



2025. Номер 12, С. 74 – 87.

Отримано: 18.09.2025 Прийнято: 02.10.2025 Опубліковано: 27.11.2025

DOI: 10.31890/vttp.2025.12.06

UDC: 636.5.09:578.834.1

**MODERN CLASSIFICATION, CHARACTERIZATION, AND DISTRIBUTION
OF INFECTIOUS BRONCHITIS VIRUS (IBV) STRAINS IN THE WORLD
AND IN UKRAINE**
(review)

A.V. Zhukovska

V. Dahl Eastern Ukrainian National University, Kyiv, Ukraine

E-mail: asp-211-22-432@snu.edu.ua

Supervisor – PhD in Veterinary Sciences, Associate Professor **L.I. Parkhomenko**

Annotation. Avian infectious bronchitis virus (IBV) is one of the most prevalent viral diseases in industrial poultry farming and is characterized by high genetic variability of the pathogen. Due to its ability to rapidly mutate and recombine, the virus constantly generates new genetic variants, complicating diagnosis, prevention, epizootic control, and classification. Representatives of different IBV genotypes are important in veterinary virology, vaccination strategies, and epidemiological monitoring. The aim of this review article is to describe the classification of IBV genetic lineages based on genetic and phylogenetic studies, to examine the global and Ukrainian distribution of the main genotypes, and to substantiate the need for monitoring circulating strains in poultry farms.

The study systematizes data on known IBV lineages, including the newly identified genotypes GVII, GVIII, and GIX. Current data indicate that IBV strains are classified into nine major genotypes (GI–GIX), comprising a total of 41 genetic lineages. The largest genotype, GI, includes 31 lineages, while others such as GII, GIII, and GIV are represented by one or two lineages each. Literature analysis revealed that the most widespread genetic lineages are Massachusetts (GI-1), 793B (GI-13), QX (GI-19), and Variant 2 (GI-23), which dominate in different regions of the world. In Ukraine, the circulation of strains 4/91 (793B), Variant 2, QX, Mass, and D274 has been confirmed. The article highlights the considerable genetic variability of IBV and its global distribution.

The implementation of an IBV monitoring and control system is essential for effective disease prevention and minimizing economic losses.

Key words: *IBV, genetic lineages, strains, monitoring, infectious bronchitis of chickens.*

СУЧАСНА КЛАСИФІКАЦІЯ, ХАРАКТЕРИСТИКА ТА ПОШИРЕННЯ ШТАМІВ ВІРУСУ ІНФЕКЦІЙНОГО БРОНХІТУ ПТИЦІ (IBV) У СВІТІ ТА В УКРАЇНІ

(оглядова стаття)

А.В. Жуковська*Східноукраїнський національний університет імені В. Даля, м. Київ, Україна**E-mail: asp-211-22-432@snu.edu.ua*Науковий керівник – кандидат ветеринарних наук, доцент **Л.І. Пархоменко**

Анотація. Інфекційний бронхіт курей (*Bronchitis infectiosa*) – одне з найпоширеніших вірусних захворювань у промисловому птахівництві, що характеризується високою генетичною варіабельністю збудника даного захворювання. Завдяки здатності до швидких мутацій і рекомбінацій вірус інфекційного бронхіту птиці (IBV) постійно створює нові генетичні варіанти, що ускладнює діагностику, профілактику та епізоотичний контроль та їх класифікацію. Представники різних генотипів вірусу мають значення у ветеринарній вірусології, вакцинопрофілактиці та епізоотологічному моніторингу. Метою статті є характеристика сучасної класифікації генетичних ліній IBV на основі генетичних і філогенетичних досліджень, аналіз поширення основних генотипів у світі та в Україні, а також пояснення важливості моніторингу циркулюючих штамів. У статті узагальнені й систематизовані дані про відомі лінії вірусу інфекційного бронхіту курей, включаючи нові генотипи GVII, GVIII та GIX. В Україні зафіксовано циркуляцію штамів 4/91 (793B), Variant 2, QX, Mass та D274. Встановлено значну генетичну варіабельність IBV та його глобальне поширення. Впровадження системи моніторингу та контролю за IBV є необхідним для ефективної профілактики захворювання та мінімізації економічних збитків.

Ключові слова: IBV, генетичні лінії, штами, моніторинг, інфекційний бронхіт курей.

Вступ. Вірус інфекційного бронхіту птиці (*Infectious Bronchitis Virus, IBV*) є одним із найбільш поширених та економічно значущих патогенів у птахівництві (Abro et al., 2012). Захворювання, викликане IBV, відоме як інфекційний бронхіт курей (ІБК), вражає дихальну, сечостатеву системи та спричиняє зниження продуктивності птиці (Hoerr et al., 2021). Це найпоширеніша коронавірусна хвороба курей, що вражає всі вікові групи (Zhao et al., 2023). IBV швидко поширюється в уражених стадах. Передача відбувається переважно повітряно-крапельним шляхом, але контактний шлях передачі також відіграє важливу епізоотологічну роль (Cook et al., 1999). IBV також характеризується високою генетичною мінливістю (Legnardi et al., 2020) і, відповідно, великою варіабельністю штамів, яка ускладнює створення вакцин, здатних забезпечити крос-протекцію між польовими штамми та вакцинними варіантами (Bande et al., 2015). Тому захист від IBV залишається складним завданням для ветеринарної медицини (Гавриленко, 2015). Ця проблема є актуальною як для господарств, так і для виробників вакцин, особливо в регіонах із різноманітним циркулюючим штамів. Таким чином, IBV продовжуватиме становити проблему для здоров'я птиці в майбутньому, і його викорінення на даний момент виглядає нереальним (de Wil et al., 2021). Саме тому проведення моніторингу та контролю за IBV для своєчасного виявлення змін у складі циркулюючих штамів вірусу є необхідними для сталого розвитку птахівництва і захисту поголів'я від ІБК (Tegegne et al., 2020). Генетичний аналіз дозволяє не лише класифікувати нові варіанти, але й розробляти адаптовані стратегії профілактики, що знижує ризик економічних втрат у птахівництві та сприяє ефективному контролю захворювання.

Мета роботи. Опис сучасної класифікації штамів різних генетичних ліній IBV, дослідження їх поширення в світі та в Україні на основі літературних даних, а також обґрунтування доцільності моніторингу циркулюючих штамів.

Завдання дослідження:

1. Навести сучасну класифікацію та характеристики основних штамів IBV на основі генетичних особливостей вірусу.
2. Визначити поширеність генетичних ліній та штамів IBV в країнах світу та Україні на основі літературних даних.
3. Обґрунтувати доцільність проведення моніторингу та контролю за IBV для виявлення змін у штамовому складі вірусу.

Результати досліджень та їх обговорення. *Генетичні та молекулярні особливості вірусу інфекційного бронхіту птиці.* IBV – оболонковий одноланцюговий РНК-вмісний вірус із роду *Gammacoronavirus*. Геном IBV кодує чотири структурні білки – шип (S), оболонку (E), мембрану (M), нуклеокапсид (N) та низку неструктурних білків, які забезпечують його патогенність і взаємодію з клітинами хазяїна (Jackwood & de Wit, 2020). Геном IBV характеризується високою варіабельністю, обумовленою мутаціями (вставки, делеції, точкові зміни) і рекомбінаціями, що є основним механізмом еволюції вірусу (Hewson et al., 2011; Jackwood et al., 2012; Hewson et al., 2014). Це спричиняє появу нових штамів, що створює постійну необхідність у моніторингу епізоотичної ситуації в країні та світі (Tegegne et al., 2020; Zhao et al., 2023). Також генетична мінливість може впливати на антигенність вакцин та імунну відповідь організму (Jung et al., 2022). Важливим компонентом у структурі вірусу є S-протеїн, який утворює виступи на поверхні віріону. Під дією фуринових протеаз S-протеїн розщеплюється на дві субодиниці – S1 і S2. Субодиниця S1 забезпечує прикріплення вірусу до рецепторів епітеліальних клітин і злиття з їх мембраною. Через високу варіабельність саме ця субодиниця є основою для класифікації штамів IBV (Abdel-Moneim, 2016). Субодиниця S2 бере участь у процесі злиття з мембраною, а її мутації можуть призводити до утворення S2'-фуринового сайту, що збільшує вірулентність і спричиняє нейротропні ефекти (Cheng et al., 2019).

Крім структурних білків, IBV кодує неструктурні білки, які відіграють важливу роль у блокуванні імунної відповіді, реорганізації мембран та стимулюванні утворення аутофагосом (Shen et al., 2025). Це сприяє підвищенню резистентності вірусу до імунних механізмів хазяїна та розвитку вторинних бактеріальних інфекцій (Gallardo 2021; Peng et al., 2022; Ghetas et al., 2025).

Класифікація штамів IBV базується на аналізі повної послідовності гена S1, що відповідає за антигенні властивості вірусу (Infectious Bronchitis disease: serotypes & protectotypes IB, n.d.). Ізоляти класифікують на різні серотипи на основі тесту вірусної нейтралізації, проведеного на курячих ембріонах або культурах тканин трахеї (Seeger et al., 2016). Ідентифікація ізолятів також можлива за допомогою молекулярних методів, зокрема полімеразної ланцюгової реакції в реальному часі (РЧ-ПЛР, RT-PCR), аналізу рестрикційних фрагментів (RFLP) або секвенування нуклеотидних послідовностей, що дозволяє визначати генетичну приналежність штамів (Zhao et al., 2025). Хоча серотипування та генотипування не завжди формують ідентичні групи ізолятів, між цими методами існує загальна кореляція (Cortés et al., 2022).

З моменту початкової ідентифікації IBV у 1931 році, останні дослідження класифікували ізоляти IBV на 9 основних генотипів (GI–GIX) і 41 лінію на основі гена S1: від GI-1 до GI-31, GII-1, GII-2 і GIII-1 до GIX-1 (Kim et al., 2025; Kilany et al., 2025). Зокрема, найбільший генотип GI містить 31 лінію, тоді як інші генотипи, такі як GII, GIII, GIV тощо, представлені однією-двома лініями кожен (Valastro et al., 2016; Rafique et al., 2024). Хоча більшість країн мають унікальні внутрішні штами, деякі лінії, такі як GI-1, GI-13, GI-16 і GI-19, поширені в усьому світі (Valastro et al., 2016; Alhafufi et al., 2025; El Nemr et al., 2025).

Визначення нових ліній. Щоб класифікувати нову генетичну лінію IBV на основі гена S1, потрібно виконати дві основні умови: по-перше, необхідно, щоб вона утворювала

статистично підтверджений кластер, що можна встановити за методами бутстрепової підтримки (Soltis & Soltis, 2003) або апостеріорної ймовірності (Huelsensbeck & Rannala, 2004), по-друге, монофілетичні кластери мають складатися з щонайменше трьох ізолятів, отриманих з двох і більше незалежних спалахів. Для цього нуклеотидна послідовність нової лінії має мати понад 13 % генетичної відмінності від інших ліній (Valastro et al., 2016). У різних штаммах існують різні мутації, включаючи інсерції, делеції, точкові мутації та рекомбінації. Наглядна класифікація і характеристика основних штамів наведена у табл. 1.

Таблиця 1

Характеристика деяких штамів IBV різних генетичних ліній

Гено-тип	Лінія	Серотип	Штам	Патогенність	Тропізм	Частина світу	Номер і автор у GenBank ¹
G-I	GI-1	Beaudette	Beaudette	Низька	Нервова система, травна система, респіраторна система	Америка, Європа, Африка, Азія	MK550892.1 Boursnell et al., 1984
		Massachusetts	H-120	Висока	Респіраторна система, репродуктивна система, селезінка, сумка Фабриція	Америка, Європа, Африка, Азія	JN600610.1 Pereira et al., 2016
			M41				AY561711.1 Mondal & Cardona, 2004
			Ma5				OP433640.1 Umali et al., 2022
			PR03		Репродуктивна система, нирки	Південна Америка	GQ169241.1 Montassier et al., 2009
	GI-2	Holte	Holte /Holte/54	Середня	Респіраторна система	Америка	GU393336.1 Thor et al., 2011
	GI-3	Gray	Gray	Середня	Респіраторна система	Америка	L14069.1 Kwon & Jackwood, 1995
		Holte/ Iowa-97	IBV/ck/ME X/2960/21	Висока	Респіраторна система, репродуктивна система	Америка	OM912707.1 Kariithi et al., 2022
	GI-4	Holte	Holte	Середня	Респіраторна система	Америка	L18988.1 Wang & Collisson, 1995
	GI-5	C	N1/62	Висока	Нирки	Австралія	U29522.1 Sapats et al., 1996
	GI-6	Q1-like	Q1/73	Середня	Нирки	Австралія	DQ490209.1 Mardani et al., 2008
		B	Vic/S	Низька	Нирки, респіраторна система, репродуктивна система	Австралія	U29519.1 Sapats et al., 1996
		H.v.	V2-71	Низька	Нирки		DQ490216.1 Mardani et al., 2006

	GI-7	TW-Like	TW2296/95 vac	Висока	Трахея, легені, нирки, сумка Фабриція	Азія	MN128086.1 Tsai et al., 2020
		TW-Like	TP/64	Н.в.	Репродуктивна система, респіраторна система	Азія	AY606320.1 Huang et al., 2004
	GI-8	L	L165	Н.в.	Н.в.	Америка	JQ964061.1 Mondal et al., 2013
	GI-9	Arkansas	ARK99	Висока	Респіраторна система	Америка	M99482.1 Wang et al., 1993
	GI-10	Н.в.	B	Н.в.	Респіраторна система	Європа, Азія	AF151954.1 McFarlane & Verma, 2008
	GI-11	Н.в.	UFMG/G	Н.в.	Н.в.	Америка	JX182775.1 Santos et al., 2012
	GI-12	D274	D3896	Середня	Респіраторна система	Європа, Азія, Африка	X52084.1 Koch & Kant, 1990
	GI-13	793B	4/91	Висока	Респіраторна система, нирки	Європа	AF093794.1 Callison et al., 2001
		Н.в.	Moroccan-G/83	Н.в.	Н.в.	Африка	EU914938.1 El-Houadfi et al., 1986
	GI-14	B1648	B1648	Н.в.	Респіраторна система, нирки	Америка, Європа, Африка	X87238.1 Shaw et al., 1996
	GI-15	Н.в.	B4	Н.в.	Респіраторна система, нирки, репродуктивна система	Азія	FJ807932.1 Lee et al., 2010
	GI-16	Н.в.	IZO 28/86	Н.в.	Респіраторна система, травна система, нирки	Америка, Європа, Африка	KJ941019.1 Sabelli et al., 2014
	GI-17	Pennsylvania	DMV/1639/11	Висока	Респіраторна система, нирки, репродуктивна система	Америка, Європа, Азія	KR232396.1 Jordan et al., 2015
	GI-18	Н.в.	JP8127	Н.в.	Н.в.	Азія	AY296744.1 Shieh et al., 2004
	GI-19	QX	D388	Висока	Шлунок, респіраторна система, нирки, репродуктивна система	Європа, Африка, Азія	DQ674739.1 Leurs et al., 2006
		Н.в.	Isolate 933	Н.в.	Н.в.	Азія	OR433086.1 Leow, 2024
		Н.в.	CK/CH/GX/LA/071423	Н.в.	Н.в.	Азія	PP516426.1 Ou & Chen, 2024

	GI-20	Н.в.	Qu_mv	Н.в.	Н.в.	Америка	AF349621.1 Smati et al., 2001
	GI-21	Н.в.	Spain/97/31 4	Висока	Н.в.	Європа	DQ064806.1 Dolz et al., 2008
	GI-22	YN	CK/CH/YN /X0420/201 9	Висока	Репродуктивна система	Азія	MT544413.1 Li et al., 2020
		Н.в.	40GDGZ- 97I	Н.в.	Н.в.	Азія	KC577382.1 Wang et al., 2013
	GI-23	Н.в.	EG/1212B- 2012	Висока	Респіраторна система, нирки	Африка	KU979007.1 Zanaty et al., 2016
		Variant 2	Variant 2	Висока	Нирки, репродуктивна система	Америка, Європа, Африка, Азія	AF093796.1 Callison et al., 2001
	GI-24	Н.в.	V13	Н.в.	Н.в.	Азія	KF757447.1 Reddy et al., 2013
	GI-25	Н.в.	CA/1737/0 4	Н.в.	Н.в.	Америка	EU925393.1 Wood et al., 2009
	GI-26	Н.в.	NGA/B401/ 2006	Н.в.	Н.в.	Африка	FN182243.1 Ducatez et al., 2009
	GI-27	Georgia 08	GA-08	Висока	Респіраторна система, нирки, репродуктивна система	Америка	GU301925.1 Jackwood et al., 2010
	GI-28	Н.в.	LGX/11111 9	Висока	Шлунок, респіраторна система, нирки	Азія	KX640829.1 Chen et al., 2016
	GI-29	Н.в.	I0111/14	Н.в.	Респіраторна система, нирки	Азія	KY407557.1 Jiang et al., 2016
	GI-30	Н.в.	Mex-07-1	Н.в.	Н.в.	Америка	ON470386.1 Mendoza- Gonzalez et al., 2022
	GI-31	Н.в.	D2334/11/2 /13/CI	Н.в.	Мигдалини сліпої кишки	Африка	MZ325299.1 Bali & Banyai, 2021
G-II	GII-1	D212	D1466	Середнь о-низька	Респіраторна система, репродуктивна система, селезінка, сумка Фабриція	Європа, Азія	M21971.1 Kuster et al., 1989
		Delaware	DE072	Н.в.	Н.в.	Америка	EU359658.1 Lee et al., 2001
	GII-2	D181	D181	Н.в.	Н.в.	Європа	MH325904.1 Wit de & Dijkman, 2018

G-III	GIII-1	Н.в.	V6/92	Низька	Н.в.	Австралія	DQ490219.1 Mardani et al., 2008
		Australian group 2	N1/08	Низька	Респіраторна система	Австралія	JN176213.1 Hewson et al., 2011
G-IV	GIV-1	GA98	GA/2787/98	Н.в.	Н.в.	Америка	AF274438.1 Lee et al., 2001
G-V	GV-1	Australian group 2	N1/03	Н.в.	Н.в.	Австралія	FJ235194.1 Hewson et al., 2009
G-VI	GVI-1	JX181	CK/CH/JX/2018/11	Висока	Респіраторна і репродуктивна система, селезінка, сумка Фабриціуса	Азія	OK309555.1 Zhang et al., 2021
G-VII	GVII-1	LX4	I0636/16 (CoV/ck/China/I0636/16)	Низька	Респіраторна система, нирки	Азія	MH397183.1 Xu et al., 2018
G-VIII	GVIII-1	Н.в.	PA/1220/98	Н.в.	Респіраторна система, нирки	Європа	AY789942.1 Ladman et al., 2004
		Н.в.	MEX-12	Н.в.	Н.в.	Америка	ON470391.1 Mendoza-Gonzalez et al., 2022
	GVIII-2	IB80	gCoV/Ck/PN/AC-19535/01/2021	Висока	Респіраторна система, нирки, сумка Фабриція, травна система	Європа	OM746679.1 Petzoldt et al., 2022
G-IX	GIX-1	Н.в.	Mex-14P	Н.в.	Н.в.	Америка	ON470393.1 Mendoza-Gonzalez et al., 2022
		Н.в.	Mex-56-7	Н.в.	Н.в.	Америка	ON470394.1 Mendoza-Gonzalez et al., 2022

* Н.в. – не визначено.

¹ – GenBank – публічно доступна база даних нуклеотидних послідовностей і супровідних анотацій для більш як 300 000 біологічних об'єктів.

Регіональна поширеність IBV. Дослідження джерел літератури показали, що поширеність штамів IBV значно варіює залежно від регіону:

1. Північна Америка:

- Найпоширенішими штамми у США є Georgia 08 (GA08), що належить до генотипу GI-27 та штам DMV1639 (GI-17). Також домінують штами Massachusetts, Arkansas (Ark99), Delaware (DE072). Хоча штам DMV1639 переважно реєструється в цій країні, були зафіксовані випадки його поширення за межі США (Jackwood & Jordan, 2021).

2. Азія та Близький Схід:

- У Китаї поширені п'ять генотипів, а домінує штам QX (GI-19), який становить 66,5 % усіх штамів, а новий штам GVI-1 – 27,7 %. Ці два генотипи є основними джерелами нових штамів IBV у країні, тоді як частка вакцинних штамів є незначною (Li et al., 2022; Meng et al., 2024).

- Генотип GI-23, який вперше був виявлений у Ізраїлі в 1998 році, поширився на п'ять континентів (Houta et al., 2021). Штами цієї лінії характеризуються високою вірулентністю, нефротропізмом та здатністю до між- та внутрішньогенотипової рекомбінації (Valastro et al., 2016).
3. Європа:
- Встановлено, що штами GI-23, які циркулювали майже 20 років лише на Близькому Сході, згодом поширилися і стали ензоотичними у Європі.
 - У Західній Європі штам GII-1 (D1466) зустрічається рідко та обмежений цим регіоном (Cook et al., 1999). Водночас штами GI-13 (793B) і GI-19 (QX) є широко поширеними у Європі, Африці та Азії, але відсутні в США та Австралії (Tegegne et al., 2020).
 - У східній Іспанії поширені штами 4/91, QX, Italy-02 і D274 (Infectious Bronchitis disease: variants in Europe, n.d.). Найпоширенішим є штам 4/91, тоді як QX домінує серед несучок із 100 % частотою, а Italy-02 та D274 зустрічаються у 14 % випадків (Cortes et al., 2022).
 - У Швеції домінують штами QX, які замінили штами масачусетського типу 1990-х років. Було виявлено два нових ізоляти, отримані в результаті рекомбінації, з нуклеотидною послідовністю, що відхиляється на 1,7–2,4 % від D388/QX-подібної гілки, що вказує на появу нової лінії (Abro et al., 2012).
 - Вперше встановлено наявність штамів GVIII-2 в Італії (Legnardi et al. 2024). Хоча ця знахідка є новою, вона не є абсолютно несподіванкою, оскільки Європа є континентом, де присутність цієї лінії була задокументована найкраще.
4. Східна Європа:
- У Польщі штами GI-23 зазнали рекомбінації з іншими гамма-коронавірусами (GI-1, GI-13 і G-19), що створило окрему гілку в еволюції вірусу. Нові штами циркулюють у комерційних стадах птиці, але джерело надходження вірусу залишається невідомим (Rafique et al., 2024).
 - В Україні результати досліджень попередніх років вказують на циркуляцію різних серотипів IBV, серед яких найбільш поширеними варіантами були 793B, QX, Variant 2, Q1, SU, Kor 349, Kor 426 (Пархоменко & Жуковська, 2023). Крім цього, виділяють ензоотичні для країни ізоляти, що мають більше 20 % відмінностей від всіх представлених в GenBank (Масюк et al., 2018). Останні дослідження (Нечипуренко et al., 2024) показали, що наразі в Україні циркулюють штами 4/91, Variant 2, QX, Mas і D274, особливо у Хмельницькій, Рівненській та Львівській областях. Штами лінії GI-23, які раніше домінували лише на Близькому Сході, також присутні у регіоні.

Польові та вакцинні штами. Найбільш поширеним серед генотипів IBV є GI (Shah et al., 2025), до якого належить серотип Massachusetts (Mass), що включає класичні референтні штами Massachusetts 41 (M41), а також широко використовувані вакцинні штами H120 та H52 (de Wit et al., 2019; Pereira et al., 2019). Іншим важливим представником цього генотипу є серотип 793B, що включає штам 4/91 (CR88), який активно застосовується у вакцинопрофілактиці. Особливої уваги заслуговують серотипи QX (D388) та генетично близький до нього Q1, що належать до лінії GI-19 і характеризується високою нефропатогенністю, спричиняючи значні економічні збитки у промисловому птахівництві. Крім того, значний інтерес викликає штам Variant 2 (Israel/Variant 2/1998), лінія GI-23, який виник на Близькому Сході, звідки поширився на п'ять континентів і характеризується високою вірулентністю, нефротропізмом і нефропатогенністю (Finger et al., 2024). Ця лінія стала ензоотичною у багатьох країнах Європи та Азії (Li et al., 2022). Генотип II представлений штамом D1466, що циркулює переважно у країнах Західної Європи, тоді як до генотипу III належить Могоссан-G/83, зареєстрований у Північній Африці. У Тайвані домінують штами, які належать до генотипу IV (TW-like), серед яких виділяють TW-I, TW-II та TW-III (Yan et al., 2016). У Південній Америці відомий штам Brazil/IBV/B1648/1983,

який відноситься до генотипу V, тоді як у Японії поширений JP8127, що належить до генотипу VI. У США поширені такі штами, як Arkansas 99 (ARK99), GA-08 та GA98, у той час як у Європі зафіксовано циркуляцію DE072, D274 та D181 (de Wit et al., 2021; Brimer et al., 2024). Особливої уваги заслуговує DMV/1639, що відзначається високою нефропатогенністю та викликає серйозні економічні втрати у птахівництві Північної Америки.

В останні роки особливу увагу дослідників привертає генотип VII (GVII), що активно циркулює у країнах Східної Європи та Китаї. Він включає дві основні лінії: GVII-1, що містить ізоляти з Індонезії, та GVII-2, поширену серед східноєвропейських країн (Rautenschlein & Philipp, 2021). Крім того, у Європі та на Близькому Сході нещодавно було виявлено новий генотип VIII (GVIII), представлений штамом IB80 (GVIII-2), що є важливим об'єктом сучасних досліджень (de Wit et al., 2021). Про нього повідомлялося ще з 2015 року в Європі, на Близькому Сході та в Азії, але нещодавно IB80 було виявлено в комерційних стадах несучок і батьківських стадах бройлерів у Європі та за її межами, які часто демонструють серйозні падіння несучості (Petzoldt et al., 2022). Значна генетична відмінність GVIII від інших генотипів перешкоджає його виявленню багатьма загальноприйнятими тестами, що заважає розумінню його поширення та впливу. А декілька років тому (Mendoza-González et al., 2022) у Мексиці ідентифікували 2 дивергентні монофілетичні групи, які були описані як лінії нових генотипів (GVIII-1 і GIX-1). Було зауважено, що висока генетична різноманітність IBV у Мексиці є результатом спільної циркуляції різних ліній, що належать до різних генотипів.

Лабораторні штами. Окрім польових ізолятів, існує низка лабораторних та регіональних штамів, що відіграють важливу роль у дослідженні IBV. Наприклад, штам Beaudette, що характеризується зниженою патогенністю та нейротропізмом, використовується у наукових експериментах, але через низьку вірулентність, не є небезпечним у польових умовах (Legnardi et al., 2020).

Рекомбінантні штами. Часті події рекомбінації іноді створюють химерні віруси, які включають генетичні послідовності кількох інших штамів (Abro et al., 2012). Такі штами характеризуються унікальними властивостями, зокрема різним тропізмом (Lin & Chen, 2017; Rafique et al., 2024). Дослідження довели, що штам IBV під назвою CK/CH/MY/2020, який був виділений із південно-західного регіону Китаю, є продуктом рекомбінації, що походить від трьох живих ослаблених вакцинних штамів (H120, 4/91 і LDT3-A) і належить до генотипу GI-28 (Gong et al., 2022). Аналіз патогенності виявив, що рекомбінантний штам був більш вірулентним, ніж ослаблені вакцинні штами. Це дослідження виявило, що навіть за відсутності диких штамів, рекомбінація та повернення вірулентності кількох ослаблених вакцинних штамів може відбуватися одночасно, що також доводить безперервну еволюцію IBV (Bande et al., 2015).

Доцільність проведення моніторингу. На основі аналізу літературних даних встановлено, що IBV охоплює широкий спектр генотипів і ліній.

Регулярний моніторинг за допомогою сучасних методів молекулярної діагностики дозволяє ідентифікувати наявні штами IBV та виявляти нові, контролювати їхню циркуляцію в популяції птиці та простежувати механізми еволюції вірусу, включаючи міжштамові рекомбінації. А використання сучасних методів класифікації дозволяє точно описувати домінуючі генотипи IBV у різних регіонах, оцінювати вплив глобальної циркуляції вірусу на локальні популяції птиці та встановлювати взаємозв'язок між біологічними характеристиками штамів та їхньою спорідненістю.

Прогностичні дослідження є ключовим інструментом у боротьбі з ІБК. Вони передбачають систематичне секвенування геному IBV, зокрема, гена S1, який відповідає за антигенні властивості вірусу за допомогою методів RT-PCR та наступного аналізу послідовностей. Отримані дані використовуються для побудови філогенетичних дерев. Це дозволяє не лише ідентифікувати циркулюючі штами вірусу, але й передбачати його

мінливість, що критично важливо для ефективної профілактики та контролю захворювання (Ishag et al., 2025).

Аналіз літератури підтверджує значну генетичну варіабельність IBV та його глобальне поширення, що характеризує динамічність еволюції вірусу. Таким чином, сучасна епізоотична ситуація характеризується високою варіабельністю циркулюючих штамів IBV. Наявні дані підкреслюють необхідність регулярного молекулярного моніторингу та філогенетичного аналізу з метою вчасного виявлення змін у вірусному популяційному складі, запобігання поширенню нових варіантів та удосконалення вакцинних стратегій.

Тенденція змін штамів в Україні. Зважаючи на військовий стан та активні бойові дії, спричинені агресією російської федерації в Україні, інформація щодо поширеності IBV обмежена. Наявні дані дозволяють відстежити, що за останні 10 років на території України фіксувалося циркулювання як вакцинних, так і польових штамів IBV, при цьому спостерігалася поступова еволюція складу домінуючих генотипів. В 2008–2013 роках в різних регіонах в Україні, як і в багатьох інших країнах Європи, домінували штами типу Massachusetts (H120, M41, Ma5) (Пархоменко & Жуковська, 2023). У подальшому спостерігали поширення більш патогенних штамів – 4/91 (793B), QX, D274 та D880, а згодом і Variant 2, які викликали ураження не тільки дихальної, але й сечовидільної та репродуктивної системи. Це узгоджується з європейською ситуацією, де також домінують штами 4/91, QX і Mass, а Variant 2 поширився до України з Близького Сходу, що свідчить про подібні епізоотичні тенденції в регіоні. З 2018 року з'явилися повідомлення про нові штами: Italy 02, Kor 349, Kor 426, Q1, SU, які до того не реєструвались в Україні (Масюк et al., 2018). Це свідчить про поступове заміщення класичних штамів новими, більш патогенними та генетично віддаленими варіантами, що, пов'язано з міграцією вірусів із країн Азії та Європи (Valastro et al., 2016).

Останні дослідження (Нечипуренко et al., 2024) засвідчили, що штами 4/91, Var2, Qx, Mas та D274 залишаються стабільно присутніми в регіоні. Це вказує на потребу в подальшому дослідженні епізоотичної ситуації.

Пропозиції щодо подальших досліджень. Актуальним напрямком подальших досліджень є моніторинг циркуляції IBV в світі (в т.ч. в Україні), який включає молекулярно-генетичні дослідження для ідентифікації варіантів IBV, що наявні в регіонах. Важливим завданням залишається генотипування та секвенування геному ізолятів IBV, із занесенням отриманих даних в GenBank та проведення дослідження патогенності польових штамів. Це дозволить не лише виявити актуальні штами вірусу, а й спрогнозувати можливі зміни в його генетичній структурі. Прогнозування епізоотичної ситуації – ще один перспективний напрям досліджень. Із стрімким розвитком технологій цілком можливим є залучення інструментів штучного інтелекту для оцінки епізоотичної ситуації, і складання прогнозів щодо майбутніх спалахів на їх основі. Останні дослідження демонструють ефективність поєднання клінічних методів та алгоритмів штучного інтелекту для ранньої діагностики вірусних інфекцій у птиці. У роботі Sadeghi et al. (2023) використання термографії і машинного навчання дозволило виявити захворювання з точністю до 97–100 % вже впродовж перших 24 год після зараження. Такий підхід відкриває перспективи для безконтактного моніторингу інфекційного бронхіту курей в умовах птахоферм. З огляду на високу генетичну варіабельність IBV і постійну появу нових варіантів вірусу, подальші дослідження мають бути зосереджені також на оцінці існуючих засобів захисту, а конкретно ефективності вакцин проти циркулюючих штамів. Актуальним є вивчення перехресного імунітету, розробка адаптивних схем вакцинації, порівняння схем вакцинації у реальних умовах господарств, щоб підвищити ефективність програм профілактики.

Висновки

Актуальна класифікація IBV забезпечує стандартизоване розуміння генетичних зв'язків, що дозволяє точно визначати спорідненість між ізолятами. Станом на зараз штами

IBV класифікують на 9 основних генотипів (GI–GIX), які включають 41 генетичну лінію. Найбільший генотип GI містить 31 лінію, тоді як інші генотипи, такі як GII, GIII, GIV тощо, представлені однією-двома лініями кожен. Повсякчас реєструються нові генетичні варіанти (GVII, GVIII, GIX) і рекомбінантні штами, що виникають внаслідок взаємодії вакцинних та польових ізолятів.

IBV має глобальне поширення з вираженими регіональними особливостями. Найбільш поширеним у світі є генотип GI (Massachusetts, 793B, QX, Variant 2, тощо). У США домінують штами Massachusetts, Arkansas (Ark99), Delaware (DE072). В Азії та на Близькому Сході провідну роль відіграють штами QX (GI-19) та Variant 2 (GI-23). У Європі основними є 793B, QX та Variant 2, тоді як у Східній Європі, зокрема в Україні, відмічається циркуляція 4/91 (793B), QX, Variant 2, Massachusetts і D274. Дані останніх років свідчать про поступове заміщення класичних штамів більш патогенними та генетично віддаленими варіантами, а також про наявність рекомбінаційних подій, що сприяють формуванню нових штамів.

Висока генетична мінливість IBV зумовлює ризик зниження ефективності діагностики та вакцинації. Систематичний молекулярно-генетичний моніторинг є необхідним для своєчасного виявлення нових генотипів, попередження епізоотій і зменшення економічних збитків. Це підвищує рівень біобезпеки та стабільність птахівничої галузі.

References

- Abdel-Moneim, A. S. (2016). Coronaviridae: infectious bronchitis virus. *Emerging and re-emerging infectious diseases of livestock*, 133-166. https://doi.org/10.1007/978-3-319-47426-7_5
- Abro, S. H., Renström, L. H., Ullman, K., Isaksson, M., Zohari, S., Jansson, D. S., Belák, S., & Baule, C. (2012). Emergence of novel strains of avian infectious bronchitis virus in Sweden. *Veterinary Microbiology*, 155(2-4), 237-246. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2011.09.022>
- Alhafufi, A. N., Kasem, S., Almajhdi, F. N., Albaqshi H. A., Alaql F. A., Rihan E. A., Abd-Allah E. M., Alyousaf A. A., Aljasem Y. K., Aljehani N. D., Haridy M. A., Alhimaidi A. R., & Abdel-Moneim A. S. (2025). Full-length genome reveals genetic diversity and extensive recombination patterns of Saudi GI-1 and GI-23 genotypes of infectious bronchitis virus. *Virology Journal*, 22(1), 1. <https://doi.org/10.1186/s12985-024-02614-5>
- Bande, F., Arshad, S. S., Hair Bejo, M., Moeini, H., & Omar, A. R. (2015). Progress and challenges toward the development of vaccines against avian infectious bronchitis. *Journal of Immunology Research*, 2015. <https://doi.org/10.1155/2015/424860>
- Brimer, S. K., Fischer, E. A. J., Beckstead, R., White, J., Cazaban, C., Tatár-Kis, T., & Stegeman, A. (2024). A vaccine programme comprising GA08 (GI-27) and Mass (GI-1) strains prevents DMV1639 (GI-17) infectious bronchitis virus transmission among broiler chickens. *Avian Pathology*, 54(1), 83–95. <https://doi.org/10.1080/03079457.2024.2383765>
- Cheng, J., Zhao, Y., Xu, G., Zhang, K., Jia, W., Sun, Y., Zhao, J., Xue J., Hu, Y., & Zhang, G. (2019). The S2 Subunit of QX-type infectious bronchitis coronavirus spike protein is an essential determinant of neurotropism. *Viruses*, 11 (10). 972. <https://doi.org/10.3390/v11100972>
- Cook, J. K. A., Orbell, S. J., Woods, M. A., & Huggins, M. B. (1999). Breadth of protection of the respiratory tract provided by different live-attenuated infectious bronchitis vaccines against challenge with infectious bronchitis viruses of heterologous serotypes. *Avian Pathology*, 28, 477–485. <https://doi.org/10.1080/03079459994506>
- Cortés, V., Sevilla-Navarro, S., García, C., Marín, C., & Catalá-Gregori, P. (2022). Seroprevalence and prevalence of infectious bronchitis virus in broilers, laying hens and broiler breeders in Spain. *Poultry Science*, 101 (5), 101760. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2022.101760>
- de Wit, J. J. S., Malo, A., & Cook, J. K. A. (2019). Induction of IBV strain-specific neutralizing antibodies and broad spectrum protection in layer pullets primed with IBV Massachusetts (Mass) and 793B vaccines prior to injection of inactivated vaccine containing Mass antigen. *Avian Pathology*, 48(2), 135-147. <https://doi.org/10.1080/03079457.2018.1556778>

- de Wit, J. J., de Wit, M. K., & Cook, J. K. A. (2021). Infectious bronchitis virus types affecting European countries—A review. *Avian Diseases*, 65(4), 643–648. <https://doi.org/10.1637/aviandiseases-D-21-00106>
- El Nemr, A. I., Hamad, R. T., El-Shemy, A. A., Abdelkhalek, A., & Mohamed, M. A. (2025). Pathological, immunohistochemical, and molecular study of avian infectious bronchitis virus in Egypt. *Egyptian Journal of Veterinary Sciences*, 56(1), 79–89. <https://doi.org/10.21608/EJVS.2024.264572.1798>
- Finger, A., Ashash, U., Goldenberg, D., & Raviv, Z. (2024). Lessons learnt on infectious bronchitis virus lineage GI-23. *Avian Pathology*, 54(1), 27–39. <https://doi.org/10.1080/03079457.2024.2398030>
- Gallardo, R. A. (2021). Infectious bronchitis virus variants in chickens: evolution, surveillance, control and prevention. *Austral journal of veterinary sciences*, 53 (1), 55-62. <http://dx.doi.org/10.4067/S0719-81322021000100055>
- Ghetas, A. M., Bosila, M. A., Rabie, N. S., & Abdelbaki, M. M. (2025). The effect of infectious bronchitis virus vaccine on pathogenicity of avian pathogenic *E. coli* in broiler chickens. *Egyptian Journal of Veterinary Sciences*, 56(5), 1053–1060. <https://doi.org/10.21608/EJVS.2024.278543.1952>
- Gong, H., Ni, R., Qiu, R., Wang, F., Yan, W., Wang, K., Li, H., Fu, X., Chen, L., Lei, C., Wang, H.-N., & Yang, X. (2022). Evaluation of a novel recombinant strain of infectious bronchitis virus emerged from three attenuated live vaccine strains. *Microbial Pathogenesis*, 164, 105437. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2022.105437>
- Hewson, K. A., Ignjatovic, J., Browning, G. F., Devlin, J. M., & Noormohammadi, A. H. (2011). Infectious bronchitis viruses with naturally occurring genomic rearrangement and gene deletion. *Archives of virology*, 156(2), 245–252. <https://doi.org/10.1007/s00705-010-0850-6>
- Hewson, K. A., Noormohammadi, A. H., Devlin, J. M., Browning, G. F., Schultz, B. K., & Ignjatovic, J. (2014). Evaluation of a novel strain of infectious bronchitis virus emerged as a result of spike gene recombination between two highly diverged parent strains. *Avian Pathology*, 43(3), 249-257.
- Hoerr, F. J. (2021). The pathology of infectious bronchitis. *Avian diseases*, 65 (4), 598-609. <https://doi.org/10.1637/aviandiseases-D-21-00096>
- Houta, M. H., Hassan, K. E., El-Sawah, A. A., Elkady M. F., Kilany W. H., Ali. A., & Abdel-Moneim A. S. (2021). The emergence, evolution and spread of infectious bronchitis virus genotype GI-23. *Archives of Virology*, 166(1), 9–26. <https://doi.org/10.1007/s00705-020-04920-z>
- Huelsenbeck J. P., & Rannala B. (2004). Frequentist properties of bayesian posterior probabilities of phylogenetic trees under simple and complex substitution models, *Systematic Biology*, 53(6), 904–913. <https://doi.org/10.1080/10635150490522629>
- Infectious Bronchitis disease: serotypes & protectotypes IB. (n.d.). *Infectious-Bronchitis.com*. Retrieved [27.02.2025], from
- Infectious Bronchitis disease: variants in Europe. (n.d.). *Infectious-Bronchitis.com*. Retrieved [27.02.2025], from
- Ishag, H. Z. A., Terab, A. M. A., Osman, E. M. A., El Tigani-Asil, E. A., Albreiki, M. S., Bensalah, O. K., Shah, A. A. M., & Khalafalla, A. I. (2025). Clinical, pathological, and genotypic analysis of infectious bronchitis virus in broiler chickens in the Abu Dhabi Emirate, United Arab Emirates. *Frontiers in Veterinary Science*, 11(2024). <https://doi.org/10.3389/fvets.2024.1474181>
- Jackwood, M. W., & Jordan, B. J. (2021). Molecular evolution of infectious bronchitis virus and the emergence of variant viruses circulating in the United States. *Avian Diseases*, 65(4), 631-636. <https://doi.org/10.1637/aviandiseases-D-21-00104>
- Jackwood, M. W., Hall, D., & Handel, A. (2012). Molecular evolution and emergence of avian gammacoronaviruses. *Infection, Genetics and Evolution*, 12(6), 1305-1311. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2012.05.003>
- Jackwood, M.W., & De Wit, S. (2020). Infectious bronchitis. *Diseases of poultry*, 167-188. <https://doi.org/10.1002/9781119371199.ch4>
- Jung, J. S., Lee, R., Yoon, S., Lee G., Sung H. W., Kwon H. M., & Park L. (2022). Genetic and immunological characterization of commercial infectious bronchitis virus vaccines used in Korea. *Archives of Virology*, 167, 2123–2132. <https://doi.org/10.1007/s00705-022-05519-2>
- Kilany, W. H., Zain El-Abideen, M. A., Hisham, I., Van Gaver, D., Makahleh, A., Christiaens, I., Vlerick, L., & Elkady, M. F. (2025) Laboratory safety and immunogenicity evaluation of live attenuated avian infectious bronchitis GI-23 virus vaccine. *Vaccine*, 45, 126659. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2024.126659>

- Kim, J.-Y., Le, H. D., Thai, T. N., Kim, J.-K., Song, H.-S., Her, M., & Kim, H.-R. (2025). Revealing a novel GI-19 lineage infectious bronchitis virus sub-genotype with multiple recombinations in South Korea using whole-genome sequencing. *Infection, Genetics and Evolution*, 128, 105717. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2025.105717>
- Legnardi, M., Poletto, F., Franzo, G., Harper, V., Bianco, L., Andolfatto, C., Blanco, A., Biarnés, M., Ramon, L., Cecchinato, M., & Tucciarone, C. M. (2024). Validation of an infectious bronchitis virus GVIII-specific RT-PCR assay and first detection of IB80-like strains (lineage GVIII-2) in Italy. *Frontiers in Veterinary Science*, 11, 1514760. <https://doi.org/10.3389/fvets.2024.1514760>
- Legnardi, M., Tucciarone, C. M., Franzo, G., & Cecchinato M. (2020). Infectious bronchitis virus evolution, diagnosis and control. *Veterinary Sciences*, 7 (2), 79. <https://doi.org/10.3390/vetsci7020079>
- Li, S., Chen, W., Shen, Y., Xia, J., Fan, S., Li, N., Luo, Y., Han, X., Cui, M., Zhao, Y., & Huang, Y. (2022). Molecular characterization of infectious bronchitis virus in Southwestern China for the protective efficacy evaluation of four live vaccine strains. *Vaccine*, 40(2), 255-265. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2021.11.072>
- Lin S., & Chen H. (2017). Infectious bronchitis virus variants: molecular analysis and pathogenicity investigation. *International Journal of Molecular Sciences*, 18 (10), 2030. <https://doi.org/10.3390/ijms18102030>
- Mendoza-González, L., Marandino, A., Panzera, Y., Tomás, G., Williman, J., Techera, C., Gayosso-Vázquez A., Ramírez-Andoney V., Alonso-Morales R., Realpe-Quintero M., & Pérez R. (2022). Research Note: High genetic diversity of infectious bronchitis virus from Mexico. *Poultry Science*, 101, 102076. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2022.102076>
- Meng, X., Zhang, J., Wan, Z., Li, T., Xie, Q., Qin, A., Shao, H., Zhang, H., & Ye, J. (2024). Molecular epidemiology of infectious bronchitis virus in eastern and southern China during 2021–2023. *Poultry Science*, 103(8), 103939. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.103939>
- Peng, S., Wang, Y., Zhang, Y., Song, X., Zou, Y., Li, L., Zhao, X., & Yin, Z. (2022). Current knowledge on infectious bronchitis virus non-structural proteins: the bearer for achieving immune evasion function. *Frontiers Veterinary Science*, 9, 820625. <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.820625>
- Pereira, N. A., Alessi, A. C., Montassier, H. J., Pereira R. J. G., Taniwaki S.A., Botosso V.F., Rui B. R., & Richtzenhain L. J. (2019). Gonadal pathogenicity of an infectious bronchitis virus strain from the Massachusetts genotype. *Brazilian Journal of Microbiology*, 50, 313–320. <https://doi.org/10.1007/s42770-018-0007-4>
- Petzoldt, D., Vogel, N., Bielenberg, W., Haneke, J., Bischoff, H., Liman, M., Rönchen, S., Behr, K.-P., & Menke, T. (2022). IB80—A novel infectious bronchitis virus genotype (GVIII). *Avian Diseases*, 66(3), 291–298. <https://doi.org/10.1637/aviandiseases-D-22-00020>
- Rafique, S., Jabeen, Z., Pervaiz, T., Rashid, F., Luo S., Xie, L. & Xie, Z. (2024). Avian infectious bronchitis virus (AIBV) review by continent. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 14, 1325346. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2024.1325346>
- Rautenschlein, S., & Philipp, H-C. (2021). Infektiöse Bronchitis: 80 Jahre Bekämpfungsanstrengungen zur Kontrolle einer Coronavirus-Infektion beim Geflügel. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift*, 134, 1-8.
- Sadeghi, M., Banakar, A., Minaei, S., Orooji, M., Shoushtari, A., & Li, G. (2023). Early detection of avian diseases based on thermography and artificial intelligence. *Animals: an open access journal from MDPI*, 13(14), 2348. <https://doi.org/10.3390/ani13142348>
- Seger, W., GhalyanchiLangeroudi, A., Karimi, V., Madadgar O., Marandi M. V., & Hashemzadeh M. (2016). Genotyping of infectious bronchitis viruses from broiler farms in Iraq during 2014-2015. *Archives of Virology*, 161, 1229–1237. <https://doi.org/10.1007/s00705-016-2790-2>
- Shah, A. U., Peddireddi, L., Wood, B., & Hemida, M. G. (2025). Some novel field isolates belonging to lineage-1 of the genotype GI-avian infectious bronchitis virus (AIBV) show strong evidence of recombination with field/vaccinal strains. *Infection, Genetics and Evolution*, 129, 105723. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2025.105723>
- Shen, Y., Li, W., Xia, J., Du, J., Li, S., Chen, W., Cui, M., Han, X., & Huang, Y. (2021). Research note: Effects of Escherichia coli co-infection on the protective efficacy assessment of two common infectious bronchitis vaccines. *Poultry Science*, 100 (9), 101324. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2021.101324>
- Soltis P. S., & Soltis D. E. (2003). Applying the bootstrap in phylogeny reconstruction. *Statistical Science*, 18(2), 256-267. <https://doi.org/10.1214/ss/1063994980>

- Tegegne, D., Deneke, Y., Sori, T., Abdurahaman, M., Kebede, N., Cecchinato, M., & Franzo, G. (2020). Molecular epidemiology and genotyping of infectious bronchitis virus and avian metapneumovirus in backyard and commercial chickens in jimma zone, southwestern Ethiopia. *Veterinary Sciences*, 7(4), 187. <https://doi.org/10.3390/vetsci7040187>
- Valastro, V., Holmes, E. C., Britton, P., Fusaro, A., Jackwood, M. W., Cattoli, G., & Monne, I. (2016). S1 gene-based phylogeny of infectious bronchitis virus: An attempt to harmonize virus classification. *Infection, Genetics and Evolution*, 39, 349–364. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2016.02.015>
- Yan, S., Chen, Y., Zhao, J., Xu, G., Zhao, Y. & Zhang, G. (2016). Pathogenicity of a TW-Like strain of infectious bronchitis virus and evaluation of the protection induced against it by a QX-Like strain. *Frontiers in Microbiology*, 7, 1653. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01653>
- Zhao, C., Yuan, C., Zhao, Q., Xia, A., Dong, Y., Xu, S., Chen, S., Yuan, Y., & Wang, Y. (2025). Research note: Establishment of a multiplex PCR detection system for different infectious bronchitis virus strain genotypes in laying hens. *Poultry Science*, 104(1), 104638. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104638>
- Zhao, J., Zhao, Y., & Zhang, G. (2023). Key aspects of coronavirus avian infectious bronchitis virus. *Pathogens*, 12(5), 698. <https://doi.org/10.3390/pathogens12050698>
- Гавриленко О. С. (2015). Обґрунтування доцільності специфічної профілактики інфекційного бронхіту курей. *Вісник Полтавської державної аграрної академії*, (4), 76-80.
- Масюк, Д. М., Василенко, Т. О., Кокарев, А. В., Густова, Ю. В., & Гаман, О. С. (2018). Інфекційний бронхіт курей: огляд епізоотичної ситуації та сучасні тенденції в діагностиці. *Здоров'я*, 10, 10–13.
- Нечипуренко О. О., Іващенко О.А., Гаташ С.І., Шаргородський К.В., & Єкімова М.О. (2024). Епізоотична ситуація щодо вірусу інфекційного бронхіту курей та бактеріальна коінфекція. *Сучасне птахівництво*, (3-4) 8-11. <https://dx.doi.org/10.31548/poultry2024.03-04.006>
- Пархоменко Л. І., & Жуковська А. В. (2023). Актуальність моніторингу коронавірусної інфекції птиці в Україні. *International scientific conference* 80-84. <https://doi.org/10.30525/978-9934-26-387-3-21>