV-2a и 2b способны заражать кошек как в лаборатории, так и в обычной жизни
CPV-2a	1979	В белке VP2 вируса CPV-2 обнаружены пять основных мутаций: M87L, I101T, A300G, D305Y и V555I. Кроме того, выявлено изменение аминокислоты в позиции 426 белка VP2 (замена N в CPV-2a)	Различия между CPV-2 и CPV-2a возникают из-за мутаций в CPV-2a. Эти мутации изменяют, например, как вирус реагирует на антитела. Они также меняют способность вируса связываться с рецептором трансферрина кошки. Кроме того, мутации влияют на то, как вирус размножается в организме кошек
CPV-2b	1984	В гене VP2, отвечающем за капсидный белок, произошли мутации. Эти мутации вызвали замену аминокислоты под номером 426. В вариантах CPV-2 и CPV-2a на этой позиции находится Asn, а в CPV-2b – Asp. Таким образом, CPV-2b характеризуется наличием Asp вместо Asn в позиции 426 белка VP2	В CPV-2b, в белке VP2 присутствует мутация N426D. Данная замена вызывает изменения в биологических характеристиках, в частности, в реакции на моноклональные антитела. Важность N426D обусловлена положением остатка 440. Он находится на вершине трехкратного шипа белка VP2. Этот белок расположен на поверхности капсида и является основным антигенным сайтом вируса
CPV-2c	В конце 1990-х	Генетические мутации, затрагивающие ген, отвечающий за белок VP2 капсида, вызвали замену аминокислоты. В позиции 426 глутаминовая кислота (Glu) заменила аспарагин (Asn). Это изменение произошло: CPV-2 и CPV-2a имели Asn, в то время как CPV-2c содержит Glu. Изменения в аминокислоте 426 VP2 (E в CPV-2c)	CPV-2c быстро проник в разные страны и теперь распространен вместе с CPV-2a и CPV-2b. После обнаружения CPV-2c выявили в Азии, Европе, Северной и Южной Америке, а также в Африке

Примечание. Некоторые мутации парвовируса и их значение:

- Мутация T324I часто встречается в штаммах CPV-2a в Азии и Южной Америке. Изменения в аминокислоте 324 могут влиять на то, каких животных может заразить вирус.
- T440A важна для CPV, так как остаток 440 находится на поверхности белка VP2, который является основным антигенным сайтом вируса.
- Y544F и E545V – это две мутации, обнаруженные во всех подтипах CPV-2a, CPV-2b и CPV-2c.
- Мутация E572K не наблюдалась в CPV-2c, но была найдена в 20 образцах CPV-2a и CPV-2b.
- В CPV-2c, собранных после 2015 г., часто встречается изменение аминокислоты 630 (в 16 из 24 случаев).

Источник: [26, 58–61].

Evolutionary variability of parvovirus CPV-2

Canine parvovirus	Year	Changes in the VP2 gene and amino acid 426 of the VP2 protein	Brief description
CPV-2	1978	No data	The original CPV-2 is no longer found in dogs, giving way to new variants. The original CPV-2 only infected dogs, causing intestinal disorders. In contrast, the CPV-2a and 2b variants can infect cats both in the laboratory and in the common life
CPV-2a	1979	Five major mutations were detected in the VP2 protein of the CPV-2 virus: M87L, I101T, A300G, D305Y, and V555I. Moreover, a change in the amino acid at position 426 of the VP2 protein was detected (N substitution in CPV-2a)	The differences between CPV-2 and CPV-2a arise from mutations in CPV-2a. These mutations alter, for example, how the virus responds to antibodies. They also alter the virus's ability to bind to the feline transferrin receptor. Furthermore, the mutations affect how the virus replicates in cats
CPV-2b	1984	Mutations occurred in the VP2 gene, which is responsible for the capsid protein. These mutations resulted in a substitution at amino acid 426. In CPV-2 and CPV-2a, this position is occupied by Asn, while in CPV-2b, it is occupied by Asp. Thus, CPV-2b is characterized by the presence of Asp instead of Asn at position 426 of the VP2 protein	In CPV-2b, the VP2 protein contains the N426D mutation. This substitution causes changes in biological characteristics, particularly in the response to monoclonal antibodies. The importance of N426D stems from the position of residue 440. It is located at the tip of the triple-spike of the VP2 protein. This protein is located on the surface of the capsid and is the main antigenic site of the virus
CPV-2c	Late 1990s	Genetic mutations affecting the gene responsible for the VP2 capsid protein resulted in an amino acid substitution. At position 426, glutamic acid (Glu) replaced asparagine (Asn). This change occurred: CPV-2 and CPV-2a had Asn, while CPV-2c contains Glu. The change is at amino acid 426 of VP2 (E in CPV-2c)	CPV-2c quickly spread to various countries and is now common along with CPV-2a and CPV-2b. Since its discovery, CPV-2c has been detected in Asia, Europe, North and South America, and Africa

Note. Some parvovirus mutations and their significance:

- The T324I mutation is common in CPV-2a strains in Asia and South America. Changes at amino acid 324 may influence which animals the virus can infect.
- T440A is important for CPV because residue 440 is on the surface of the VP2 protein, which is the major antigenic site of the virus.
- Y544F and E545V are two mutations found in all subtypes of CPV-2a, CPV-2b, and CPV-2c.
- The E572K mutation was not observed in CPV-2c but was found in 20 CPV-2a and CPV-2b samples.
- In CPV-2c collected since 2015, a change at amino acid 630 is common (in 16 of 24 cases).

Source: [26, 58–61].

Анализ аминокислотных последовательностей выявил ряд замен, включая ключевые мутации (A5G, F267Y, Y324I, Q370R) и новую (I447M) в изолятах CPV-2. Мутация в позиции 5 (A5G), расположенной в нейтрализующем антигенном участке, может изменить антигенные свойства вируса и его взаимодействие с иммунной системой [19]. Остаток аминокислоты 267 практически не влияет на антигенность

вируса, так как не выходит на поверхность капсида [62]. Аминокислоты в позициях 324, 426 и 440, вероятно, влияют на ускользание вируса от иммунитета и снижают защиту вакцин [63]. Генотип CPV-2с с изолейцином в позиции 324 демонстрирует более ранние цитопатические эффекты в клетках MDCK, чем CPV-2с с тирозином в этой же позиции [64]. Генетические рекомбинации играют ключевую роль в эволюции парвовирусов [65, 66]. Мутация I447M обнаружена в CPV-2 изолятах в Китае и Вьетнаме [14, 23], однако не обнаружена в линиях CPV-2, полученных в Бразилии [67]. Исследования показывают, что аминокислоты 324, 426 и 440 в VP2 подвержены мощному отбору. Аминокислота 324, соседствующая с участком 323, по-видимому, регулирует взаимодействие вируса с рецептором и определяет круг восприимчивых организмов [22, 63].

Заключение

Вирусные геномы отличаются высокой изменчивостью и способны мутировать, что позволяет им ускользать от иммунного ответа. Это объясняет случаи снижения эффективности некоторых существующих вакцин против парвовируса 2-го типа. Мутации в ключевых участках белка, например в положении N93K, расположенном рядом с петлей 2, могут быть одной из причин подобного явления. Для щенков оптимальна трехкратная схема вакцинации, завершающаяся после достижения ими возраста 16 недель. Введение первой дозы возможно уже с четырехнедельного возраста, и вакцинация может проводиться даже у беременных сук. Формирование иммунного ответа на парвовирусную инфекцию зависит от возраста и массы тела животного, а также от уровня материнских антител, однако не зависит от пола щенка или типа используемой вакцины. Уровень материнских антител варьирует индивидуально, что требует гибкого подхода к выбору времени вакцинации. Применение иммуномодуляторов и ДНК-вакцин способствует формированию устойчивого и продолжительного иммунитета к парвовирусу. Осложнения после вакцинации встречаются сравнительно редко — около 3–4 % случаев, чаще у кастрированных щенков, животных с недостаточной массой тела и в возрасте до девяти месяцев. Вакцины, разработанные на основе штамма NL-35-D CPV-2, обеспечивают надежную защиту от различных циркулирующих штаммов вируса.

Список литературы / References

1. Qi S, Zhao J, Guo D, Sun D. A mini-review on the epidemiology of canine parvovirus in China. *Frontiers in Veterinary Science*. 2020;7:5. doi: 10.3389/fvets.2020.00005 EDN: VBOUWF
2. Cotmore SF, Agbandje-McKenna M, Canuti M, Chiorini JA, Eis-Hübinger AM, Hughes J, Mietzsch M, Modha S, Ogliastro M, Péntzes JJ, et al. ICTV virus taxonomy profile: Parvoviridae. *The Journal of General Virology*. 2019;100(3):367–368. doi: 10.1099/jgv.0.001212
3. Parrish CR, Aquadro CF, Strassheim ML, Evermann JF, Sgro JY, Mohammed HO. Rapid antigenic-type replacement and DNA sequence evolution of canine parvovirus. *Journal of Virology*. 1991;65(12):6544–6552. doi: 10.1128/JVI.65.12.6544-6552.1991
4. Decaro N, Buonavoglia C, Barrs VR. Canine parvovirus vaccination and immunization failures: are we far from disease eradication? *Veterinary Microbiology*. 2020;247:108760. doi: 10.1016/j.vetmic.2020.108760
5. Nandi S, Kumar M. Canine parvovirus: current perspective. *Indian Journal of Virology*. 2010;21(1):31–44. doi: 10.1007/s13337-010-0007-y EDN: TAMFCN

6. Touihri L, Bouzid I, Daoud R, Desario C, El Goulli AF, Decaro N, Ghorbel A, Buonavoglia C, Bahloul C. Molecular characterization of canine parvovirus-2 variants circulating in Tunisia. *Virus Genes*. 2009;38(2):249–258. doi: 10.1007/s11262-008-0314-1 EDN: QSSNNW
7. Hoelzer K, Shackelton LA, Parrish CR, Holmes EC. Phylogenetic analysis reveals the emergence, evolution and dispersal of carnivore parvoviruses. *Journal of General Virology*. 2008;89(9):2280–2289. doi: 10.1099/vir.0.2008/002055-0
8. Franzo G, Mira F, Schirò G, Canuti M. Not Asian anymore: reconstruction of the history, evolution, and dispersal of the «Asian» lineage of CPV-2c. *Viruses*. 2023;15(9):1962. doi: 10.3390/v15091962 EDN: WPDWVN
9. Shao R, Ye C, Zhang Y, Sun X, Cheng J, Zheng F, Cai S, Ji J, Ren Z, Zhong L, Lai Z, Ou J, Lu G, Li S. Novel parvovirus in cats, China. *Virus Research*. 2021;304:198529. doi: 10.1016/j.virusres.2021.198529 EDN: BRRIKY
10. Jing Z, Ji P, Wei Y, Hao F, Wei Y. Isolation and identification of a novel canine parvovirus type 2c strain in domestic cats in Dalian, China. *Frontiers in Veterinary Science*. 2022;9:1001604. doi: 10.3389/fvets.2022.1001604 EDN: CSKXJN
11. Lina Z, Kai W, Fuyu A, Dongliang Z, Hailing Z, Xuelin X, Ce G, Hongmei Y, Yingjie K, Zhidong Z, Rongguang L, Yan H. Fatal canine parvovirus type 2a and 2c infections in wild Chinese pangolins (*Manis pentadactyla*) in southern China. *Transboundary and Emerging Diseases*. 2022;69(6):4002–4008. doi: 10.1111/tbed.14703 EDN: XDYSAI
12. Zhao Y, Lin Y, Zeng X, Lu C, Hou J. Genotyping and pathobiologic characterization of canine parvovirus circulating in Nanjing, China. *Virology Journal*. 2013;10(1):272. doi: 10.1186/1743-422X-10-272 EDN: BWXEUK
13. Hao X, Li Y, Xiao X, Chen B, Zhou P, Li S. The changes in canine parvovirus variants over the years. *International Journal of Molecular Sciences*. 2022;23(19):11540. doi: 10.3390/ijms231911540 EDN: EVVWWS
14. Hoang M, Lin WH, Le VP, Nga BT, Chiou MT, Lin CN. Molecular epidemiology of canine parvovirus type 2 in Vietnam from November 2016 to February 2018. *Virology Journal*. 2019;16(1):52. doi: 10.1186/s12985-019-1159-z EDN: INDXAP
15. Franzo G, Tucciarone CM, Cecchinato M, Drigo M. Canine parvovirus type 2 (CPV-2) and Feline panleukopenia virus (FPV) codon bias analysis reveals a progressive adaptation to the new niche after the host jump. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2017;114:82–92. doi: 10.1016/j.ympev.2017.05.019
16. Zhong Z, Liang L, Zhao J, et al. First isolation of new canine parvovirus 2a from Tibetan mastiff and global analysis of the full-length VP2 gene of canine parvoviruses 2 in China. *International Journal of Molecular Sciences*. 2014;15(7):12166–12187. doi: 10.3390/ijms150712166
17. Zhou P, Zeng W, Zhang X, Li S. The genetic evolution of canine parvovirus — a new perspective. *PLoS ONE*. 2017;12(3):0175035. doi: 10.1371/journal.pone.0175035
18. Wu H, Li X, Wang L, Liu Y, Tian K. Molecular epidemiological survey of canine parvovirus in domestic dogs in four provinces, China. *Virusdisease*. 2018;29(1):113117. doi: 10.1007/s13337-018-0427-7 EDN: ULCLHG
19. Li C, Tang J, Chen Z, Niu G, Liu G. A divergent canine parvovirus type 2c (CPV-2c) isolate circulating in China. *Infection, Genetics and Evolution*. 2019;73:242–247. doi: 10.1016/j.meegid.2019.05.004
20. Chen B, Zhang X, Zhu J, Liao L, Bao E. Molecular epidemiological survey of canine parvovirus circulating in China from 2014 to 2019. *Pathogens*. 2021;10(5):588. doi: 10.3390/pathogens10050588 EDN: JUPWYV
21. Jiang H, Yu Y, Yang R, et al. Detection and molecular epidemiology of canine parvovirus type 2 (CPV-2) circulating in Jilin Province, Northeast China. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*. 2021;74:101602. doi: 10.1016/j.cimid.2020.101602 EDN: YPZKLY
22. Liu C, Gao J, Li H, et al. Phylogenetic characteristics of canine parvovirus type 2c variant endemic in Shanghai, China. *Viruses*. 2021;13(11):2257. doi: 10.3390/v13112257 EDN: UZTTMC
23. Fu P, He D, Cheng X, et al. Prevalence and Characteristics of Canine Parvovirus Type 2 in Henan Province, China. *Microbiology Spectrum*. 2022;10(6):e0185622. doi: 10.1128/spectrum.01856–22 EDN: HNNYHY
24. Hao X, He Y, Wang C, et al. The increasing prevalence of CPV-2c in domestic dogs in China. *PeerJ*. 2020;8:e9869. doi: 10.7717/peerj.9869 EDN: MELKFQ
25. Shatalov AV, Dannikov SP, Kononov AN, Skripkin VS. Immunoprophylaxis of canine parvoviral enteritis. *Veterinary Science Today*. 2018;(4):63–67. (In Russ.). doi: 10.29326/2304-196X-2018-4-27-63-67 EDN: HANOOF
- Шаталов А.В., Даников С.П., Кононов А.Н., Скрипкин В.С. Иммунопрофилактика парвовирусного энтерита собак // Ветеринария сегодня. 2018. № 4 (27). С. 63–67. doi: 10.29326/2304-196X-2018-4-27-63-67 EDN: HANOOF
26. Decaro N, Buonavoglia C. Canine parvovirus — a review of epidemiological and diagnostic aspects, with emphasis on type 2c. *Veterinary Microbiology*. 2012;155(1):1–12. doi: 10.1016/j.vetmic.2011.09.007
27. Zhao Z, Liu H, Ding K, Peng C, Xue Q, Yu Z, Xue Y. Occurrence of canine parvovirus in dogs from Henan province of China in 2009–2014. *BMC Veterinary Research*. 2016;12:138. doi: 10.1186/s12917-016-0753-1

28. Zhao H, Wang J, Jiang Y, Cheng Y, Lin P, Zhu H, Han G, Yi L, Zhang S, Guo L, Cheng S. Typing of canine parvovirus strains circulating in north-east China. *Transboundary and Emerging Diseases*. 2017;64:495–503. doi: 10.1111/tbed.12390
29. Wang H, Jin H, Li Q, Zhao G, Cheng N, Feng N, Zheng X, Wang J, Zhao Y, Li L, et al. Isolation and sequence analysis of the complete NS1 and VP2 genes of canine parvovirus from domestic dogs in 2013 and 2014 in China. *Archives of Virology*. 2016;161(2):385–393. doi: 10.1007/s00705-015-2683-5 EDN: XSXBNW
30. Wang Z, Jiang Y, Xin T, Yuan W, Guo X, Zhou H, Zhu H, Jia H. Genetic characterization and evolutionary analysis of canine parvovirus in Tangshan, China. *Archives of Virology*. 2022;167(11):2263–2269. doi: 10.1007/s00705-022-05502-x EDN: KYCKLT
31. Wu J, Gao XT, Hou SH, et al. Molecular epidemiological and phylogenetic analyses of canine parvovirus in domestic dogs and cats in Beijing, 2010–2013. *The Journal of Veterinary Medical Science*. 2015;77(10):1305–1310. doi: 10.1292/jvms.14-0665
32. Umar S, Gao D, Kim S, et al. Molecular characterization of canine parvovirus type 2 (CPV2) reveals a high prevalence of the CPV2c genotype among dogs with diarrhea. *Animal Diseases*. 2024;4(1):1. doi: 10.1186/s44149-023-00107-6 EDN: LGYNKG
33. Hu W, Xu X, Liu Q, Ji J, Kan Y, Yao L, Bi Y, Xie Q. Molecular characterization and genetic diversity of canine parvovirus type 2 prevalent in Central China. *Journal of Veterinary Research*. 2020;64(3):347–354. doi: 10.2478/jvetres-2020-0056 EDN: AGCBUC
34. Galkina TS, Karaulov AK. Canine parvovirus enteritis: epidemic situation analysis and perspectives. *Veterinary Science Today*. 2020;(4):283–289. (In Russ.). doi: 10.29326/2304-196X-2020-4-35-283-289 EDN: DCONTU
- Галкина Т.С., Караулов А.К. Парвовирусный энтерит собак: анализ эпизоотической ситуации и перспективы // Ветеринария сегодня. 2020. № 4 (35). С. 283–289. doi: 10.29326/2304-196X-2020-4-35-283-289 EDN: DCONTU
35. Krivko AS, Krivko MS. Epizootiological aspects of canine parvovirus enteritis. *International Scientific Research Journal*. 2025;(3):101. (In Russ.). doi: 10.60797/IRJ.2025.153.62 EDN: WMAKES
- Кривко А.С., Кривко М.С. Эпизоотологические аспекты парвовирусного энтерита собак // Международный научно-исследовательский журнал. 2025. № 3 (153). С. 101. doi: 10.60797/IRJ.2025.153.62 EDN: WMAKES
36. Mukhin AN, Ostapchuk OV, Moskvina AS, Seleverstov AS, Aliper TI. Results of clinical studies of the vaccine against distemper and parvovirus enteritis of dogs “MULTICAN DP”. *Veterinary and Feeding*. 2025;(4):80–82. (In Russ.). doi: 10.30917/att-vk-1814-9588-2025-4-17
- Мухин А.Н., Остапчук О.В., Москвина А.С., Селеверстов А.С., Алипер Т.И. Результаты клинических исследований вакцины против чумы и парвовирусного энтерита собак «МУЛЬТИКАН DP» // Ветеринария и кормление. 2025. № 4. С. 80–82. doi: 10.30917/ATT-VK-1814-9588-2025-4-17 EDN: PRAJJK
37. Mukhin AN, Ostapchuk OV, Losich MA, Nepoklonova IV, Verkhovsky OA, Kontseva NN, Aliper TI. Antigenic activity of the improved variant of the vaccine against distemper, adenovirus infections, parvovirus and coronavirus enteritis, leptospirosis and rabies of dogs MULTICAN-8. *Veterinary*. 2021;(3):8–13. (In Russ.). doi: 10.30896/0042-4846.2021.24.3.08–14 EDN: HWUUXN
- Мухин А.Н., Остапчук О.В., Лосич М.А., Непоклонова И.В., Верховский О.А., Концевая Н.Н., Алипер Т.И. Антигенная активность усовершенствованной вакцины против чумы, аденовирусных инфекций, парвовирусного и коронавирусного энтерита, лептоспироза и бешенства собак МУЛЬТИКАН-8 // Ветеринария. 2021. № 3. С. 8–13. doi: 10.30896/0042-4846.2021.24.3.08-14 EDN: HWUUXN
38. Elizarova EA, Klyapnev AV, Kuznetsov EG, Parkhomenko SA, Zeynalov OA. Treatment of parvovirus enteritis in puppies using recombinant canine interferon alpha (DOGFERON®). *Veterinary*. 2024;(4):23–27. (In Russ.). doi: 10.30896/0042-4846.2024.27.4.23-27 EDN: GNDQIL
- Елизарова Е.А., Кляпнев А.В., Кузнецов Е.Г., Пархоменко С.А., Зейналов О.А. Лечение парвовирусного энтерита у щенков с применением рекомбинантного альфа-интерферона собаки (ДОГФЕРОН®) // Ветеринария. 2024. № 4. С. 23–27. doi: 10.30896/0042-4846.2024.27.4.23-27 EDN: GNDQIL
39. Vlasov ME, Chadaeva AA, Sindryakova IP, Kolbasova OL, Povolayaeva OS, Yurkov SG. Cultural properties and molecular-genetic characteristics of the strain «ES-95» of canine parvovirus. *Veterinary*. 2025;(6):24–30. (In Russ.). doi: 10.30896/0042-4846.2025.28.6.24-30 EDN: FIQXYZ
- Власов М.Е., Чадаева А.А., Синдрякова И.П., Колбасова О.Л., Поголяева О.С., Юрков С.Г. Культуральные свойства и молекулярно-генетическая характеристика штамма «ЭС-95» парвовируса собак // Ветеринария. 2025. № 6. С. 24–30. doi: 10.30896/0042-4846.2025.28.6.24-30 EDN: FIQXYZ
40. Nguyen MT, Piehwang C, Rungtipipat A, Techangamsuwan S. Molecular and phylogenetic analysis of Vietnamese canine parvovirus 2C originated from dogs reveals a new Asia-IV clade. *Transboundary and Emerging Diseases*. 2021;68(3):1445–1453. doi: 10.1111/tbed.13811

41. Mira F, Dowgier G, Purpari G, Vicari D, Di Bella S, Macaluso G, Gucciardi F, Randazzo V, Decaro N, Guercio A. Molecular typing of a novel canine parvovirus type 2a mutant circulating in Italy. *Infection, Genetics and Evolution*. 2018;61:67–73. doi: 10.1016/j.meegid.2018.03.020 EDN: YGUIBN
42. Giraldo-Ramirez S, Rendon-Marin S, Ruiz-Saenz J. Phylogenetic, evolutionary and structural analysis of canine parvovirus (CPV-2) antigenic variants circulating in Colombia. *Viruses*. 2020;12(5):500. doi: 10.3390/v12050500 EDN: YKMIBQ
43. Zhang R, Yang S, Zhang W, Zhang T, Xie Z, Feng H, Wang S, Xia X. Phylogenetic analysis of the VP2 gene of canine parvoviruses circulating in China. *Virus Genes*. 2010;40(3):397–402. doi: 10.1007/s11262-010-0466-7 EDN: GJFTEJ
44. Hernandez-Blanco B, Catala-Lopez F. Are licensed canine parvovirus (CPV2 and CPV2b) vaccines able to elicit protection against CPV2c subtype in puppies?: a systematic review of controlled clinical trials. *Veterinary Microbiology*. 2015;180(1–2):1–9. doi: 10.1016/j.vetmic.2015.07.027
45. Li G, Ji S, Zhai X, et al. Evolutionary and genetic analysis of the VP2 gene of canine parvovirus. *BMC Genomics*. 2017;18(1):534. doi: 10.1186/s12864-017-3935-8 EDN: FKUAAM
46. Castillo C, Neira V, Aniñir P, Grecco S, Pérez R, Panzera Y, Zegpi NA, Sandoval A, Sandoval D, Cofre S, Ortega R. First molecular identification of canine parvovirus type 2 (CPV2) in Chile reveals high occurrence of CPV2c antigenic variant. *Frontiers in Veterinary Science*. 2020;7:194. doi: 10.3389/fvets.2020.00194 EDN: LJGYGA
47. Miao B, Chen S, Zhang X, Ma P, Ma M, Chen C, Zhang X, Chang L, Du Q, Huang Y, Tong D. T598 and T601 phosphorylation sites of canine parvovirus NS1 are crucial for viral replication and pathogenicity. *Veterinary Microbiology*. 2022;264:109301. doi: 10.1016/j.vetmic.2021.109301 EDN: QGFESW
48. De la Torre D, Mafla E, Puga B, Erazo L, Astolfi-Ferreira C, Ferreira AP. Molecular characterization of canine parvovirus variants (CPV-2a, CPV-2b, and CPV-2c) based on the VP2 gene in affected domestic dogs in Ecuador. *Veterinary World*. 2018;11(4):480–486. doi: 10.14202/vetworld.2018.480-486 EDN: VHUVTW
49. Ying H, Runxi X, Manfu Z. Expression or subcellular targeting of virus capsid proteins with cloning genome of a canine parvovirus from China. *Research in Veterinary Science*. 2009;87(2):239–241. doi: 10.1016/j.rvsc.2009.03.001
50. Tuller T, Zur H. Multiple roles of the coding sequence 5' end in gene expression regulation. *Nucleic Acids Research*. 2015;43(1):13–28. doi: 10.1093/nar/gku1313 EDN: KQZUDB
51. Lindner D, Walther C, Tennemann A, Beck-Sickingher AG. Functional role of the extracellular N-terminal domain of neuropeptide Y subfamily receptors in membrane integration and agonist-stimulated internalization. *Cellular Signalling*. 2009;21(1):61–68. doi: 10.1016/j.cellsig.2008.09.007
52. Guo L, Yang SL, Chen SJ, et al. Identification of canine parvovirus with the Q370R point mutation in the VP2 gene from a giant panda (*Ailuropoda melanoleuca*). *Virology Journal*. 2013;10(1):163. doi: 10.1186/1743-422X-10-163 EDN: XWHWCC
53. Dogonyaro BB, Bosman AM, Sibeko KP, Venter EH, van Vuuren M. Genetic analysis of the VP2-encoding gene of canine parvovirus strains from Africa. *Veterinary Microbiology*. 2013;165(3–4):460–465. doi: 10.1016/j.vetmic.2013.04.022
54. Lin CN, Chien CH, Chiou MT, Chueh LL, Hung MY, Hsu HS. Genetic characterization of type 2a canine parvoviruses from Taiwan reveals the emergence of an Ile324 mutation in VP2. *Virology Journal*. 2014;11:39. doi: 10.1186/1743-422X-11-39
55. Agbandje-McKenna M, Llamas-Saiz AL, Wang F, Tattersall P, Rossmann MG. Functional implications of the structure of the murine parvovirus, minute virus of mice. *Structure*. 1998;6(11):1369–1381. doi: 10.1016/s0969-2126(98)00137-3
56. Strassheim ML, Gruenberg A, Veijalainen P, Sgro JY, Parrish CR. Two dominant neutralizing antigenic determinants of canine parvovirus are found on the threefold spike of the virus capsid. *Virology*. 1994;198(1):175–184. doi: 10.1006/viro.1994.1020
57. Boros A, Albert M, Urban P, Herczeg R, Gaspar G, Balazs B, Csagola A, Pankovics P, Gyenesi A, Reuter G. Unusual «Asian-origin» 2c to 2b point mutant canine parvovirus (Parvoviridae) and canine astrovirus (Astroviridae) co-infection detected in vaccinated dogs with an outbreak of severe haemorrhagic gastroenteritis with high mortality rate in Hungary. *Veterinary Research Communications*. 2022;46(4):1355–1361. doi: 10.1007/s11259-022-09997-2
58. Li S, Chen X, Hao Y, Zhang G, Lyu Y, Wang J, Liu W, Qin T. Characterization of the VP2 and NS1 genes from canine parvovirus type 2 (CPV-2) and feline panleukopenia virus (FPV) in Northern China. *Frontiers in Veterinary Science*. 2022;9:934849. doi: 10.3389/fvets.2022.934849
59. Su X, Zhou H, Jiang W, et al. Isolation and evolutionary analysis of feline panleukopenia virus strains FPV-BJ-J2 and FPV-BJ-J3 (T440A, N564S, A568G) in Beijing, China. *Frontiers in Veterinary Science*. 2026;13:1745551. doi: 10.3389/fvets.2026.1745551 EDN: QLHQYG

60. Li Z, Cai J, Feng C, Wang Y, Fang S, Xue X. Two novel sites determine genetic relationships between CPV-2 and FPV: an epidemiological survey of canine and feline parvoviruses in Changchun, China (2020). *Frontiers in Veterinary Science*. 2024;11:1444984. doi: 10.3389/fvets.2024.1444984 EDN: GTAHRA
61. Sarabandi S, Pourtaghi H. Whole genome sequence analysis of CPV-2 isolates from 1998 to 2020. *Virology Journal*. 2023;20(1):138. doi: 10.1186/s12985-023-02102-2 EDN: EMCBLX
62. Shackelton LA, Parrish CR, Truyen U, Holmes EC. High rate of viral evolution associated with the emergence of carnivore parvovirus. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2005;102(2):379–384. doi: 10.1073/pnas.0406765102
63. Alexis VA, Sonia V, Daniela S, Miguel G, Timothy H, Valentina F, Lisette L, Leonardo S. Molecular analysis of full-length VP2 of canine parvovirus reveals antigenic drift in CPV-2b and CPV-2c variants in Central Chile. *Animals*. 2021;11(8):2387. doi: 10.3390/ani11082387 EDN: YWMJTY
64. Cságola A, Varga S, Lőrincz M, Tuboly T. Analysis of the full-length VP2 protein of canine parvoviruses circulating in Hungary. *Archives of Virology*. 2014;159(9):2441–2444. doi: 10.1007/s00705-014-2068-5 EDN: PEGWUD
65. Pérez R, Calleros L, Marandino A, Sarute N, Iraola G, Grecco S, Blanc H, Vignuzzi M, Isakov O, Shomron N, et al. Phylogenetic and genome-wide deep-sequencing analyses of canine parvovirus reveal coinfection with field variants and emergence of a recent recombinant strain. *PLoS ONE*. 2014;9(11): e111779. doi: 10.1371/journal.pone.0111779
66. Tang Y, Tang N, Zhu J, Wang M, Liu Y, Lyu Y. Molecular characteristics and genetic evolutionary analyses of circulating parvoviruses derived from cats in Beijing. *BMC Veterinary Research*. 2022;18(1):195. doi: 10.1186/s12917-022-03281-w EDN: HLSELP
67. Silva SP, Silva L, Rodrigues EDL, Cardoso JF, Tavares FN, Souza WM, Santos CMP, Martins FMS, Jesus IS, Brito TC, Moura TPC, Nunes MRT, Casseb LMN, Silva Filho E, Casseb AR. Full-length genomic and molecular characterization of canine parvovirus in dogs from North of Brazil. *Genetics and Molecular Research*. 2017;16(3):1–8. doi: 10.4238/gmr16039719 EDN: YJXDMB

Об авторах:

Лаптев Сергей Владимирович — кандидат биологических наук, доцент, доцент кафедры эпизоотологии и организации ветеринарного дела, Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологии им. К.И. Скрябина (МБА имени К.И. Скрябина), Российская Федерация, 109472, г. Москва, ул. Академика Скрябина, д. 23; e-mail: x9131078824@yandex.ru

ORCID: 0000-0002-3023-6976 SPIN-код: 4867-7430

Селина Марина Викторовна — кандидат педагогических наук, доцент кафедры экономики и цифровизации в АПК, Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологии им. К.И. Скрябина (МБА имени К.И. Скрябина), Российская Федерация, 109472, г. Москва, ул. Академика Скрябина, д. 23; e-mail: project@mgavm.ru

ORCID: 0000-0002-8201-1042 SPIN-код: 1372-2660

About the authors:

Lapteev Sergey Vladimirovich — Candidate of Biology Science, Associate Professor, Associate Professor of the Department of Epizootology and Organization of Veterinary Affairs, the Moscow State Academy of Veterinary Medicine and Biotechnology — MBA named after K.I. Skryabin, 23 Akademika Skryabina St., Moscow, 109472, Russian Federation; e-mail: x9131078824@yandex.ru

ORCID: 0000-0002-3023-6976 SPIN-code: 4867-7430

Selina Marina Viktorovna — Candidate of Pedagogy Science, Associate Professor of the Department of Economics and Digitalization in the Agro-Industrial Complex, the Moscow State Academy of Veterinary Medicine and Biotechnology — MBA named after K.I. Skryabin, 23 Akademika Skryabina St., Moscow, 109472, Russian Federation; e-mail: project@mgavm.ru

ORCID: 0000-0002-8201-1042 SPIN-code: 1372-2660