

ISSN 2518-1467 (Online),  
ISSN 1991-3494 (Print)

ҚАЗАҚСТАН РЕСПУБЛИКАСЫ  
ҰЛТТЫҚ ҒЫЛЫМ АКАДЕМИЯСЫНЫҢ

# Х А Б А Р Ш Ы С Ы

---

---

## ВЕСТНИК

НАЦИОНАЛЬНОЙ АКАДЕМИИ НАУК  
РЕСПУБЛИКИ КАЗАХСТАН

## THE BULLETIN

OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES  
OF THE REPUBLIC OF KAZAKHSTAN

1944 ЖЫЛДАН ШЫҒА БАСТАҒАН  
ИЗДАЕТСЯ С 1944 ГОДА  
PUBLISHED SINCE 1944

4

---

АЛМАТЫ  
АЛМАТЫ  
ALMATY

2018

JULY  
ИЮЛЬ  
ШІЛДЕ

---

---

*NAS RK is pleased to announce that Bulletin of NAS RK scientific journal has been accepted for indexing in the Emerging Sources Citation Index, a new edition of Web of Science. Content in this index is under consideration by Clarivate Analytics to be accepted in the Science Citation Index Expanded, the Social Sciences Citation Index, and the Arts & Humanities Citation Index. The quality and depth of content Web of Science offers to researchers, authors, publishers, and institutions sets it apart from other research databases. The inclusion of Bulletin of NAS RK in the Emerging Sources Citation Index demonstrates our dedication to providing the most relevant and influential multidiscipline content to our community.*

*Қазақстан Республикасы Ұлттық ғылым академиясы "ҚР ҰҒА Хабаршысы" ғылыми журналының Web of Science-тің жаңаланған нұсқасы Emerging Sources Citation Index-те индекстелуге қабылданғанын хабарлайды. Бұл индекстелу барысында Clarivate Analytics компаниясы журналды одан әрі the Science Citation Index Expanded, the Social Sciences Citation Index және the Arts & Humanities Citation Index-ке қабылдау мәселесін қарастыруда. Web of Science зерттеушілер, авторлар, баспашылар мен мекемелерге контент тереңдігі мен сапасын ұсынады. ҚР ҰҒА Хабаршысының Emerging Sources Citation Index-ке енуі біздің қоғамдастық үшін ең өзекті және беделді мультидисциплинарлы контентке адалдығымызды білдіреді.*

*НАН РК сообщает, что научный журнал «Вестник НАН РК» был принят для индексирования в Emerging Sources Citation Index, обновленной версии Web of Science. Содержание в этом индексировании находится в стадии рассмотрения компанией Clarivate Analytics для дальнейшего принятия журнала в the Science Citation Index Expanded, the Social Sciences Citation Index и the Arts & Humanities Citation Index. Web of Science предлагает качество и глубину контента для исследователей, авторов, издателей и учреждений. Включение Вестника НАН РК в Emerging Sources Citation Index демонстрирует нашу приверженность к наиболее актуальному и влиятельному мультидисциплинарному контенту для нашего сообщества.*

Б а с р е д а к т о р ы

х. ғ. д., проф., ҚР ҰҒА академигі

**М. Ж. Жұрынов**

Р е д а к ц и я а л қ а с ы:

**Абиев Р.Ш.** проф. (Ресей)  
**Абишев М.Е.** проф., корр.-мүшесі (Қазақстан)  
**Аврамов К.В.** проф. (Украина)  
**Аппель Юрген** проф. (Германия)  
**Баймуқанов Д.А.** проф., корр.-мүшесі (Қазақстан)  
**Байпақов К.М.** проф., академик (Қазақстан)  
**Байтулин И.О.** проф., академик (Қазақстан)  
**Банас Иозеф** проф. (Польша)  
**Берсимбаев Р.И.** проф., академик (Қазақстан)  
**Велихов Е.П.** проф., РҒА академигі (Ресей)  
**Гашимзаде Ф.** проф., академик (Әзірбайжан)  
**Гончарук В.В.** проф., академик (Украина)  
**Давлетов А.Е.** проф., корр.-мүшесі (Қазақстан)  
**Джрбашян Р.Т.** проф., академик (Армения)  
**Қалимолдаев М.Н.** проф., академик (Қазақстан), бас ред. орынбасары  
**Лаверов Н.П.** проф., академик РАН (Россия)  
**Лупашку Ф.** проф., корр.-мүшесі (Молдова)  
**Мохд Хасан Селамат** проф. (Малайзия)  
**Мырхалықов Ж.У.** проф., академик (Қазақстан)  
**Новак Изабелла** проф. (Польша)  
**Огарь Н.П.** проф., корр.-мүшесі (Қазақстан)  
**Полещук О.Х.** проф. (Ресей)  
**Поняев А.И.** проф. (Ресей)  
**Сагиян А.С.** проф., академик (Армения)  
**Сатубалдин С.С.** проф., академик (Қазақстан)  
**Таткеева Г.Г.** проф., корр.-мүшесі (Қазақстан)  
**Умбетаев И.** проф., академик (Қазақстан)  
**Хрипунов Г.С.** проф. (Украина)  
**Юлдашбаев Ю.А.** проф., РҒА корр.-мүшесі (Ресей)  
**Якубова М.М.** проф., академик (Тәжікстан)

«Қазақстан Республикасы Ұлттық ғылым академиясының Хабаршысы».

**ISSN 2518-1467 (Online),**

**ISSN 1991-3494 (Print)**

Меншіктенуші: «Қазақстан Республикасының Ұлттық ғылым академиясы»РҚБ (Алматы қ.)

Қазақстан республикасының Мәдениет пен ақпарат министрлігінің Ақпарат және мұрағат комитетінде  
01.06.2006 ж. берілген №5551-Ж мерзімдік басылым тіркеуіне қойылу туралы куәлік

Мерзімділігі: жылына 6 рет.

Тиражы: 2000 дана.

Редакцияның мекенжайы: 050010, Алматы қ., Шевченко көш., 28, 219 бөл., 220, тел.: 272-13-19, 272-13-18,  
www: nauka-nanrk.kz, bulletin-science.kz

---

© Қазақстан Республикасының Ұлттық ғылым академиясы, 2018

Типографияның мекенжайы: «Аруна» ЖК, Алматы қ., Муратбаева көш., 75.

Г л а в н ы й р е д а к т о р  
д. х. н., проф. академик НАН РК  
**М. Ж. Журинов**

Р е д а к ц и о н н а я к о л л е г и я:

**Абиев Р.Ш.** проф. (Россия)  
**Абишев М.Е.** проф., член-корр. (Казахстан)  
**Аврамов К.В.** проф. (Украина)  
**Апель Юрген** проф. (Германия)  
**Баймуканов Д.А.** проф., чл.-корр. (Казахстан)  
**Байпаков К.М.** проф., академик (Казахстан)  
**Байтулин И.О.** проф., академик (Казахстан)  
**Банас Иозеф** проф. (Польша)  
**Берсимбаев Р.И.** проф., академик (Казахстан)  
**Велихов Е.П.** проф., академик РАН (Россия)  
**Гашимзаде Ф.** проф., академик (Азербайджан)  
**Гончарук В.В.** проф., академик (Украина)  
**Давлетов А.Е.** проф., чл.-корр. (Казахстан)  
**Джрбашян Р.Т.** проф., академик (Армения)  
**Калимолдаев М.Н.** академик (Казахстан), зам. гл. ред.  
**Лаверов Н.П.** проф., академик РАН (Россия)  
**Лупашку Ф.** проф., чл.-корр. (Молдова)  
**Моход Хасан Селамат** проф. (Малайзия)  
**Мырхалыков Ж.У.** проф., академик (Казахстан)  
**Новак Изабелла** проф. (Польша)  
**Огарь Н.П.** проф., чл.-корр. (Казахстан)  
**Полещук О.Х.** проф. (Россия)  
**Поняев А.И.** проф. (Россия)  
**Сагиян А.С.** проф., академик (Армения)  
**Сатубалдин С.С.** проф., академик (Казахстан)  
**Таткеева Г.Г.** проф., чл.-корр. (Казахстан)  
**Умбетаев И.** проф., академик (Казахстан)  
**Хрипунов Г.С.** проф. (Украина)  
**Юлдашбаев Ю.А.** проф., член-корр. РАН (Россия)  
**Якубова М.М.** проф., академик (Таджикистан)

«Вестник Национальной академии наук Республики Казахстан».

**ISSN 2518-1467 (Online),**

**ISSN 1991-3494 (Print)**

Собственник: РОО «Национальная академия наук Республики Казахстан» (г. Алматы)

Свидетельство о постановке на учет периодического печатного издания в Комитете информации и архивов Министерства культуры и информации Республики Казахстан №5551-Ж, выданное 01.06.2006 г.

Периодичность: 6 раз в год

Тираж: 2000 экземпляров

Адрес редакции: 050010, г. Алматы, ул. Шевченко, 28, ком. 219, 220, тел. 272-13-19, 272-13-18.

www: nauka-nanrk.kz, bulletin-science.kz

---

© Национальная академия наук Республики Казахстан, 2018

Адрес типографии: ИП «Аруна», г. Алматы, ул. Муратбаева, 75

E d i t o r i n c h i e f

doctor of chemistry, professor, academician of NAS RK

**M. Zh. Zhurinov**

E d i t o r i a l b o a r d :

**Abiyev R.Sh.** prof. (Russia)  
**Abishev M.Ye.** prof., corr. member. (Kazakhstan)  
**Avramov K.V.** prof. (Ukraine)  
**Appel Jurgen,** prof. (Germany)  
**Baimukanov D.A.** prof., corr. member. (Kazakhstan)  
**Baipakov K.M.** prof., academician (Kazakhstan)  
**Baitullin I.O.** prof., academician (Kazakhstan)  
**Joseph Banas,** prof. (Poland)  
**Bersimbayev R.I.** prof., academician (Kazakhstan)  
**Velikhov Ye.P.** prof., academician of RAS (Russia)  
**Gashimzade F.** prof., academician ( Azerbaijan)  
**Goncharuk V.V.** prof., academician (Ukraine)  
**Davletov A.Ye.** prof., corr. member. (Kazakhstan)  
**Dzhrbashian R.T.** prof., academician (Armenia)  
**Kalimoldayev M.N.** prof., academician (Kazakhstan), deputy editor in chief  
**Laverov N.P.** prof., academician of RAS (Russia)  
**Lupashku F.** prof., corr. member. (Moldova)  
**Mohd Hassan Selamat,** prof. (Malaysia)  
**Myrkhalykov Zh.U.** prof., academician (Kazakhstan)  
**Nowak Isabella,** prof. (Poland)  
**Ogar N.P.** prof., corr. member. (Kazakhstan)  
**Poleshchuk O.Kh.** prof. (Russia)  
**Ponyaev A.I.** prof. (Russia)  
**Sagiyani A.S.** prof., academician (Armenia)  
**Satubaldin S.S.** prof., academician (Kazakhstan)  
**Tatkeyeva G.G.** prof., corr. member. (Kazakhstan)  
**Umbetayev I.** prof., academician (Kazakhstan)  
**Khripunov G.S.** prof. (Ukraine)  
**Yuldashbayev Y.A.,** prof. corresponding member of RAS (Russia)  
**Yakubova M.M.** prof., academician (Tadjikistan)

**Bulletin of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan.**

**ISSN 2518-1467 (Online),**

**ISSN 1991-3494 (Print)**

Owner: RPA "National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan" (Almaty)

The certificate of registration of a periodic printed publication in the Committee of Information and Archives of the Ministry of Culture and Information of the Republic of Kazakhstan N 5551-Ж, issued 01.06.2006

Periodicity: 6 times a year

Circulation: 2000 copies

Editorial address: 28, Shevchenko str., of. 219, 220, Almaty, 050010, tel. 272-13-19, 272-13-18,

<http://nauka-nanrk.kz/>, <http://bulletin-science.kz>

---

© National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan, 2018

Address of printing house: ST "Aruna", 75, Muratbayev str, Almaty

BULLETIN OF NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES  
OF THE REPUBLIC OF KAZAKHSTAN

ISSN 1991-3494

Volume 4, Number 374 (2018), 211 – 216

**K. O. Karamendin<sup>1</sup>, A. I. Kydyrmanov<sup>1</sup>, E. T. Kasymbekov<sup>1</sup>,  
K. D. Daulbayeva<sup>1</sup>, M. H. Sayatov<sup>1</sup>, Sasan Fereidouni<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Institute of Microbiology and Virology, Almaty, Kazakhstan,

<sup>2</sup>Conservation Medicine Research Institute of Wildlife Ecology  
University of Veterinary Medicine Vienna, Austria.

E-mails: kobey.karamendin@gmail.com, kydyrmanov@yandex.kz, kasymbek.ermuxan@mail.ru,  
daulbaevak@mail.ru, sayatov37@mail.ru, s.fereidouni@gmail.com.

## APPLICATION OF MASSIVE PARALLEL SEQUENCING FOR THE INVESTIGATION OF WILD BIRDS VIRUSES

**Abstract.** Identification of viral pathogens is of great importance for the diagnostics of infectious diseases in humans and animals. Almost all outbreaks of dangerous infections in the last two decades have been caused by new viruses, most of which originated from a natural reservoir.

Experimental studies on avian paramyxovirus (APMV) of serotype 1 have shown that wild birds can spread and introduce mild or non-pathogenic virus variants into the poultry population, which, after several passages in the organism of susceptible birds, often acquire highly pathogenic properties.

Using the new technology of massive parallel sequencing, information on the genetic structure of wild bird viruses belonging to the *Paramyxoviridae* family was obtained. The high efficiency of the method is shown, which allows simultaneous sequencing of the complete genomes of viruses without prior knowledge of their belonging to any family. The data obtained will allow us to expand our knowledge of the course of the natural evolution of migratory bird viruses.

**Keywords:** Virus, Massive Parallel Sequencing, Wild Birds, Complete Genome of the Virus, RNA, DNA, Bioinformatic Analysis.

УДК 578.832.1:578.4  
МРНТИ 34.25.00

**К. О. Карамендин, А. И. Кыдырманов, Е. Т. Касымбеков,  
К. Д. Даулбаева, М. Х. Саятов, Sasan Fereidouni**

Институт микробиологии и вирусологии, Алматы, Казахстан,  
Conservation Medicine Research Institute of Wildlife Ecology  
Венский Университет Ветеринарной Медицины, Австрия.

## ПРИМЕНЕНИЕ МЕТОДА МАССОВОГО ПАРАЛЛЕЛЬНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ПРИ ИССЛЕДОВАНИИ ВИРУСОВ ДИКИХ ПТИЦ

**Аннотация.** Идентификация вирусных патогенов имеет огромное значение для диагностики инфекционных заболеваний человека и животных. Почти все вспышки опасных инфекций последних двух десятилетий были вызваны новыми вирусами, большинство из которых происходили из природного резервуара.

Экспериментальные исследования на примере парамиксовируса (ПМВ) серотипа 1 показали, что дикие птицы способны распространять и заносить слабо- или непатогенные варианты в популяцию домашних птиц, которые через несколько пассажиров в организме восприимчивых птиц зачастую приобретают высокопатогенные свойства.

С использованием новой технологии массового параллельного секвенирования получены сведения о генетической структуре вирусов диких птиц, принадлежащим семейству парамиксовирусов. Показана высокая эффективность метода, который позволяет одновременно секвенировать полные геномы вирусов без предварительного знания об их принадлежности к какому-либо семейству.

Полученные данные позволят расширить наши знания о ходе естественной эволюции вирусов перелетных птиц.

**Ключевые слова:** вирус, массовое параллельное секвенирование, дикие птицы, полный геном вируса, РНК, ДНК, биоинформационный анализ.

**Введение.** Исследования последних лет подтверждают приоритетную роль диких птиц как природного резервуара и источника генетического материала для возникновения новых эпизоотических вариантов вирусов.

Эколого-эпизоотологическая оценка состояния вирусных популяций у птиц важна для практической ветеринарии при расшифровке вспышек заболеваемости и контроле возникающих чрезвычайных эпидемических ситуаций. Поскольку Казахстан расположен в центре Евразийского континента и через его территорию проходят важные миграционные пути перелетных птиц, которые могут служить фактором заноса новых патогенных вариантов вирусов, изучение генетического разнообразия вирусов, циркулирующих в организме диких птиц является актуальной задачей.

До настоящего времени генетические исследования вирусов с секвенированием их генов проводилось с использованием широко распространённого и хорошо зарекомендовавшего себя метода Сенгера. С развитием науки и технологий на арену вышли новые методы, которые постепенно становятся рутинными в научных лабораториях мира. Одним из таких новых методов является массовое параллельное секвенирование, именуемое также секвенированием нового (следующего) поколения (next generation sequencing – NGS), которое обеспечивает высокопроизводительный анализ огромных объемов данных о нуклеотидных последовательностях, содержащихся в исследуемом образце.

С целью изучения возможности применения данной технологии в расшифровке полного генома вирусов диких птиц исследованы выделенные на куриных эмбрионах неидентифицированные гемагглютинирующие агенты, без предварительного знания об их принадлежности к какому-либо семейству вирусов.

**Материалы и методы.** Биологические материалы в виде клоакальных и трахеальных смывов получены от диких птиц согласно требованиям Международного Эпизоотического Бюро (МЭБ) [1]. Пробы до проведения исследований хранили в жидком азоте (-196°C).

Изоляцию вирусов и восстановительные пассажи проводили путем инокуляции каждой пробы вируса в 9-10 дневные развивающиеся куриные эмбрионы (РКЭ) и последующей инкубацией их при температуре +36°C в течение 48 ч по сертифицированным методикам, рекомендованным ВОЗ [2].

Вирусные РНК выделены с использованием набора QIAamp Viral RNA Mini kit (Qiagen, Hilden, ФРГ) в соответствии с рекомендациями производителя.

Подготовка библиотек осуществлена с помощью набора NEBNext Ultra Directional RNA Library Prep Kit for Illumina (NEB, США). Комплементарные ДНК из РНК ПМВ синтезированы с использованием случайных гексамерных праймеров (random hexamers) методом обратной транскрипции. Массовое параллельное секвенирование – расшифровка последовательностей кДНК, осуществлена с использованием секвенатора нового поколения Illumina MiSeq (США).

Биоинформационный анализ полученных в результате секвенирования последовательностей проведен с использованием компьютерных программ UGENE 1.20 (Россия) [3] и Tablet (Великобритания) [4].

Выравнивание секвенированных последовательностей и филогенетический анализ с помощью метода максимального правдоподобия осуществлены в программе MEGA 6.0 [5].

**Результаты.** Проведен вирусологический скрининг в РКЭ биологических образцов из архивных материалов, собранных в разные годы в Западном, Юго-Восточном и Центральном Казахстане от диких птиц водного и околоводного комплексов, относящихся к семействам Утиные (Anatidae), Чайковые (Laridae), Бекасовые (Scolopaciidae) и Ржанковые (Charadriidae) из отрядов Гусеобразные (Anseriformes) и Ржанкообразные (Charadriiformes). В результате первичного заражения пробами 10-дневных РКЭ выделены гемагглютинирующие агенты, из которых выделили РНК и измерили их концентрацию (таблица 1).

Таблица 1 – Первоначальные концентрации РНК изолятов вирусов птиц для секвенирования

Гемагглютинирующий агент	Концентрация, ng/ul
кураца/Алматы/36/2015	100,0
малый баклан/Кызылколь/7074/2016	>8,0
деревенская ласточка/Кызылколь/7079/2016	>8,0
кряква/Коргалжын/6769/2015	>8,0
черноголовый хохотун/Атырау/6452/2015	18,0
белолобый гусь/СКО/5751/2013	>8,0
белолобый гусь/СКО/5759/2013	26,3
белолобый гусь/Коргалжын/1791/2006	9,2
озерная чайка/Балхаш/5844/2013	>8,0
черноголовый хохотун /Атырау/5541/2013	>8,0
чайка/Актау/5976/2014	>8,0
околоводная птица/Алаколь/6952/2016	23,2

Как видно из таблицы 1, концентрации РНК варьировали от 8,0 до 26,3 ng/ul, что, согласно рекомендации производителя набора для секвенирования, является достаточным для производства библиотек.

Далее, для дальнейшего секвенирования полных нуклеотидных последовательностей генов выделенных вирусов, удаляли цитоплазматические и митохондриальные рибосомальные РНК (рРНК) с использованием специфичных к ним олигонуклеотидов, в дополнение к используемому набору NEBNext Ultra Directional RNA Library Prep Kit for Illumina (NEB, США).

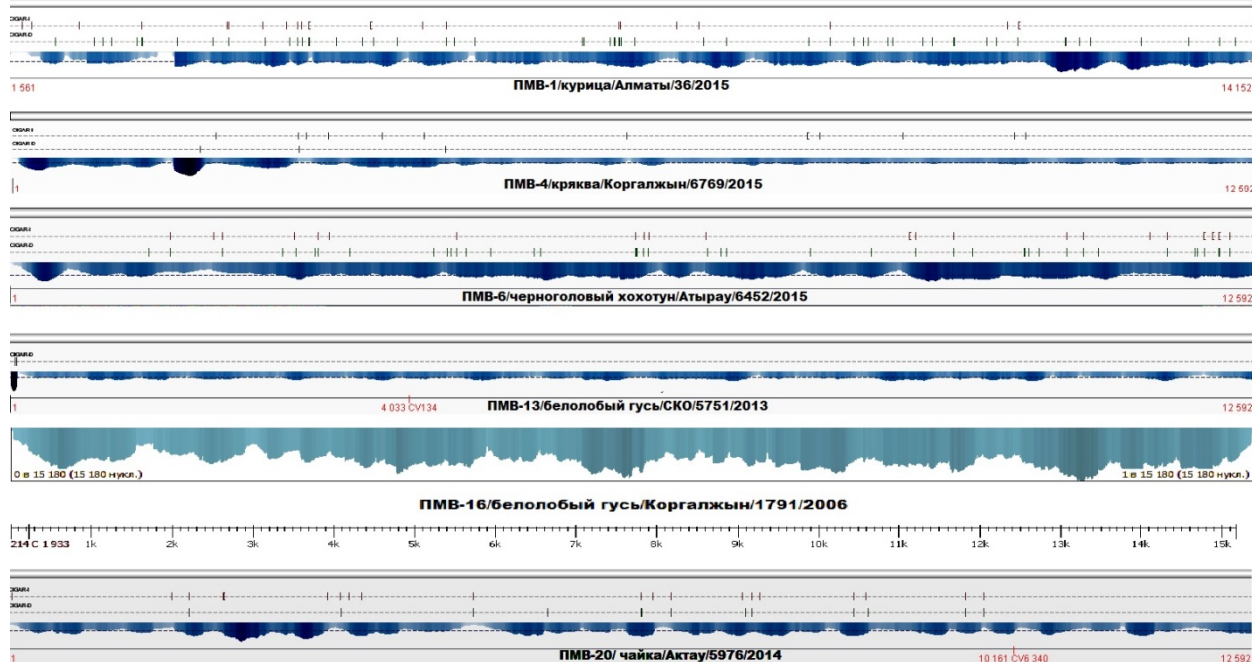
Проводили фрагментацию РНК до размеров около 300-400 п.о. с применением ферментативного метода при разных температурах, используя двухвалентные катионы в составе набора. Из расщепленных фрагментов РНК синтезировали первую цепь кДНК с использованием обратной транскриптазы и случайных праймеров, а затем вторую цепь с использованием ДНК-полимеразы I и РНКазы H.

К полученным фрагментам кДНК затем присоединяли молекулу аденина и в последующем лигировали адаптеры. При подготовке библиотеки фрагментированных кДНК использовали адаптеры Illumina. Продукты очищали и амплифицировали в ПЦР для создания библиотеки. Качество приготовленных библиотек проверяли на приборе Bioanalyzer 2100 (Agilent Technologies, США). Секвенирование осуществлено на секвенаторе нового поколения Illumina MiSeq (США), с применением набор реагентов v.3.

Для биоинформационного анализа полученные последовательности были собраны и обработаны в программе UGENE 1.20 (Россия). В результате получены полногеномные последовательности исследованных вирусов (рисунок).

Из рисунка 1 видно, что покрытие генома вирусов было практически равномерным и варьировало от 4521 до 5500 ридов в разных регионах. Получены последовательности целых геномов вирусов, принадлежащим семейству парамиксовирусов серотипов ПМВ-1, ПМВ-4, ПМВ-6, ПМВ-13, ПМВ-16, ПМВ-20. Полные названия изолятов с идентифицированными серотипами представлены в таблице 2.





Вид в программах Tablet и UGENE 1.20 полных геномов секвенированных вирусов

Таблица 2 – Идентифицированные серотипы парамиксовирусов

Вирусы	Длина генома
ПМВ-1/курица/Алматы/36/2015	15097
ПМВ-4/малый баклан/Кызылколь/7074/2016	15054
ПМВ-4/деревенская ласточка/Кызылколь/7079/2016	15054
ПМВ-4/кряква/Коргалжын/6769/2015	15054
ПМВ-6/черноголовый хохотун/Атырау/6452/2015	16236
ПМВ-13/белолобый гусь/СКО/5751/2013	15996
ПМВ-13/белолобый гусь/СКО/5759/2013	15996
ПМВ-16/белолобый гусь/Коргалжын/1791/2006	15180
ПМВ-20/озерная чайка/Балхаш/5844/2013	15786
ПМВ-20/ черноголовый хохотун /Атырау/5541/2013	15786
ПМВ-20/ чайка/Актау/5976/2014	15786
ПМВ-20/ околородная птица/Алаколь/6952/2016	15786

**Обсуждение.** Идентификация новых патогенов имеет огромное значение для диагностики инфекционных заболеваний человека и животных. Почти все вспышки опасных инфекций последних двух десятилетий были вызваны новыми патогенами, такими как вирус тяжелого острого респираторного синдрома (SARS) [6], хантавирус Sin Nombre [7], вирус пандемического гриппа 2009 года H1N1 [8], а также недавно описанный коронавирус EMC [9], большинство из которых происходит из природного резервуара.

Современные технологии позволяют идентифицировать вирусы с помощью широкого набора методов. Традиционные методы включают в себя электронную микроскопию, культивирование на клетках и живых организмах, а также серологические исследования [10], но все они имеют свои ограничения. Например, многие вирусы не культивируются в лабораторных условиях и могут быть охарактеризованы только молекулярными методами [11], такими как использование гибридных микрочипов [12] и ПЦР [13].

Конечным результатом большинства методов гибридизации и ПЦР являются амплифицированные продукты, которые требуют окончательной идентификации путем секвенирования. Ограничением же данных методов является необходимость знания последовательности нуклеотидов до начала исследования, что не всегда возможно.

Массовое параллельное секвенирование позволяет без предварительного знания о содержимом пробы, выявить все присутствующие в ней нуклеиновые кислоты разных организмов, что значительно расширяет возможности генетических исследований.

Возможно, наиболее очевидным применением этих технологий является секвенирование генома. Хотя вирусные геномы относительно небольшие, но их научная ценность часто чрезвычайно важна, и данная технология может представлять собой высокоэффективный способ расшифровки полной последовательности вирусного генома.

Данное исследование позволило с помощью метода массового параллельного секвенирования одновременно расшифровать полные геномы парамиксовирусов различных серотипов. Известно, что дикая орнитофауна играет ключевую роль в поддержании ПМВ в биосфере и является потенциальным природным источником возникновения новых опасных вариантов вирусов.

Экспериментальные исследования на примере парамиксовируса серотипа 1 (ПМВ-1) показали, что дикие птицы способны распространять и заносить слабо- или непатогенные варианты в популяцию домашних птиц, которые через несколько пассажей *in vivo* зачастую приобретают высокопатогенные свойства [14]. По этой причине, непрерывное наблюдение за ПМВ в дикой природе является одной из важнейших задач при обеспечении безопасности птицеводства.

Полученные данные о полных геномах парамиксовирусов с использованием новых технологий позволяют расширить наши знания о ходе естественной эволюции вирусов перелетных птиц.

#### ЛИТЕРАТУРА

- [1] Manual of diagnostic tests and vaccines for terrestrial animals OIE 2015. – Chapter 2.3.4. Avian influenza. – Sixth Edition. – ISBN 978-92-9044-718-4.
- [2] World Health Organization. WHO manual on animal influenza diagnosis and surveillance. 20025. Rev1.
- [3] Okonechnikov K, Golosova O, Fursov M, the UGENE team. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit // *Bioinformatics*. – 2012 28: 1166-1167. – DOI:10.1093/bioinformatics/bts091.
- [4] Milne I., Stephen G., Bayer M., Cock P.J.A., Pritchard L., Cardle L., Shaw P.D., Marshall D. 2013. Using Tablet for visual exploration of second-generation sequencing data // *Briefings in Bioinformatics* 14(2), 193-202. – DOI: 10.1093/bib/bbs012.
- [5] Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A., Kumar S. MEGA 6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. // *Molecular Biology and Evolution*. – 2013; 30: 2725-2729. – DOI: 10.1093/molbev/mst197.
- [6] Rota P.A., Oberste M.S., Monroe S.S., Nix W.A., Campagnoli R., Icenogle J.P., Penaranda S., Bankamp B., Maher K., Chen M.H. et al. Characterization of a novel coronavirus associated with severe acute respiratory syndrome // *Science*. – 2003, 300:1394-1399. – DOI: 10.1126/science.1085952.
- [7] Nichol S.T., Spiropoulou C.F., Morzunov S., Rollin P.E., Ksiazek T.G., Feldmann H., Sanchez A., Childs J., Zaki S., Peters C.J. Genetic identification of a hantavirus associated with an outbreak of acute respiratory illness // *Science*. – 1993, 262:914-917. – DOI: 10.1126/science.8235615.
- [8] Dawood F.S., Jain S., Finelli L., Shaw M.W., Lindstrom S., Garten R.J., Gubareva L.V., Xu X., Bridges C.B., Uyeki T.M. Emergence of a novel swine-origin influenza A (H1N1) virus in humans // *N Engl J Med*. 2009, 360:2605-2615. – DOI: 10.1056/NEJMoa0903810.
- [9] Zaki A.M., van Boheemen S., Bestebroer T.M., Osterhaus A.D., Fouchier R.A. Isolation of a novel coronavirus from a man with pneumonia in Saudi Arabia // *N Engl J Med* 2012, 367:1814-1820. – DOI: 10.1056/NEJMoa1211721.
- [10] Storch G.A., 2007. Diagnostic virology. In: Knipe, D.M., Howley, P.M. (Eds.) // *Fields Virology*. – Vol. 1. Lippincott, Williams & Wilkins. – P. 565-604. – ISBN 978-0-7817-6060-7.
- [11] Amann R.I., Ludwig W., Schleifer K.H., 1995. Phylogenetic identification and *in situ* detection of individual microbial cells without cultivation // *Microbiological Reviews*. 59, 143-169. – PMID: 7535888.
- [12] Wang D., Coscoy L., Zylberberg M., Avila P.C., Boushey H.A., Ganem D., DeRisi J.L., 2002. Microarray-based detection and genotyping of viral pathogens // *Proceedings of the National Academy of Sciences (USA)*. – 99, 15687-15692. – DOI: 10.1073/pnas.242579699.
- [13] Mullis K., Faloona F., Scharf S., Saiki R., Horn G., Erlich H. Specific enzymatic amplification of DNA *in vitro*: the polymerase chain reaction. *Cold Spring Harbor Symp Quant Biol*. 1986; 51 Pt 1:263-73. DOI:10.1101/SQB.1986.051.01.032.
- [14] Shengqing Y., Kishida N., Ito H., Kida H., Otsuki K., Kawaoka Y. and Ito T. Generation of velogenic Newcastle disease viruses from a nonpathogenic waterfowl isolate by passaging in chickens // *Virology*. – 2002. – N 301. – P. 206-211. DOI:10.1006/viro.2002.1539.

К. Ө. Қарамендин<sup>1</sup>, А. И. Қыдырманов<sup>1</sup>, Е. Т. Қасымбеков<sup>1</sup>,  
К. Д. Даулбаева<sup>1</sup>, М. Х. Саятов<sup>1</sup>, Sasan Fereidouni<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Микробиология және вирусология институты, Алматы, Қазақстан,

<sup>2</sup>Conservation Medicine Research Institute of Wildlife Ecology  
Венский Университет Ветеринарной Медицины, Австрия

### ТҮЗ ҚҰСТАРЫНЫҢ ВИРУСТАРЫН ЗЕРТТЕУДЕ ЖАППАЙ БІР МЕЗГІЛДЕ СЕКВЕНДЕУ ӘДІСІН ҚОЛДАНУ

**Аннотация.** Вирустық патогендерді идентификациялаудың адам мен жануарлардың инфекциялық ауыруларын балаудағы маңызы зор. Соңғы екі онжылдықтағы қауіпті инфекциялардың барлығын дерлік жаңа вирустар шақырды. Олардың басым бөлігі табиғи резервуарларда туындады.

Серотүрі 1 парамиксовирусы (ПМВ) негізінде сынақтық зерттеулер, түз құстарының үй құстары арасына вирустардың әлсіз немесе зардапсыз нұсқаларын енгізуге және таратуға қабілетті екенін, олардың жиі жағдайда бірнеше пассаждан кейін бейім құстардың ағзасында зардаптылығы жоғары қасиетке ие болатынын көрсетті.

Жаңа, жаппай бір мезгілде секвендеу технологиясын қолдану нәтижесінде парамиксовирустар туыстатығына жататын түз құстары вирустарының генетикалық құрылымдары жайында мәліметтер алынды. Бір уақытта вирустардың қай туыстастық өкілі екенін алдын-ала білмей ақ, олардың толық геномын секвендеуге мүмкіндік беретін аса тиімді әдіс екені анықталды.

Алынған мәліметтер жыл құстары вирустарының табиғи эволюциясы барысы жайында біздің білімімізді нығайтады.

**Түйін сөздер:** вирус, жаппай бір мезгілде секвендеу, жабайы құс, вирустың толық геномы, РНК, ДНК, биоинформатикалық талдау.

#### Сведения об авторах:

Карамендин К.О. – канд. вет. наук, ведущий научный сотрудник лаборатории экологии вирусов, Институт микробиологии и вирусологии КН МОН РК, kobey.karamendin@gmail.com.

Қыдырманов А.И. – докт. вет. наук, заведующий лабораторией экологии вирусов, Институт микробиологии и вирусологии КН МОН РК, kudyrtmanov@yandex.kz

Қасымбеков Е.Т. – PhD студент, научный сотрудник лаборатории экологии вирусов, Институт микробиологии и вирусологии КН МОН РК, kasymbek.ermuxan@mail.ru

Даулбаева К.Д. – канд. биол. наук, старший научный сотрудник лаборатории экологии вирусов, Институт микробиологии и вирусологии КН МОН РК, daulbaevak@mail.ru

Саятов М.Х. – докт. биол. наук, профессор, академик НАН РК, главный научный сотрудник лаборатории экологии вирусов, Институт микробиологии и вирусологии КН МОН РК, sayatov37@mail.ru

Dr. Sasan Fereidouni. – Conservation Medicine Research Institute of Wildlife Ecology, University of Veterinary Medicine Vienna, Austria.

## **Publication Ethics and Publication Malpractice in the journals of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan**

For information on Ethics in publishing and Ethical guidelines for journal publication see <http://www.elsevier.com/publishingethics> and <http://www.elsevier.com/journal-authors/ethics>.

Submission of an article to the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan implies that the described work has not been published previously (except in the form of an abstract or as part of a published lecture or academic thesis or as an electronic preprint, see <http://www.elsevier.com/postingpolicy>), that it is not under consideration for publication elsewhere, that its publication is approved by all authors and tacitly or explicitly by the responsible authorities where the work was carried out, and that, if accepted, it will not be published elsewhere in the same form, in English or in any other language, including electronically without the written consent of the copyright-holder. In particular, translations into English of papers already published in another language are not accepted.

No other forms of scientific misconduct are allowed, such as plagiarism, falsification, fraudulent data, incorrect interpretation of other works, incorrect citations, etc. The National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan follows the Code of Conduct of the Committee on Publication Ethics (COPE), and follows the COPE Flowcharts for Resolving Cases of Suspected Misconduct ([http://publicationethics.org/files/u2/New\\_Code.pdf](http://publicationethics.org/files/u2/New_Code.pdf)). To verify originality, your article may be checked by the Cross Check originality detection service <http://www.elsevier.com/editors/plagdetect>.

The authors are obliged to participate in peer review process and be ready to provide corrections, clarifications, retractions and apologies when needed. All authors of a paper should have significantly contributed to the research.

The reviewers should provide objective judgments and should point out relevant published works which are not yet cited. Reviewed articles should be treated confidentially. The reviewers will be chosen in such a way that there is no conflict of interests with respect to the research, the authors and/or the research funders.

The editors have complete responsibility and authority to reject or accept a paper, and they will only accept a paper when reasonably certain. They will preserve anonymity of reviewers and promote publication of corrections, clarifications, retractions and apologies when needed. The acceptance of a paper automatically implies the copyright transfer to the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan.

The Editorial Board of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan will monitor and safeguard publishing ethics.

Правила оформления статьи для публикации в журнале смотреть на сайте:

[www.nauka-nanrk.kz](http://www.nauka-nanrk.kz)

**ISSN 2518-1467 (Online), ISSN 1991-3494 (Print)**

<http://www.bulletin-science.kz/index.php/ru/>

Редакторы *М. С. Ахметова, Т. М. Апендиев, Д. С. Аленов*  
Верстка на компьютере *Д. Н. Калкабековой*

Подписано в печать 20.07.2018.  
Формат 60x881/8. Бумага офсетная. Печать – ризограф.  
16,25 п.л. Тираж 500. Заказ 4.