

К. Х. ЖУМАТОВ, М. Х. САЯТОВ, К. О. КАРАМЕНДИН

(РГП на ПХВ «Институт микробиологии и вирусологи КН МОН РК», Алматы, Казахстан)

ГЕНОТИПЫ ВИРУСА БОЛЕЗНИ НЬЮКАСЛА ДИКИХ И ДОМАШНИХ ПТИЦ

Аннотация. В обзорной статье обобщены результаты исследований по выделению, идентификации и филогенетическому анализу парамиксовирусов птиц серотипа 1 (ПМВ-1), к которым относится один из самых распространенных и опасных патогенов дикой и домашней орнитофауны – вирус болезни Ньюкасла (ВБН). Изложены последние данные по строению, распространению и спектру восприимчивых хозяев ВБН, описывается современная классификация этого возбудителя, позволяющая разделить все его известные генотипы на 2 класса с последующим разделением на три субгруппы и 15 генотипов, соответственно. Приводятся эпизоотологические характеристики и особенности вирусов отдельных генотипов ВБН. В заключение статьи делается вывод о важности проведения мониторинга возбудителя этой особо опасной вирусной инфекции в популяциях диких и домашних птиц, что позволит существенно повысить эффективность профилактических и карантинных мероприятий в птицеводческих хозяйствах Республики Казахстан.

Ключевые слова: парамиксовирус, возбудитель, вирус болезни Ньюкасла, генотип.

Тірек сөздер: парамиксовирус, қоздырғыш, Ньюкасл ауруының вирусы, генотип.

Keywords: paramyxovirus, the causative agent, Newcastle disease virus, genotype.

РНК-содержащие ПМВ птиц, образующие род *Avulavirus* семейства *Paramyxoviridae*, способны вызывать заболевания с различными клиническими проявлениями у большинства исследованных диких и домашних птиц. На основании серологических различий внутренних вирионных белков

они разделяются на 11 серотипов. Из них наиболее опасным для птицеводства является распространенный среди домашних птиц во всех регионах мира ПМВ-1, впервые выделенный в 1926 г. на о. Ява [1, 2].

Геном ВБН представлен одонитевой РНК негативной полярности ($1,5 \times 10^4$ н.), кодирующей 6 белков: поверхностные – гемагглютинин-нейраминидазу (HN), белок слияния (F) и внутренние – РНК-зависимую РНК-полимеразу (L), матриксный протеин (M), фосфопротеин (P) и нуклеопротеин (NP) [3].

По данным D. J. Alexander, ВБН способен инфицировать птиц, относящихся к 241 виду, что создает значительную экологическую нишу для его сохранения в природе. Другим отличительным свойством ПМВ-1 служит широкий спектр вирулентности, включая бессимптоматические варианты, а также низкопатогенные (лентогенные), умереннопатогенные (мезогенные) и высокопатогенные (велогенные) штаммы, заражение которыми происходит алиментарным и ингаляционным путями [4]. Установлено, что определяющую роль в формировании патогенных свойств играет аминокислотная последовательность сайта расщепления белка F, которая непосредственно влияет на эффективность проникновения вируса в клетки мишени [5].

Молекулярно-генетические исследования, проведенные во многих странах, показывают неоднородность популяций ВБН, циркулирующих в мире. Имеется несколько филогенетических классификаций ПМВ-1 с разделением на линии или генотипы. Исследования показали, что вирусы различных филогенетических линий, представляющих разные географические регионы мира, одновременно подвергаются эволюционным изменениям, что значительно затрудняет контроль и диагностику болезни [6, 7].

На основе филогенетического анализа частичных или полных нуклеотидных последовательностей гена белка слияния (F) изоляты ВБН были разделены на генотипы (линии). Первоначально ВБН классифицировались на шесть генотипов и 13 субгенотипов, позже к ним добавили еще один генотип и семь субгенотипов [8].

На протяжении истории изучения ВБН, выделены четыре главных этапа, связанных со вспышками болезни в разных регионах мира [1, 5]. Первая зарегистрированная панзоотия началась в Юго-Восточной Азии в середине 1920-х гг. и на протяжении 30 лет распространилась по всему миру. В нее были вовлечены, по крайней мере, представители трех генотипов (II, III и IV) [9].

Вторая панзоотия произошла на Ближнем Востоке в 1960-х гг. и распространилась на большинство стран в начале 1970-х гг. Проведенный моноклональный анализ установил тесные связи штаммов ВБН этой панзоотии с изолятами от импортированных попугаев [10]. Позже это подтверждено при генетическом анализе гена F, на основании которого эти изоляты отнесены к генотипу V [11, 12].

Данная панзоотия явилась отправной точкой для разработки профилактических вакцин и протоколов иммунизации, что в сочетании с санитарными мерами способствовало ограничению распространения болезни и его эффективному контролю в Северной Америке и в некоторых европейских странах. Однако, в остальных регионах мира, где доминирует свободное содержание птиц, ВБН остается весьма актуальной инфекцией.

Начало и распространение третьей панзоотии остаются до сих пор невыясненными. Использование усовершенствованных вакцин позволило значительно ограничить распространение заболевания, но не смогло предотвратить трансмиссию вируса от вакцинированных вирусоносителей. Молекулярные исследования показали образование генетических вариаций вируса, так, на Тайване и в Индонезии в 1980-х [6, 9] выявлено наличие генотипа VII.

Этиологическим фактором четвертой панзоотии считается вариант ВБН, который поражает преимущественно голубей [3], и в настоящее время характеризуется как генотип VI [8, 9]. Вирус впервые выявлен на Ближнем Востоке в конце 1970 гг. и распространился в Европе в 1980 гг. среди невакцинированных кур, которые заразились через контаминированные корма, загрязненные фекалиями голубей в Великобритании в середине 1980 гг.

Наряду с первой до последнего времени использовалась и другая классификация, которая делила ВБН на два класса: I и II [14]. Класс I был разделен на девять генотипов, в то время как класс II включал в себя одиннадцать генотипов. Обе системы использовались одновременно, создавая путаницу в номенклатуре и расхождения в формировании филогенетических групп.

В настоящее время рядом исследователей [13] предложена новая классификация. В ее основу положен филогенетический анализ не отдельных участков генов F-белка, а 602 полных нуклеотидных последовательностей класса 2 и 102 – класса 1, зарегистрированных в базе данных GenBank. Предварительно авторами установлена средняя межпопуляционная дистанция равная 10% различий, этот уровень дивергенции позволяет говорить о возникновении нового генотипа. Согласно этой классификации все изоляты ПМВ-1 по-прежнему разделяются на класс I и класс II. Штаммы ВБН класса 1 в большинстве случаев изолированы от диких водоплавающих и береговых птиц, в основном из проб собранных на открытых птичьих рынках [10]. Представители этого класса согласно более строгим критериям (большие эволюционные дистанции и минимально четыре отдельных сходных изолята формирующих отдельный генотип) составляют единую филогенетическую линию, обозначенную как генотип 1. Дальнейший анализ показал, что внутри генотипа 1 существует три субгруппы 1a, 1b и 1c.

Вирусы класса 2 выделены от большого числа диких и домашних птиц, преобладающая их часть характеризуется высокой вирулентностью и они являются причиной громадного экономического урона, наносимого птицеводству [11]. Вирусы этой группы отличаются значительной дивергентностью, филогенетический анализ выявил наличие в ее составе десяти ранее описанных генотипов и 5 новых (X, XII, XIII, XIV и XV). ПМВ-1 генотипов I, II, III, IV и IX считаются «ранними», так как они идентифицированы в период с 1930 до 1960 гг. Генотип II составляют, в основном, вирусы низкой патогенности, которые более 40 лет использовались для приготовления вакцин [14, 10].

Генотип IX включал первый вирулентный штамм ВБН, выделенный в 1948 г. в Китае, вирусы этого генотипа до сих пор циркулируют в Азии, вызывая спорадические вспышки среди кур и домашних гусей [15]. Генотипы V, VI, VII, VIII и XI появились после 1960 гг. и считаются «поздними», при этом в группы: V, VI, VII и VIII входят только вирулентные вирусы, которые в настоящее время являются доминантными ПМВ-1 во всем мире [14, 11]. Варианты ВБН V генотипа возникли в 1970 гг. и наиболее часто выделяются в Центральной и Южной Америке от домашних птиц, а также в Северной Америке от бакланов; в последней классификации они ввиду своего выраженного разнообразия разделяются, по крайней мере, на два субгенотипа – Va и Vb [16].

Шестой генотип представлен многочисленными изолятами от птиц многих видов, которые особенно актуальны в связи с частой ассоциацией с голубями и постоянным риском внедрения в популяции домашних птиц [17].

Генотип VII до сегодняшнего дня наиболее часто вызывает вспышки БН в Азии и на Ближнем Востоке [10]. Возбудители этой разновидности вызывают серьезные опасения, так как некоторые штаммы обладают повышенной вирулентностью в отношении домашних птиц, в то время как другие характеризуются широким кругом хозяев и способностью инфицировать гусей [18]. Помимо этого, вспышки БН в 2012 г. в Южной Америке на территории Венесуэлы также связываются с ПМВ-1 этого генотипа, что указывает на то, они могут получить распространение и в других географических регионах [19].

Генотипы X, XII, XIII, XIV и XV составляют ПМВ-1 с различными эпизоотологическими свойствами и географическим происхождением. Новый генотип X согласно требованиям последней таксономии представлен низковирулентными вирусами входившими до этого в генотип Па (Kim et al, 2007), и изолированными от водоплавающих и береговых птиц в Северной Америке в конце 1980 гг. – начале 2000 гг.

Генотип XII является новой группой, содержащей вирулентные ВБН, выделенные недавно от кур в Южной Америке и от домашних гусей в Китае [12].

В генотип XIII, классифицировавшийся ранее как генотип VII [20], входят вирулентные ПМВ-1, изолированные в России, Иране и Пакистане между 1995 и 2008 гг.

Генотип XIV, по ранней классификации принадлежавший к линии 7 [7], также содержит вирулентные вирусы, выделенные в Центральной и Западной Африке в период 2006–2008 гг.

Генотип XIV (в прошлом субгенотипы VIId и VIIe) представлен ПМВ-1 изолированными от цыплят и гусей в Китае.

В РФ в дельте р. Волги в 2001 г. Е. Усачевым с сотр. (2003) из 336 клоакальных смывов от диких птиц, относящихся к 31 виду, выделено 27 штаммов ВБН. У четырех изолятов ПМВ-1 определены последовательности нуклеотидов части гена F-белка (длиной 374 н.), всего гена F (1700 н.) и

полного генома (ID GenBank AY865652). Авторами показано, что согласно первой классификации разработанной Aldous et al. (2003) все изученные изоляты ВБН отосились к генотипу 5b.

Имеются единичные сообщения об эволюционных взаимоотношениях различных штаммов ВБН, выделенных в Средней Азии [21, 5, 9, 10]. Авторами в период с 1998 по 2005 гг. выделено 28 изолятов ВБН на территории Казахстана (в Коньире, Талдыкоргане, Акмолинской области), а также в регионе Бишкека в Киргизии. Сравнительный филогенетический анализ участка гена белка F (47-421) среднеазиатских штаммов ПМВ-1 с аналогичными последовательностями вирусов из международной базы данных Genbank показал, что 14 вновь охарактеризованных ПМВ-1 1998-2001 гг. циркуляции принадлежали к генотипу VIIb, в то время как остальные 14 относились к генотипу VIId [5]. При этом все изоляты ВБН несли вирулентный сайт расщепления белка F (R-R-Q-R/K-R-F) и характеризовались интрацеребральным индексом патогенности на однодневных цыплятах равным 1.05 – 1.87. Оба этих свойства указывают на их мезогенный и велогенный патотип. Полученные данные свидетельствуют о неблагоприятной обстановке по данному заболеванию в Казахстане среди домашних птиц как промышленного, так и приусадебного содержания.

С середины 2000-х гг. исследования по генетической вариативности современных штаммов ПМВ-1 в Казахстане не проводились. Данный проект позволит выявить особенности циркуляции изменившихся с течением эволюции вариантов ВБН, циркулирующих в уникальном регионе Центральной Азии, где пересекаются многие трансконтинентальные пути миграции диких птиц – основных переносчиков возбудителей заболевания.

Ветеринарная наука добилась существенных успехов в снижении заболеваемости птиц этой инфекцией, тем не менее, она продолжает оставаться актуальной проблемой птицеводства республики, обуславливающей необходимость постоянного контроля и систематического наблюдения за эпизоотической ситуацией на птицефабриках страны и в дикой орнитофауне.

Таким образом, анализ состояния проблемы ВБН-инфекций определяет широкий круг как общетеоретических, так и прикладных задач. Неясными остаются вопросы взаимосвязи антигенных характеристик и вирулентности штаммов ВБН, их биологических свойств и способности к преодолению популяционного иммунитета. В практическом плане, контроль над эпизоотической ситуацией в Казахстане требует детального изучения генотипического состава и определения превалирующих вариантов ПМВ-1 циркулирующих как среди домашних, так и диких птиц. Проведение такого мониторинга позволит существенно повысить эффективность профилактических и карантинных мероприятий в птицеводстве РК.

ЛИТЕРАТУРА

- 1 Alexander D.J., Avian Paramyxoviruses // Vet. Bull. – 1980. – Vol. 50. – P. 737-752.
- 2 Briand F.X., Henry A., Massin P., Jestin V. Complete Genome Sequence of a Novel Avian Paramyxovirus // Virol. J. – July 2012. – Vol. 86, N 14. – P. 7710.
- 3 Alexander D.J. Newcastle disease and other avian Paramyxoviruses // Rev. sci. tech. off int. Epiz. – 2000. – Vol. 19(2). – P. 443-462.
- 4 King D.J., Seal B.S. Biological and molecular characterization of Newcastle disease virus isolates from surveillance of live bird markets in the United States // Avian Dis. – 1997. – Vol. 43. – P. 683-689.
- 5 Bogoyavlenskiy A.P., Beresin V.E., Prilipov A.G. et al. Newcastle disease outbreaks in Kazakhstan and Kyrgyzstan during 1998, 2000, 2001, 2003, 2004 and 2005 were caused by viruses of the genotypes VII и VIIId // Virus Genes. – 2009. – Vol. 39, N 1. – P. 94-101.
- 6 Miller P.J., Decanini E.L., Afonso C.L. Newcastle disease: Evolution of genotypes and the related diagnostic challenges Infect // Gen. Evol. – 2010. – 10(1). – P. 26-35.
- 7 Cattoli G., Fusaro A., Monne I. et al. Emergence of a new genetic lineage of Newcastle disease virus in West and Central Africa implications for diagnosis and control // Vet. Microbiol. – 2010. – Vol. 142 (3-4). – P. 168-176.
- 8 Aldous E.W., Mynn J.K., Banks J., Alexander D.J. A molecular epidemiological study of avian paramyxovirus type 1 (Newcastle disease virus) isolates by phylogenetic analysis of a partial nucleotide sequence of the fusion protein gene // Avian Pathology. – 2013. – Vol. 32(3). – P. 239-257.
- 9 Коротецкий И.С., Богоявленский А.П., Прилипов А.Г. и др. Молекулярно-генетическая характеристика велогенных изолятов вируса болезни Ньюкасла, выделенных на территории Российской Федерации, Украины, Казахстана и Киргизии // Вопросы вирусологии. – 2010. – № 4. – С. 25-29.
- 10 Bogoyavlenskiy A., Beresin V., Prilipov A.G. et al. Characterization of Pigeon Paramyxoviruses (Newcastle disease virus) Isolated in Kazakhstan in 2005 // Virologica Sinica. – 2012. – Vol. 27(2). – P. 93-99.
- 11 Miller P. J., Decanini E.L., Afonso C.L. Newcastle disease: Evolution of genotypes and the related diagnostic challenges Infect // Gen. Evol. – 2010. – Vol. 10(1). – P. 26-35.

- 12 Miller P.J., Estevez C., Yu et al. Comparison of viral shedding following vaccination with inactivated and live Newcastle disease vaccines formulated with wild-type and recombinant viruses // *Avian Dis.* – 2009. – Vol. 53(1). – P. 3949.
- 13 Diel D.G., Susta L., Cardenas Garcia S. et al. Complete genome and clinicopathological characterization of a virulent Newcastle disease virus isolate from South America // *J. Clin. Microbiol.* – 2012. – Vol. 50(2). – P. 378-387.
- 14 Czeglédi A., Ujvari D., Somogyi E. et al. Third genome size category of avian paramyxovirus serotype 1 (Newcastle disease virus) and evolutionary implications // *Virus Res.* – 2006. – Vol. 120(1-2). – P. 36-48.
- 15 Qiu X., Sun Q., Dong L. et al. Entire genome sequence analysis of genotype IX Newcastle disease viruses reveals their early-genotype phylogenetic position and recent-genotype genome size // *Viro. J.* – Vol. 8. – P. 117.
- 16 Diel D.G., Miller P.J., Wolf P.C. et al. Characterization of Newcastle disease viruses isolated from cormorant and gull species in the United States in 2010 // *Avian Dis.* – 2011. – Vol. 56. – P. 128-133.
- 17 Alexander D.J. Newcastle disease in the European Union 2000 to 2009 // *Avian. Pathol.* – 2011. – Vol. 40(6). – P. 547-558.
- 18 Huang Y., Wan H.Q., Liu H.Q. et al. Genomic sequence of an isolate of Newcastle disease virus isolated from an outbreak in geese a novel six nucleotide insertion in the non-coding region of the nucleoprotein gene. Brief Report // *Arch. Virol.* – 2004. – 149(7). – P. 1445-1457.
- 19 Perozo F., Marcano R., Afonso C.L. Biological and phylogenetic characterization of a genotype VII Newcastle disease virus from Venezuela: efficacy of field vaccination // *J. Clin. Microbiol.* <http://dx.doi.org/10.1128/JCM.06506-11>. – 2012.
- 20 Khan T.A., Rue C.A., Rehmani S.F. et al. Phylogenetic and biological characterization of Newcastle disease virus isolates from Pakistan // *J. Clin. Microbiol.* – 2010. – Vol. 48(5). – P. 1892-1894.
- 21 Bogoyavlenskij A.P., Beresin V.E., Prilipov A.G. et al. Molecular Characterization of Virulent Newcastle Disease Virus Isolates from Chickens during the 1998 NDV Outbreak in Kazakhstan // *Virus Genes.* – 2000. – Vol. 31, N 1. – P. 13-20.

REFERENCES

- 1 Alexander D.J., Avian Paramyxoviruses *Vet. Bull.* **1980**, 50, 737-752.
- 2 Briand F.X., Henry A., Massin P., Jestin V. Complete Geonome Sequence Sequence of a Novel Avian Paramyxovirus *Virol. J.*, July 2012, N14, 86, 7710.
- 3 Alexander D.J. Newcastle disease and other avian Paramyxoviruses, *Rev. sci. tech. off int. Epiz.*, **2000**, 19(2), 443-462.
- 4 King D.J., Seal B.S. Biological and molecular characterization of Newcastle disease virus isolates from surveillance of live bird markets in the United states, *Avian Dis.*, **1997**, 43, 683-689.
- 5 Vogoyavlenskij A.P., Beresin V.E., Prilipov A.G. et al. Newcastle disease outbreaks in Kazakhstan and Kyrgyzstan during 1998, 2000, 2001, 2003, 2004 and 2005 were caused by viruses of the genotypes YII i and YIId, *Virus Genes*, **2009**, 39, N 1, 94-101.
- 6 Miller P.J., Decanini E.L., Afonso C.L. Newcastle disease: Evolution of genotypes and the related diagnostic challenges *Infect. Gen. Evol.*, **2010**, 10 (1), 26-35.
- 7 Cattoli G., Fusaro A., Monne I. et al. Emergens of a new genetic lineage of Newcastle disease virus in West and Central Africa implications for diagnosis and control, *Vet. Microbiol.*, **2010**, 142 (3-4), 168-176.
- 8 Aldous E.W., Mynn J.K., Banks J., Alexander D.J. A molecular epidemiological study of avian paramyxovirus type 1 (Newcastle disease virus) isolates by phylogenetic analysis of a partial nucleotide sequence of the fusion protein gene, *Avian Pathology*, 2013, 32(3), 239-257.
- 9 Korotckij I.S., Bogoyavlenskij A.P., Prilipov A.G. i dr. Molekuljarno-geneticheskaja harakteristika velogennyh izoljatov virusa bolezni N'jukasla, vydelennyh na territorii Rossijskoj Federacii, Ukrainy, Kazahstana i Kirgizii, *Voprosy virusologii*, **2010**, №4, 25-29.
- 10 Bogoyavlenskij A., Beresin V., Prilipov A.G. et al. Characterization of Pigeon Paramyxoviruses (Newcastle disease virus) Isolated in Kazakhstan in 2005, *Virologica Sinica*, **2012**, 27(2), 93-99.
- 11 Miller P. J., Decanini E.L., Afonso C.L. Newcastle disease: Evolution of genotypes and the related diagnostic challenges *Infect. Gen. Evol.*, **2010**, 10(1), 26-35.
- 12 Miller P.J., Estevez C., Yu et al. Comparison of viral shedding following vaccination with inactivated and live Newcastle disease vaccines formulated with wild-type and recombinant viruses, *Avian Dis.*, **2009**, 53(1), 3949.
- 13 Diel D.G., Susta L., Cardenas Garcia S. et al. Complete genome and clinicopathological characterization of a virulent Newcastle disease virus isolate from South America, *J. Clin. Microbiol.*, **2012**, 50(2), 378-387.
- 14 Czeglédi A., Ujvari D., Somogyi E. et al. Third genome size category of avian paramyxovirus serotype 1 (Newcastle disease virus) and evolutionary implications, *Virus Res.*, **2006**, 120(1-2), 36-48.
- 15 Qiu X., Sun Q., Dong L. et al. Entire genome sequence analysis of genotype IX Newcastle disease viruses reveals their early-genotype phylogenetic position and recent-genotype genome size, *Virol. J.*, 8, 117.
- 16 Diel D.G., Miller P.J., Wolf P.C. et al. Characterization of Newcastle disease viruses isolated from cormorant and gull species in the United States in 2010, *Avian Dis.*, **2011**, 56, 128-133.
- 17 Alexander D.J. Newcastle disease in the European Union 2000 to 2009, *Avian. Pathol.*, **2011**, 40(6), 547-558.
- 18 Huang Y., Wan H.Q., Liu H.Q. et al. Genomic sequence of an isolate of Newcastle disease virus isolated from an outbreak in geese a novel six nucleotide insertion in the non-coding region of the nucleoprotein gene. Brief Report, *Arch. Virol.*, **2004**, 149(7), 1445-1457.
- 19 Perozo F., Marcano R., Afonso C.L. Biological and phylogenetic characterization of a genotype VII Newcastle disease virus from Venezuela: efficacy of field vaccination, *J. Clin. Microbiol.* <http://dx.doi.org/10.1128/JCM.06506-11>, **2012**.
- 20 Khan T.A., Rue C.A., Rehmani S.F. et al. Phylogenetic and biological characterization of Newcastle disease virus isolates from Pakistan, *J. Clin. Microbiol.*, **2010**, 48(5), 1892-1894.
- 21 Bogoyavlenskij A.P., Beresin V.E., Prilipov A.G. et al. Molecular Characterization of Virulent Newcastle Disease Virus Isolates from Chickens during the 1998 NDV Outbreak in Kazakhstan, *Virus Genes.*, **2000**, 31, N 1, 13-20.

Резюме

Қ. Х. Жұматов, М. Қ. Саятов, К. Ө. Қарамендин

(ҚР ҒК БЖҒМ РМК «Микробиология және вирусология институты», Алматы, Қазақстан)

ЖАБАЙЫ ЖӘНЕ ҮЙ ҚҰСТАРЫНЫҢ НЬЮКАСЛ АУРУЫ ВИРУСЫНЫҢ ГЕНОТИПТЕРІ

Бұл шолымдық мақалада үй және жабайы орнитофаунаның кең таралған және қауіпті патогендерінің біріне жататын Ньюкасл ауруы вирусының (НАВ) серотүрі 1 құс парамиксовирусын (ПМВ-1) бөліп алу, ажыратып балау мен филогенетикалық талдау жұмыстарының нәтижелері жинақталған. НАВ құрылымы, бейім қожайындарының спектрі мен таралуының соңғы мәліметтері келтірілген. Осы қоздырушының белгілі генотиптерін 2 класқа, соңынан үш субтопқа және сәйкесінше 15 генотипке бөлінетін заманауи топтамасы сипатталады. НАВ эпизоотологиялық сипаты мен вирустың дараланған генотиптерінің ерекшеліктері келтіріледі. Мақаланың қорытындысында Қазақстан Республикасының құс шаруашылықтарындағы алдын алу және карантиндік шаралардың тиімділігін жоғарылатуға мүмкіндік беретін, үй және жабайы құстар популяциясындағы осы аса қауіпті вирустық инфекцияның қоздырушысына мониторинг жүргізудің маңыздылығына тұжырым жасалады.

Тірек сөздер: парамиксовирус, қоздырғыш, Ньюкасл ауруының вирусы, генотип.

Summary

K. Kh. Zhumatov, M. Kh. Sayatov, K. O. Karamendin

(RSE «Institute of microbiology and virology» CS MES RK, Almaty, Kazakhstan)

GENOTYPES OF NEWCASTLE DISEASE VIRUS OF WILD AND DOMESTIC BIRDS

Review article summarizes the results of research on the isolation, identification and phylogenetic analysis of avian serotype 1 paramyxovirus (PMV-1), which is one of the most common and dangerous pathogens of wild and domestic avifauna – Newcastle disease virus (NDV). The last data on the structure, dissemination and range of NDV susceptible hosts is presented, the current classification of this agent is described, which allows to divide all known genotypes into class 1 and class 2 with further division into three subgroups and 15 genotypes, respectively. The epizootological characteristics and features of viruses of different genotypes of NDV are given. Finally in the article the conclusion about the importance of monitoring the agent of this particularly dangerous viral infection in populations of wild and domestic birds is made, this will significantly increase the effectiveness of prevention and quarantine measures in poultry farms of the Republic of Kazakhstan.

Keywords: paramyxovirus, the causative agent, Newcastle disease virus, genotype.

Поступила 11.05.2014 г.