DOI: 10.48612/sbornik-2026-1-32
УДК 619:578.834.11:636.52/.58:578.5(470)

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ИЗОЛЯТОВ ВИРУСА ИНФЕКЦИОННОГО БРОНХИТА КУР, ВЫЯВЛЕННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ РФ В 2025-2026 ГОДАХ

Щербакова Лидия Олеговна[1], канд. биол. наук
Грехнёва Алёна Дмитриевна[1], аспирант
Блинова Альбина Андреевна[2]
Овчинникова Евгения Валерьевна[1], канд. биол. наук
Никонова Зоя Борисовна[1], канд. биол. наук
Козлов Антон Александрович[1], канд. биол. наук
Андриясов Артем Валерьевич[1], канд. биол. наук
Андрейчук Дмитрий Борисович[1], канд. биол. наук
[1]*ФГБУ «Федеральный центр охраны здоровья животных», г. Владимир, Российская Федерация*
[2]*ФГБОУ ВО «Ивановский государственный университет», г. Иваново, Российская Федерация*

В результате исследования 344 проб биологического материала, отобранного от кур из птицефабрик России, было выявлено 22 изолята вируса инфекционного бронхита кур. Филогенетический анализ показал, что все выявленные изоляты вируса, кроме одного, относятся к генетическим линиям GI-1, GI-13, GI-19 и GI-23. Один изолят является вариантным, т.е. не относится ни к одной из ранее выявленных генетических линий.

Ключевые слова: вирус инфекционного бронхита кур; генетический анализ

GENETIC ANALYSIS OF CHICKEN INFECTIOUS BRONCHITIS VIRUS ISOLATES DETECTED IN THE RUSSIAN FEDERATION IN 2025-2026

Shcherbakova Lidiya Olegovna[1], PhD Biol. Sci.
Grekhneva Alena Dmitrievna[1], PhD student
Blinova Albina Andreevna[2]
Ovchinnikova Evgeniya Valerevna[1], PhD Biol. Sci.
Nikonova Zoya Borisovna[1], PhD Biol. Sci.
Kozlov Anton Aleksandrovich[1], PhD Biol. Sci.
Andriyasov Artem Valerevich[1], PhD Biol. Sci.
Andreychuk Dmitry Borisovich[1], PhD Biol. Sci.
[1]*Federal Centre for Animal Health, Vladimir, Russian Federation*
[2]*Ivanovo State University, Ivanovo, Russian Federation*

As a result of testing 344 biological samples collected from Russian poultry farms, 22 isolates of infectious bronchitis virus were detected. Phylogenetic analysis revealed that all detected virus isolates, except one, belong to genetic lineages GI-1, GI-13, GI-19 and GI-23. One isolate is classified as variant, i.e., it does not belong to any of the previously identified genetic lineages.

Keywords: infectious bronchitis virus in chicken; genetic analysis

Вирус инфекционного бронхита кур (ИБК) распространен повсеместно и встречается во всех странах с развитым птицеводством. Вирус ИБК относится к отряду *Nidovirales*, семейству *Coronaviridae*, подсемейству *Coronavirinae*, роду *Gammacoronavirus*. Геном представлен одноцепочечной (+)РНК.

Вирус ИБК обладает вариабельным тканевым тропизмом в зависимости от штамма, он может поражать дыхательные, репродуктивные или мочевыводящие пути, а также другие органы и ткани. Патогенность вируса ИБК также варьирует: некоторые штаммы вызывают лишь легкие клинические симптомы, в то время как заражение другими приводит к высокой смертности среди кур.

Разработка и широкое применение эффективных вакцин против ИБК как для бройлеров (живые аттенуированные), так и для племенных птиц и несушек (живые аттенуированные и инактивированные) способствовали улучшению здоровья и благополучия птицы, но никогда не устраняли проблему заболевания полностью. Основная причина заключается в постоянном появлении новых вариантов (серотипов или генотипов) вируса ИБК.

Непрерывное появление точечных мутаций, инсерций, делеций, а также рекомбинаций в случае одновременного размножения в одном хозяине генетически отличающихся изолятов приводит к возникновению новых вариантов вируса.

В данной статье рассматривается генетическое разнообразие изолятов вируса ИБК, выявленных в России в 2025 г. и начале 2026 г.

Методика исследований. Пробы биологического материала от птиц были исследованы с помощью обратной транскрипции – полимеразной цепной реакции (ОТ-ПЦР) и ОТ-ПЦР в режиме реального времени в соответствии с методическими указаниями [1, 2].

Для генотипирования вируса ИБК использовали сравнительный анализ фрагмента гена S1 длиной примерно 500 н.о. (позиция 112-653 н.о. на гене S относительно штамма H120). Для анализа использовали нуклеотидные последовательности прототипных штаммов, предложенных Valastro и соавт. [10].

Определение нуклеотидной последовательности осуществляли по методу Сэнгера с использованием флуоресцентно-меченых терминирующих нуклеотидов на автоматическом секвенаторе ABI Prism 3130 (Applied Biosystems, США) согласно инструкции изготовителя. Полученные нуклеотидные последовательности сравнивали с последовательностями штаммов вируса ИБК, опубликованными в международной базе данных NCBI (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/) с помощью программы BioEdit, версия 7.0.5.3.

Результаты исследований и их обсуждение. За 2025 г. и первый квартал 2026 г. методом ОТ-ПЦР в режиме реального времени было исследовано 344 пробы биологического материала от птиц из птицеводческих хозяйств различных регионов России. Положительный результат был получен в 53% проб как от вакцинированной, так и от невакцинированной птицы. В некоторых случаях информация о вакцинации отсутствовала. Геном вируса ИБК выявляли во внутренних органах и фекалиях кур.

Сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей фрагмента гена S1 показал, что большинство положительных проб были идентифицированы как вакцинные штаммы вируса ИБК (4-91, D274, H-120). Кроме вакцинных штаммов были выявлены изоляты вируса ИБК, относящиеся к разным генетическим линиям (рисунок). Для анализа нуклеотидных последовательностей были использованы референтные штаммы, опубликованные Valastro и соавт. [10], которые предложили единую систему классификации для вируса ИБК на основе филогенетического анализа гена S1. Данная система классификации включает 6 генотипов (GI-GVI) и 32 генетических линии вируса ИБК.

Филогенетический анализ изолятов вируса ИБК, выявленных в 2025-2026 гг., показал, что все они, за исключением одного, относятся к 4 генетическим линиям генотипа GI: GI-1 (Масс), GI-13 (793B), GI-19 (QX), GI-23 (Variant-2). Один изолят имел более 20 % отличий по нуклеотидному составу фрагмента гена S1 от всех известных референтных штаммов и был отнесен к вариантным, т.е. не относящимся ни к одному из известных генотипов.

Было показано, что среди выявленных в России в указанный период изолятов вируса ИБК доминируют две основные генетические линии. В первую генетическую линию GI-13 (793B) входят 10 изолятов, вторая генетическая линия GI-19 (QX) включает 8 изолятов вируса ИБК. Изоляты вируса ИБК данных генетических линий выявляют в птицеводческих хозяйствах РФ уже более 20 лет.

Вирус генетической линии GI-13 (793B) впервые был идентифицирован во Франции в 1985 г. и впоследствии выявлен в Великобритании в 1990 г., этот генотип распространился по многим странам и стал одним из наиболее распространенных типов вируса в Европе, странах Ближнего Востока и Азии.

Существуют данные, подтверждающие гипотезу о том, что использование живой ослабленной вакцины может влиять на генетическую популяционную структуру вируса инфекционного бронхита кур [8]. Длительное применение вакцинных штаммов генетической линии GI-13 (793B) вполне вероятно мо-

жет объяснять появление в популяции птиц дериватов вакцинного вируса с накапливающимися точечными мутациями (рисунок).

Изоляты вируса ИБК генетической линии G1-19 (QX) выявляют во всех регионах РФ, где они постепенно вытесняют изоляты других генетических линий [3]. Впервые вирус GI-19, так называемый штамм QXIBV, был обнаружен в Китае в 1996 г. у кур с почечной патологией [7]. В настоящее время вирус G1-19 (QX) широко распространен в Европе, Ближнем Востоке, Юго-Восточной Азии и Африке [4].

В 2026 г. выявлено 2 изолята генетической линии G1-1. Один изолят вируса IBV02-26 выявлен в пробе внутренних органов курицы, а второй изолят IBV03-26 обнаружен во внутренних органах сойки, найденной на территории этой же птицефабрики. Оба изолята имеют 100% гомологии нуклеотидной последовательности фрагмента гена S1.

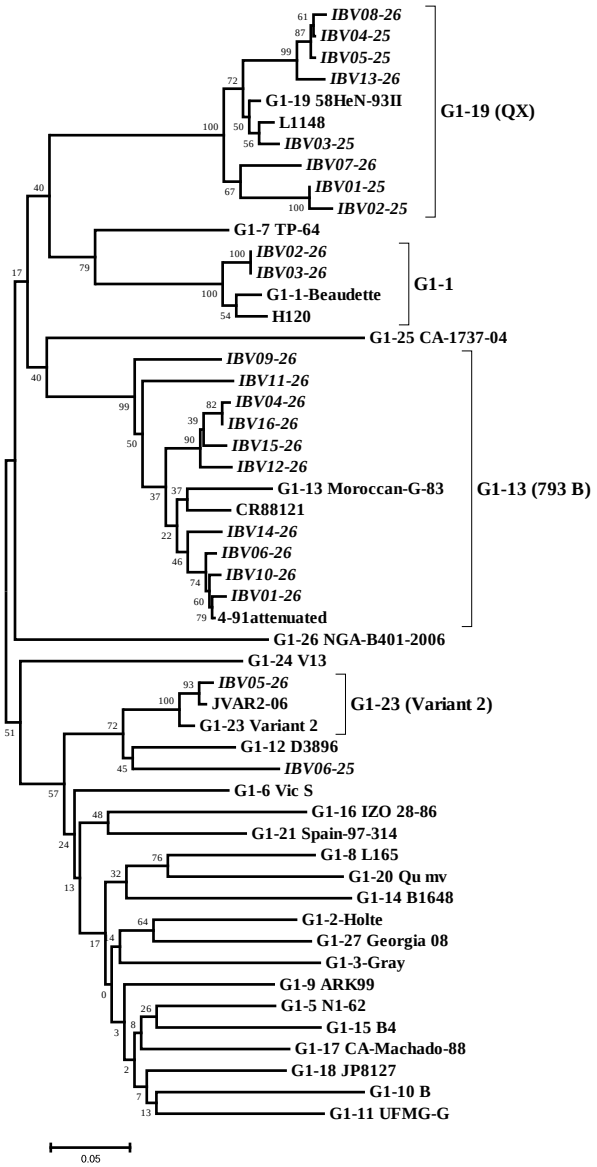

Рисунок 1 – Филогенетические связи изолятов и референтных штаммов вируса ИБК на основе сравнительного анализа нуклеотидной последовательности фрагмента гена S1.

Изоляты вируса ИБК обозначены курсивом

```
                         10        20        30        40        50        60        70        80        90
                 ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
4-91attenuated   TAAGGTTTTTAATGGAACCAACAATGCAGTCAGTGTATCTGATTGCACTGCTGGTACTTTTTATGAAAGCTATAATATTTCTGCTGCTTC
IBV01-26         ..............A.............G..........G.............................................
IBV10-26         ..C...........A.............G....C......G.............................................
IBV06-26         .............A..............G.....C....AG............................................
IBV14-26         C.C..C.......AA.............G.....C....ACG.......T.....T.A....C......C.....T.............

                        100       110       120       130       140       150       160       170       180
                 ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
4-91attenuated   TGTAGCCATGACAGTACCACCTGCTGGTATGTCTTGGTCAGTTGCACAGTTTTGTACAGCTCATTGTAACTTCTCAGACTTTACAGTGTT
IBV01-26         ...........................................T...........................................
IBV10-26         ..............................................................................
IBV06-26         ....................A.........................................................
IBV14-26         .............C........................TC.T...........................................

                        190       200       210       220       230       240       250       260       270
                 ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
4-91attenuated   TGTTACGCATTGTTTTAAAAGTCAACAAGGTAGTTGTCCATTGACAGGTATGATTCCTCAGAATCATATTCGTATTTCTGCTATGAGATC
IBV01-26         ...........................................A.............C..........................
IBV10-26         ....................A.........................................................T
IBV06-26         ................T.............................................................C.
IBV14-26         ..................C.A.........................................................C..

                        280       290       300       310       320       330       340
                 ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....
4-91attenuated   TGGATTTTTGTTTTATAATTTAACAGTTAGCGTATCTAAATACCCTAAATTTAAATCGCTTCAATGTGTTGGCAATTCT
IBV01-26         ......................................................................
IBV10-26         ....C...............C.................................................
IBV06-26         .....C................................................................
IBV14-26         .A...C...............................G.....................................
```

Рисунок 2 – Выравнивание нуклеотидных последовательностей фрагмента гена S1 изолятов вируса ИБК и вакцинного штамма 4-91

В 2026 г. выявлен изолят IBV05-26 генетической линии GI-23 (Variant-2). Впервые изоляты данной генетической линии были выявлены на птицефабриках РФ в 2015 г. [3]. Линия GI-23 представляет собой кластер уникального типа, географически ограниченный странами Среднего Востока. Штаммы, принадлежащие к этой линии, были обнаружены в 1998 г. в Израиле и продолжают циркулировать в этом регионе [5, 9]. Некоторые из них стали доминирующими в большинстве ферм, вызывая респираторную и почечную патологии [6].

О генетическом разнообразии циркулирующих в РФ изолятов вируса ИБК свидетельствует также выявление вариантного изолята вируса ИБК IBV06-25, отличающегося по структуре гена S1 от всех известных генетических линий. Вариантные изоляты вируса ИБК обладают способностью инфицировать птиц, несмотря на вакцинацию.

Выводы. В результате филогенетического анализа установлено, что в период с начала 2025 г. по конец 1 квартала 2026 г. на территории РФ были выявлены изоляты вируса ИБК, относящиеся к 4 генетическим линиям: GI-1 (Масс), GI-13 (793B), GI-19 (QX), GI-23 (Variant-2). Кроме того, был выявлен вариантный изолят вируса ИБК, не относящийся ни к одной из известных генетических линий.

Несмотря на то, что вакцинация является эффективной профилактической мерой против ИБК, появление новых штаммов создает проблемы в птицеводческих хозяйствах. Постоянное наблюдение и анализ генетического разнообразия циркулирующих изолятов вируса ИБК необходимы для успешного контроля заболевания. Полученные данные могут служить основанием для пересмотра стратегий вакцинации и спектра применяемых вакцинных штаммов вируса.

Список литературы

1. Бочков Ю. А. Индикация генома вируса инфекционного бронхита кур с помощью полимеразной цепной реакции / Ю. А. Бочков, В. В. Дрыгин, А. В. Борисов [и др.] // Современные аспекты ветеринарной патологии животных : доклады конференции. – Владимир, 1998. – С. 173–183.

2. Методические указания по выявлению генома вируса инфекционного бронхита кур с использованием полимеразной цепной реакции в режиме реального времени / Е. В. Овчинникова, Л. О. Щербакова, А. В. Андриясов [и др.]. – Владимир : ФГУ «ВНИИЗЖ», 2010. – 10 с.

3. Щербакова Л. О. Генетическая характеристика изолятов вируса инфекционного бронхита кур, выявленных на территории

стран СНГ в 2015-2017 гг. / Л. О. Щербакова, С. Н. Колосов, З. Б. Никонова [и др.] // Ветеринария сегодня. – 2018. – № 3. – С. 30–39.

4. Detection of different genotypes of infectious bronchitis virus and of infectious bursal disease virus in European broilers during an epidemiological study in 2013 and the consequences for the diagnostic approach / J. J. de Wit, C. Cazaban, R. Dijkman [et al.] // Avian Pathol. – 2018. – Vol. 47. – № 2. – P. 140–151.

5. Ganapathy K. Genotypes of infectious bronchitis viruses circulating in the Middle East between 2009 and 2014 / K. Ganapathy, C. Ball, A. Forrester // Virus Res. – 2015. – Vol. 210. – P. 198–204.

6. Identification of a novel nephropathogenic infectious bronchitis virus in Israel / R. Meir, E. Rosenblut, S. Perl [et al.] // Avian Dis. – 2004. – Vol. 48. – № 3. – P. 635–641.

7. Infectious bronchitis virus: S1 gene characteristics of vaccines used in China and efficacy of vaccination against heterologous strains from China / S. Liu, J. Chen, Z. Han [et al.] // Avian Pathol. – 2006. – Vol. 35. – № 5. – P. 394–399.

8. Jackwood M. W. Different evolutionary trajectories of vaccine-controlled and non-controlled avian infectious bronchitis viruses in commercial poultry / M. W. Jackwood, D.-H. Lee // PLoS One. – 2017. – Vol. 12 (5). – P. 1–9.

9. Molecular characterization of infectious bronchitis viruses isolated from broiler chicken farms in Iran, 2014-2015 / H. Najafi, A. G. Langeroudi, M. Hashemzadeh [et al.] // Arch.Virol. – 2016. – Vol. 161. – P. 53–62.

10. S1 gene-based phylogeny of infectious bronchitis virus: An attempt to harmonize virus classification / V. Valastro, E. C. Holmes, P. Britton [et al.] // Infect. Genet. Evol. – 2016. – Vol. 39. – P. 349–364.