

## ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ КОРОНАВИРУСОВ, ЦИРКУЛИРУЮЩИХ В ПОПУЛЯЦИЯХ ДИКИХ И ДОМАШНИХ ПТИЦ НА ТЕРРИТОРИИ КАЗАХСТАНА

А.В. Жигайлов<sup>1</sup>, Э.Р. Мальцева<sup>1</sup>, К.Р. Иванова<sup>1</sup>, Ж.А. Бердыгулова<sup>1</sup>, А.Е. Гаврилов<sup>2</sup>, М.А. Копоченя<sup>3</sup>, Ю.А. Скиба<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Филиал ТОО «Национальный центр биотехнологии» в г. Алматы, Казахстан

<sup>2</sup> РГП «Институт зоологии» КН МНВО РК, Алматы, Казахстан

<sup>3</sup> Факультет ветеринарии и технологии животноводства, Казахский агротехнический исследовательский университет им. С. Сейфуллина, Казахстан

email: andrzhig@gmail.com

Дикие птицы являются естественным резервуаром многих вирусов, способных инфицировать домашнюю птицу. Казахстан расположен в самом центре Евразии, его территорию пересекают несколько миграционных путей птиц, поэтому нужно понимать, какие именно вирусы здесь циркулируют. Важной группой птичьих патогенов являются коронавирусы (сем. *Coronaviridae*), а именно гамма- и дельта-коронавирусы. К первой группе относится вирус инфекционного бронхита кур (IBV), наносящий значительный экономический ущерб птицеводству во всем мире. Как многие коронавирусы, IBV отличается высокой генетической вариабельностью. Разные серотипы обладают слабой перекрестной реактивностью, и выбор адекватной вакцины имеет первостепенное значение для сдерживания распространения вируса и минимизации экономических потерь.

С целью исследования разнообразия коронавирусов в популяциях диких птиц проведена детекция РНК коронавирусов методом ОТ-ПЦР в образцах от 444 индивидов из 13 отрядов, собранных в восьми локациях юго-восточного Казахстана (Жамбылская, Алматинская и Жетысуская области). Общая превалентность коронавирусов составила 4,1% (18/444). Коронавирусная РНК обнаружена в образцах от птиц из отрядов: *Pelecaniformes* (27,3%; 3/11), *Anseriformes* (20,0%; 1/5), *Charadriiformes* (6,1%; 2/49), *Columbiformes* (4,3%; 4/94), *Falconiformes* (3,2%; 1/32) и *Passeriformes* (2,9%; 6/210). Частичное секвенирование ДНК по локусам *RdRp* и *Hel* позволило выявить семь гамма-коронавирусов и шесть дельта-коронавирусов.

На присутствие генетического материала коронавирусов проанализированы клинические образцы (трахеальные и клоакальные мазки,

смывы с трахеи, легкие) от 94 домашних птиц (79 кур, 5 уток, 5 гусей и 5 индеек) из 14 птицефабрик (Абайская, Акмолинская, Алматинская, Жамбылская, Карагандинская, Костанайская, Туркестанская области) и одной птицефермы (Алматинская область). Использован метод полугнездовой ОТ-ПЦР с универсальными праймерами Pan-CoV, подобранными к консервативному участку гена *RdRp*. РНК IBV выявлена в образцах от кур из шести птицефабрик (Абайская, Акмолинская, Алматинская, Карагандинская и Костанайская области).

Для типирования IBV предпринято частичное секвенирование генома по локусу *RdRp*, выявлены генотипы: GI-1, GI-13, GI-17, GI-23 и Italy-02. Поскольку в Казахстане коммерчески доступны вакцины генотипов GI-1 и GI-13, для этих вариантов была предпринята дополнительная генетическая характеристика по гену спайкового белка S. Вирус генотипа GI-1 по нуклеотидной последовательности гена S был идентичен вакцинному штамму H120 IBV. Среди вирусов генотипа GI-13 выявлен вариант, идентичный по нуклеотидной последовательности S-гена вакцинному штамму 793/B IBV и вариант, достаточно сильно отличный от вакцинного штамма (25 мутаций из 1605 п.о.).

Таким образом, в ходе скринингового исследования выявлены гамма- и дельта-коронавирусы диких птиц, а также генетические варианты IBV, отнесенные к пяти разным генотипам, в том числе невакцинные (полевые) штаммы вируса. Результаты исследования указывают на необходимость проведения регулярных мониторинговых исследований как в популяциях диких птиц, так и среди домашней птицы на всей территории страны.