

4. За результатами молекулярно-генетичних досліджень встановлено, що штам НХ/курка/Івано-Франківськ/58/2007 належить до 5d-геногрупи та найбільш споріднений з вірусом TW156/99, ізольованим у 1999 р. від голубів у Великобританії.

5. Таким чином за біологічними, молекулярно-генетичними властивостями вірус НХ/курка/Івано-Франківськ/58/2007 є перспективним та може бути використаний в якості контрольного епізоотичного штаму при вивченні імуногенності вакцин проти ньюкаслської хвороби.

Список літератури

1. Alexander, D.J. Newcastle disease and other Paramyxoviridae infections [Text]: Diseases of Poultry / Ed.B.W. Calnek et al. - 10-th Ed. - Iova: Iova Stat University Press. - 1997. - P. 541-569. 2. Alexander, D.J. Newcastle disease and other Paramyxoviridae infections [Text] / D.J. Alexander // Rev. Sci. Tech. Off. Int. Epiz. - 2000. - Vol. 19, № 2. - P.443-456. 3. Spradbrow, P.B. Geographical distribution [Text]: Newcastle disease / Ed. D.J.Alexander.- Boston: Kluwer Academic Publishers. - 1988. - P.247-255 4. OIE Manual for Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals [Електр. ресурс] / Спосіб доступу: <http://www.oie.int>. - Заголовок з екрану

BIOLOGICAL, MOLECULAR-GENETIC AND MORPHOLOGICAL PROPERTIES OF NEW EPIZOOTIC STRAIN OF NEWCASTLE DISEASE VIRUS ND/CHICKEN/IVANO-FRANKIVSK/58/2007

Muzyka D.V., Stegnyy A.B., Gerilovych A.P., Stegnyy M.Yu., Rula O.M., Zandaryan S.Yu.

National Scientific Center "Institute of Experimental and Clinical Veterinary Medicine", Kharkiv

Results of investigations of biological properties of velogenic strain of Newcastle disease virus, isolated from chicken are presented in the article. Ultra structure of virus, basic morphological features are studied, index of intracerebral pathogenicity is determined. There were defined the pathogenicity by mean time of CE death and pathogenicity for adults. Clinical signs and pathologic-anatomic changes are studied. There are carried out molecular-genetic investigations and sequencing of virus genome, determined its topography and origin. By the results of investigations there was determined the ability of this virus using as control epizootic strain for checking of immunogenicity of inactivated and live vaccine against Newcastle disease.

УДК 619:578.2:636.4

СУЧАСНІ МЕТОДИ ІНДИКАЦІЇ ТА ІДЕНТИФІКАЦІЇ ЦИРКОВІРУСУ СВИНЕЙ II ТИПУ

Рудова Н.Г.¹

Національний науковий центр «Інститут експериментальної і клінічної ветеринарної медицини», м. Харків

У зв'язку зі змінами у тваринництві та новими особливостями міжгосподарських зв'язків, що створюються під впливом нових антропогенних та екологічних факторів, великого значення набувають захворювання, які раніше не реєструвалися на території України. Особливо значущою проблемою сучасного свинарства стала цирковірусна інфекція (ЦВІС).

Захворювання свиней, спричинені цирковірусами, особливо синдром післявідлучного мультисистемного виснаження (СПМВ), завдають значних збитків свинарству за рахунок зниження харчової конверсії, збільшення витрат на організацію лікувально-оздоровчих заходів при ЦВІС та вторинних інфекціях на фоні імуносупресії, що нею викликаються [1]. Так, в країнах ЄС, втрати від СПМВ оцінюються в 600 млн євро [2].

Захворювання вперше було зареєстровано в 1991 р. на Заході Канади, однак деякі науковці вважають, що воно існувало значно раніше, але його виявлення унеможливалось за відсутності відповідної бази діагностичних досліджень [3].

Збудник синдрому належить до ДНК-вміщуючих вірусів родини *Circoviridae*, роду *Circovirus*. Дослідивши геноми цирковірусів і рослинних нановірусів, Gibbs M. G. і Weiller F. W. [4] дійшли висновку, що цирковіруси походять від рослинного нановірусу, який за рахунок трафіку змінив хазяїна. Існує два серотипи вірусу: цирковірус свиней I типу (ЦВС-I) та цирковірус свиней II типу (ЦВС-II). Між ними є принципова відмінність. ЦВС-I є контамінантом клітинних культур та цілком апатогенний для свиней, хоча добре розмножується в їх організмі після штучного інфікування. На відміну від ЦВС-I, цирковірус свиней II типу патогенний і розглядається, як етіологічний агент декількох синдромів: дерматиту і нефропатії, комплексу респіраторних захворювань, порушень репродукції свиноматок, уроджених треморів та синдрому післявідлучного мультисистемного виснаження. Крім того, цілком ймовірно, що ЦВС-II може зумовлювати розвиток грануломатозного ентериту, некротизуючого лімфоаденіту і, можливо, ексудативного епідерматиту [5].

Геном цирковірусів свиней представлений одноланцюговою кільцевою молекулою ДНК, довжина якої складає 1759 нуклеотидних залишків (н.з.) у ЦВС-I і 1768 н.з. у ЦВС-II. Гомологічність повної послідовності ДНК між ЦВС-I та ЦВС-II складає 68-76 % [8, 13]. Всі виділені в різних країнах світу штами ЦВС-II демонструють антигенну та генетичну спорідненість (геномна гомологія не менше 95 %) [5].

Ефективність виявлення вірусноносіїв та контроль захворювання ґрунтується на своєчасній та надійній діагностиці хвороби. Вона передбачає комплексне та комбіноване оцінювання результатів клінічних спостережень, даних патологоанатомічних експертних та лабораторних тестувань, які відіграють ключову роль у встановленні діагнозу на ЦВІС. Ізоляція вірусу здійснюється шляхом зараження культури клітин РК-15, вільних від ЦВС-I, гомогенатом клінічного матеріалу від уражених свиней. Зважаючи на відсутність цитопатогенної дії цирковірусів у культурі клітин, цей метод зовсім не придатний для швидкого встановлення діагнозу, проте культуральний метод є важливою складовою біотехнології виготовлення вакцинних препаратів проти ЦВІС [6].

Незважаючи на те, що ЦВС-II може індукувати гуморальну імунну відповідь, серологічні тести мають обмежену діагностичну цінність, оскільки антитіла можуть спостерігатись також у крові клінічно здорових тварин. З іншого боку, визначення рівня антитіл, специфічних до ЦВС-II, є необхідним для дослідження патогенезу захворювання, особливостей епізоотологічного процесу та оцінки ефективності застосування вакцин [7].

З цієї причини до лабораторної практики доцільно залучати технології, які дозволяють встановлювати кореляцію між присутністю вірусу та наявністю специфічних ушкоджень в органах і тканинах. На думку багатьох науковців, такі дослідження повинні базуватись на імуногістохімічних методах та гібридизації *in situ*, але не серологічних дослідженнях, адже вірусноносійство ЦВС-II є поширеним явищем і серед здорових тварин [8].

¹ Науковий керівник – Красніков Г.А., д-р вет.наук, професор, академік НААН України

Хоча зазначені методи достатньо чутливі та специфічні, вони можуть бути виконані лише на зразках некропатів і відрізняються значною трудомісткістю. У зв'язку з цим альтернативою їм складає полімеразна ланцюгова реакція (ПЛР), яка може бути застосована для виявлення ДНК ЦВС-II у зразках тканин, а також біологічних рідин та екскретах організму таких як кров, сеча, носові, очні та тонзиллярні мазки, фекалії та сім'яна рідина [9].

Quardani M. та ін. [10] вважають, що одноступенева ПЛР придатна для ідентифікації ЦВС-позитивних клінічних проб, але цей тест не придатний для диференціації серотипів ЦВС.

Zong-zhao Y. та ін. [11] за допомогою методики ПЛР у режимі реального часу дослідили 80 клінічних проб, відібраних від 40 свиней з ознаками СПМВ і 40 клінічно здорових свиней, та порівняли результати досліджень з даними, отриманими за допомогою традиційної ПЛР. Генетичний матеріал ЦВС-II був виявлений у 56 з 80 проб з застосуванням традиційної ПЛР, тоді як в *real-time* ПЛР позитивними виявилися 68 зразків, що свідчило про вищу чутливість останнього методу.

McIntosh, K. A. та ін. [12] був запропонований метод конкурентної ПЛР для визначення цирковірусу свиней у пробах крові поросят. За результатами досліджень з використанням зазначеного тесту було встановлено, що кров більше ніж 50 % клінічно здорових поросят містила обидва типи цирковірусу свиней. При цьому, в той час, як ЦВС-I був виявлений лише у 19 % свиней з СПМВ, ДНК ЦВС-II детектували у крові всіх хворих свиней, що свідчить про основну роль останнього у виникненні та розвитку захворювання.

Celer V. і Carasova P. [13] в своїх дослідженнях застосували *seminested*-ПЛР. За результатами досліджень, з 77 проб пахвинних лімфатичних вузлів і назальних мазків 37 зразків були визначені як позитивні в першому циклі, а за реампліфікацією додатково виявлено сліди ДНК ЦВС-II ще в трьох пробах, які первісно були визначені як негативні.

Полімеразна ланцюгова реакція може бути застосована для виявлення ДНК ЦВС-II у фіксованих формаліном і залитих парафіном тканинах, які мають характерні для ЦВС-II гістоморфологічні зміни. У порівнянні з існуючими методами ідентифікації ЦВС-II ПЛР-ампліфікація вірусної послідовності в клінічних матеріалах це легкий і чутливий метод, який дозволяє зручно і надійно встановлювати наявність ЦВС-II в зразках [14].

Результати досліджень, отримані Calsamiglia M. [15], свідчать про те, що найбільш чутливою була детекція ЦВС-II при вивченні у ПЛР поверхневих пахвинних лімфатичних вузлів. У 11 з 62 зразків, що мали ураження характерні для СПМВ та були негативними за гібридизацією *in situ* щодо ЦВС-II, присутність вірусу було встановлено у ПЛР. У зв'язку з тим, що за чутливістю ПЛР значно переважає гібридизацію *in situ*, ЦВС-II ампліфікаційними методами виявляють на ранніх стадіях інфекційного процесу ще задовго до розвитку мікроуражень. Щойно інфіковані свині, субклінічно хворі або тварини на різних стадіях одужання після випадків СПМВ мають переважно незначні або нетипові мікроскопічні зміни. Отже ПЛР є більш чутливим тестом при ранній діагностиці ЦВС-II. Застосування гібридизації *in situ* виправдане при дослідженні матеріалів від клінічно хворих тварин на СПМВ [16].

Kim J. та Chae S. [17] порівняли методи *multiplex*-традиційної та *multiplex-nested* ПЛР з методом гібридизації *in situ* щодо їх спроможності одночасно виявляти та диференціювати генетичний матеріал цирковірусів свиней обох типів і парвовірусу свиней у тканинах, фіксованих формаліном та залитих парафіном. Виявлення ДНК ЦВС-I, ЦВС-II та ПВС проводили в нативних тканинах лімфатичних вузлів 12 експериментально інфікованих поросят, а також у фіксованих формаліном і залитих парафіном тканинах лімфатичних вузлів 30 поросят, що були інфіковані в природних умовах. За результатами досліджень, відповідність між показниками методів досягала майже 100 % в обох групах свиней.

Kim J. та Chae S. [18] запропонували методику подвійної гібридизації *in situ* для одночасного виявлення і диференціації ЦВС-I і ЦВС-II у архівних зразках тканин, що дозволило встановити локалізацію вірусу в макрофагах і гігантських багатоядерних клітинах лімфовузлів і селезінки.

Дослідження цих же авторів [19] свідчили про те, що чутливість гібридизації *in situ* залежить від використовуваних гібридизаційних зондів. Так, застосування РНК-зондів дає більше позитивних результатів ніж гібридизація з ДНК-зондами, але потребує особливих умов проведення реакції, порушення яких призводить до хибнонегативних результатів. У зв'язку з тим, що ЦВС є одноланцюговим ДНК-вміщуючим вірусом, серед описаних в літературі протоколів найбільше базується на застосуванні в ДНК-зондів.

Nawagitgul P. та ін. [20] для моніторингу ЦВС-II і виявлення специфічних антитіл застосували і порівняли між собою дві модифікації методу ELISA з реакцією непрямой імуофлуоресценції. За даними авторів, чутливість, специфічність і точність цих методів приблизно були однаковими та знаходилися в межах 90 %.

У дослідженнях McNeilly F. та ін. [21] встановили перспективність застосування моноклональних і поліклональних антитіл до ЦВС-II, які не дають перехресної реакції з ЦВС-I при дослідженні імуногістохімічним методом. При порівнянні цього методу з методикою гібридизації *in situ*, імуногістохімічний тест виявився більш чутливим.

Lipri A. та ін. [22] запропонували використовувати імуноцитохімічний метод як доповнюючий в діагностиці СПМВ. На думку дослідників, цей цитологічний метод є більш швидким і значно простішим порівняно з традиційними гістологічними дослідженнями та може застосовуватись для диференційної діагностики аденопатій, встановлення співвідношення реактивної гіперплазії та запалення в лімфатичних вузлах. Імуноцитохімічне дослідження автори пропонують використовувати для виявлення вірусного антигену з метою підтвердження ефективності інфікування клітинних культур при діагностиці СПМВ.

Для визначення генетичної спорідненості всіх виділених ізолятів ЦВС-II науковцями розроблено і впроваджено ряд методик з дослідження ДНК збудника за секвенуванням, яке надає змогу встановлювати нуклеотидні послідовності вірусу.

Дослідження з порівняння цих послідовностей, проведені Mankertz A. та ін. [23], свідчать про тісний зв'язок ізолятів ЦВС-II із господарств Німеччини, Іспанії, Франції, двох ізолятів з Тайваню та трьох ізолятів з Канади в той час, як інші північноамериканські ізоляти формують окрему другу групу.

Fenauх M. та ін. [24], досліджуючи ступінь гетерогенної спорідненості шести ізолятів ЦВС-II з різних регіонів Північної Америки, встановили, що хоча геном ЦВС-II в цілому був стабільним, він дещо розрізнявся у вірусів з деяких географічних регіонів.

Результати досліджень голландських штамів ЦВС-II, отриманих Grierson S. S. та ін. [25], свідчать про згурпованість ізолятів з тотожністю між ними приблизно 95,6 – 100 %.

Філогенетичний аналіз геномів шести ізолятів ЦВС-II, проведений Dan A. та ін. [26] в Угорщині свідчить про те, що цирковірус угорських свиней є більш розрізненим, ніж у тварин європейських країн. За результатами досліджень встановлено, що з шести угорських ізолятів –2 формують окрему групу з ізолятами Іспанії, 2 – з ізолятами Франції, Великобританії і Голландії в той час, як ще два ізоляти показали тісний зв'язок з двома із трьох відомих німецьких ізолятів ЦВС-II.

Висновок. Проведений огляд сучасної літератури щодо стану і напрямків перспективних досліджень ЦВІС свідчить про істотний прогрес у цій галузі досліджень за кордоном та велику потребу в створенні ефективних засобів і способів діагностики та організації заходів боротьби з цією мало дослідженою хворобою в Україні. Серед існуючих методів індикації та ідентифікації ЦВІС-II найбільш придатними для встановлення діагнозу на СПМВ є різні модифікації ПЛР, імуногістохімія та гібридизація *in situ*. Перевагою ПЛР є швидкість, висока чутливість і специфічність методу виділення вірусу, тому що для діагностування не потрібне збереження цілісності структур збудника та його біологічної активності. Імуногістохімія та гібридизація *in situ* дозволяють встановити локалізацію ЦВІС-II в інфікованих тканинах або клітинах. Водночас, особливість цирковірусної інфекції полягає в тому, що виявлення вірусної ДНК без застосування інших методів діагностики може дати хибнопозитивний результат, тому що виявлення ЦВІС-II може свідчити лише про наявність збудника, проте ніяк не діагностує саме захворювання на СПМВ. В зв'язку з цим, для встановлення діагнозу на СПМВ рекомендується комбінувати метод ПЛР з іншими методами діагностики – імуногістохімією або гібридизацією *in situ*. Незважаючи на те, що застосування цих методів діагностики набуває все більшого значення в світовій практиці, в Україні їх майже не використовують внаслідок відсутності адаптованих протоколів та комерційних наборів.

З метою подолання браку засобів діагностики ЦВІС в нашій країні слід проводити розробку методик гібридизації *in situ* та диференційної ПЛР для ідентифікації окремих серо- та генотипів збудника з використанням власних науково-дослідних, лабораторних та біопромислових баз, що є перспективним вектором для нашої подальшої роботи.

Список літератури

1. Segales, J. Immunosuppression in postweaning multisystemic wasting syndrome affected pigs [Text] / Joaquim Segales a, Mariano Domingoa, Francesca Chianini a, Natalia Majoa, Javier Dom.эnguez b, Laila Darwich a, Enric Mateu a // *Veterinary Microbiology*. – 2004. – №98. – P. 151-158.
2. Гречухин, А.Н. Особенности проявления цирковиральной инфекции свиней и ее специфическая профилактика [Текст] / А.Н. Гречухин // *Ветеринария Кубани*. – 2010. – №1.
3. Нова цирковірусна хвороба відлучених поросят [Текст] // *Здоров'я тварин і ліки*. – 2009. – №10. – С. 21.
4. Gibbs, M.J. Evidence that a plant virus switched hosts to infect a vertebrate and then recombined with a vertebrate-infecting virus [Text] / Mark J. Gibbs, G.F. Weiller // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. – 1999. – Vol.96. – P. 8022-8027.
5. Chae, C. A review of porcine circovirus 2-associated syndromes and diseases /C. Chae // *The Veterinary Journal*. – 2005. – Vol.169. – P. 326-336.
6. Morozov, I. Detection of a novel strain of porcine circovirus in pigs with postweaning multisystemic wasting syndrome[Text] / Morozov, I.; Sirinarumit, T.; Sorden, S. D.; Halbur, P. G.; Morgan, M. K.; Yoon KyoungJin, and Paul, P. // *Journal of Clinical Microbiology*. – 1998. – №36(9). – P. 2535-2541.
7. Carasova, P. The levels of PCV2 specific antibodies and viremia in pigs [Text] / P. Carasova, V. Celer, K. Takacova, M. Trundova, D. Molinkova, D. Lobova, J. Smola// *Research in Veterinary Science*. – 2007. – Vol. 83. – P. 274-278.
8. Chae, C. Postweaning multisystemic wasting syndrome: a review of aetiology, diagnosis and pathology [Text] /C. Chae // *The Veterinary Journal*. – 2004. – № 168. – P. 41-49.
9. Caprioli, A. PCR detection of porcine circovirus type 2 (PCV2) DNA in blood, tonsillar and faecal swabs from experimentally infected pigs [Text] / A. Caprioli a, F. McNeilly b, I. McNair b, P. Lagan-Tregaskis b, J. Ellis c, S. Krakowka d, J. McKillen b, F. Ostanello a, G. Allan b// *Research in Veterinary Science*. – 2006. – № 81. – P. 287-292.
10. Ouardani, M. Multiplex PCR for detection and typing of porcine circoviruses. [Text] /M. Ouardani, L. Wilson, R. Jette, C. Montpetit, S. Dea// *Journal of Clinical Microbiology*. – 1999. – №37. – P. 3917-3924.
11. Yang, Z. Detection of PCV2 DNA by SYBR Green I-based quantitative PCR [Text] / Yang Zong-zhao, Habib Mudasser, Shuai Jiang-bing, Fang Wei-huan// *J Zhejiang Univ Sci B*. – 2007. – № 8(3). – P. 162-169.
12. McIntosh, K.A. Quantitative polymerase chain reaction for Porcine circovirus-2 in swine feces in a Porcine circovirus disease-affected commercial herd and a nonaffected commercial herd[Text] / Kathleen A. McIntosh, John C.S. Harding, Sarah Parker, Steven Krakowka, Gordon Allan, John A. Ellis// *Can Vet J*. – 2008. – № 49. – P. 1189-1194.
13. Celer, V. First Evidence of Porcine Circovirus Type 2 (PCV-2) Infection of Pigs in the Czech Republic by Semi-Nested PCR [Text] / V.Celer JR, P.Carasova // *J.Vet. Med*. – 2002. – B 49. – P. 155-159.
14. Kim, J., Chae, C. Optimized protocols for the detection of porcine circovirus 2 DNA from formalin-fixed paraffin-embedded tissues using nested polymerase chain reaction and comparison of nested PCR with *in situ* hybridization[Text] /J. Kim, C. Chae // *Journal of Virological Methods*. – 2001. – № 92. – P. 105-111.
15. Calsamiglia, M. Detection of porcine circovirus types 1 and 2 in serum and tissue samples of pigs with and without postweaning multisystemic wasting syndrome[Text] / Calsamiglia, M., Segales, J., Quintana, J., Rosell, C., Domingo, M.// *Journal of Clinical Microbiology*. – 2002. – №40. – P.1848-1850.
16. Sorden, S. D. Update on porcine circovirus and postweaning multisystemic wasting syndrome (PMWS) [Text] /S.D. Sorden// *Swine Health Prod*. – 2000. – №8. – P.133-136.
17. Kim, J., Chae, C. Optimized protocols for the detection of porcine circovirus 2 DNA from formalin-fixed paraffin-embedded tissues using nested polymerase chain reaction and comparison of nested PCR with *in situ* hybridization [Text] / J. Kim, C. Chae // *Journal of Virological Methods*. – 2001. – Vol.92. – P.105-111.
18. Kim, J., Chae, C. Double In Situ Hybridization for Simultaneous Detection and Differentiation of Porcine Circovirus 1 and 2 in Pigs with Postweaning Multisystemic Wasting Syndrome [Text] / J. Kim, C. Chae, // *The Veterinary Journal*. – 2002. – № 164. – P. 247-253.
19. Kim, J., Chae, C. Optimal enhancement of *in situ* hybridization for the detection of porcine circovirus 2 in formalin-fixed, paraffin-wax-embedded tissues using a combined pretreatment of thermocycler and proteinase K [Text] / J. Kim, C. Chae, // *Research in Veterinary Science*. – 2003. – № 74. – P. 235-240.
20. Nawagitgul, P. Modified Indirect Porcine Circovirus (PCV) Type 2-Based and Recombinant Capsid Protein (ORF2)-Based Enzyme-Linked Immunosorbent Assays for Detection of Antibodies to PCV [Text] / Porntippa Nawagitgul, Perry A. Harms, Igor Morozov, Brad J. Thacker, Steven D. Sorden, Chalermpong Lekcharoensuk, Prem S. Paul // *Clinical and diagnostic laboratory immunology*. – 2002. – Vol. 9, No. 1.– P.33-40.
21. McNeilly, F. A comparison of *in situ* hybridization and immunohistochemistry for the detection of a new porcine circovirus in formalin-fixed tissues from pigs with post-weaning multisystemic wasting syndrome (PMWS) [Text] /F. McNeilly a, S. Kennedy a, D. Moffett a, B.M. Meehan a, J.C. Foster a, E.G. Clarke b, J.A. Ellis b, D.M. Haines b, B.M. Adair a, G.M. Allan a// *Journal of Virological Methods*. – 1999. – № 80. – P. 123-128.
22. Luppi, A. Lymph-node cytology and immunocytochemistry in PMWS diagnosis [Text] /A.Luppi, G. Meriardi, P.Bonilauri, M.Dottori, E.Cabassi, A.Corradi// *4th International Symposium on Emerging and Re-emerging Pig Diseases* (Rome June 29th – July 2nd, 2003). – Rome, 2003. – P. 230.
23. Mankertz, A.Characterisation of PCV-2 isolates from Spain, Germany and France[Text] /Annette Mankertz a,Mariano Domingo b, Josep M. Folch c, Pierre LeCann d, Andre. Jestin d, Joaquim Segales b, Barbara Chmielewicz a, Juan Plana-Dura.n e, Dirk Soike f// *Virus Research*. – 2000. – №66. – P.65-77.
24. Fenaux, M. Genetic Characterization of Type 2 Porcine Circovirus (PCV-2) from Pigs with Postweaning Multisystemic Wasting Syndrome in Different Geographic Regions of North America and Development of a Differential PCR-Restriction Fragment Length Polymorphism Assay To Detect and Differentiate between Infections with PCV-1 and PCV-2 [Text] / Martijn Fenaux, Patrick G. Halbur, Mike Gill, Thomas E. Toth, Xiang-Jin Meng// *Journal of clinical microbiology*. – 2000 – Vol. 38, No. 7. – P.2494-2503.
25. Grierson, S.S., King, D.P., Wellenberg, G.J., Banks, M. Genome sequence analysis of 10 Dutch porcine circovirus type 2 (PCV-2) isolates from a PMWS case-control study [Text] / S.S. Grierson a, D.P. King a, G.J. Wellenberg b, M. Banks a// *Research in Veterinary Science*. – 2004. – Vol.77. – P. 265-268.
26. Dón, A. Characterisation of Hungarian porcine circovirus 2 genomes associated with PMWS and PDNS cases[Text] / Б. Dón; Т. Molnár; І. Biksi; R. Glóvits; M. Shaheim; B. Harrach// *Acta Veterinaria Hungarica*. – 2003. – Vol.51, №4. – P.551-562.

MODERN INDICATION AND IDENTIFICATION METHODS OF PORCINE CIRCOVIRUS OF TYPE II

Rudova N.G.

National Scientific Center "Institute of Experimental and Clinical Veterinary Medicine", Kharkiv

Means of modern molecular and genetic detection methods of specific proteins and complementary sequence of nucleic acids by diagnosis and studying of biological characteristics of porcine circovirus of type II are presented on grounds of analysis of current literature, mainly foreign.