

DOI: 10.25205/978-5-4437-1691-6-181

**РЕЗУЛЬТАТЫ ДЕСЯТИЛЕТНЕГО МОНИТОРИНГА ВИРУСА  
БОЛЕЗНИ НЬЮКАСЛА У ДИКИХ ПТИЦ\*****RESULTS OF TEN-YEARS OF MONITORING OF NEWCASTLE DISEASE VIRUS IN WILD BIRDS**

А. А. Дёрко<sup>1</sup>, Н. А. Дубовицкий<sup>1</sup>, А. М. Логинова<sup>1</sup>, А. В. Глущенко<sup>1</sup>,  
Т. А. Мурашкина<sup>1</sup>, А. В. Прокудин<sup>2</sup>, Е. В. Шемякин<sup>3</sup>, М. Р. Кабилов<sup>4</sup>, К. А. Шаршов<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины СО РАН, Новосибирск

<sup>2</sup>Научно-исследовательский институт сельского хозяйства и экологии Арктики СО РАН, Норильск

<sup>3</sup>Институт биологических проблем криолитозоны СО РАН, Якутск

<sup>4</sup>Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, Новосибирск

A. A. Derko<sup>1</sup>, N. A. Dubovitskiy<sup>1</sup>, A. M. Loginova<sup>1</sup>, A. V. Glushchenko<sup>1</sup>, T. A. Murashkina<sup>1</sup>, A. V. Prokudin<sup>2</sup>,  
E. V. Shemyakin<sup>3</sup>, M. R. Kabilov<sup>4</sup>, K. A. Sharshov<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Federal Research Center of Fundamental and Translational Medicine SB RAS, Novosibirsk

<sup>2</sup>Research Institute of Agriculture and Ecology of the Arctic SB RAS, Norilsk

<sup>3</sup>Institute for Biological Problems of Cryolithozone SB RAS, Yakutsk

<sup>4</sup>Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine SB RAS, Novosibirsk

✉ a.derko19@gmail.com

**Аннотация**

Вирус болезни Ньюкасла (ВБН) — это патоген птиц, представляющий угрозу для птицеводства и биоразнообразия видов. В этом исследовании мы сообщаем о результатах десятилетнего мониторинга в популяциях диких птиц нескольких регионов РФ. В результате были получены и охарактеризованы 122 полногеномные последовательности ВБН. 73 изолята принадлежали генетической линии Class I, 49 — Class II. Среди вирусов Class II был обнаружен высокопатогенный изолят генотипа VII.

**Abstract**

Newcastle disease virus (NDV) is an avian pathogen that poses a threat to the poultry farming and species biodiversity. In this study, we report the results of ten-years of monitoring in wild bird populations in several regions of Russia. As a result, 122 whole genome sequences of NDV were obtained and characterized. 73 isolates belonged to the Class I genetic lineage, 49 to Class II. Among Class II viruses, a highly pathogenic isolate of genotype VII was detected.

Вирус болезни Ньюкасла (вид *Orthoavulavirus javaense*, сем. *Paramyxoviridae*; также известный как *Avian paramyxovirus 1* (APMV-1)) вызывает заболевание различной степени тяжести у диких и домашних птиц. За почти столетнюю историю исследований ВБН разные генетические варианты вируса становились причиной 4 пандемий со значительными экономическими последствиями [1]. В последние три десятилетия в России и мире циркулируют несколько патогенных генотипов ВБН, которые, несмотря на обязательную вакцинацию и другие профилактические меры, вызывают вспышки заболевания с высокой смертностью. На данный момент остается неясной картина глобальной циркуляции вируса. Однако предполагают, что разные экологические группы диких птиц могут выступать как в качестве природных резервуаров для некоторых генотипов, так и в качестве звена в передаче патогенных генотипов. Поэтому целью данного исследования является оценка генетического разнообразия и потенциальной патогенности изолятов, полученных от диких птиц нескольких регионов РФ.

Более 8 тысяч клоакальных мазков от различных видов диких птиц были собраны в период с 2013 по 2021 г. в рамках мониторинга вируса гриппа А. Сбор осуществляли на территории 11 регионов России: в Омской, Новосибирской, Амурской и Сахалинской областях, Республиках Тыва, Бурятия, Якутия и Дагестан, в Красноярском, Камчатском и Приморском краях. Также в 2014 г. пробы были собраны в Павлодарской области Республики Казахстан.

Собранные образцы подготавливали для инокуляции в аллантоисную полость развивающихся куриных эмбрионов с использованием стандартных методов [2]. Затем аллантоисная жидкость была проверена на нали-

\* Исследование выполнено при поддержке гранта РФФ (№ 23-44-00026).

чие гемагглютинирующих агентов [3]. Все образцы с гемагглютинирующей активностью были использованы в ПЦР-тестировании для выявления РНК вирусов семейства *Paramyxoviridae* по описанной методике [4]. После чего устанавливали полногеномные последовательности изолятов методом секвенирования нового поколения на платформе MiSeq (Illumina, США), как описано ранее [5]. Филогенетический анализ и сравнительный анализ аминокислотных последовательностей проводили при помощи ПО MEGA X.

В ходе исследования было получено 122 полногеномные последовательности ВБН от диких птиц (отряды *Anseriformes*, *Charadriiformes*, *Galliformes* и *Gruiformes*). В результате филогенетического анализа было установлено, что 73 изолята принадлежали генетической линии Class I, 49 изолятов — генетической линии Class II. Большая часть изолятов ( $n = 121$ ) была представлена низкопатогенными вариантами и содержала сайт расщепления белка F 112-ERQER↓L-117. Пять изолятов, полученные от чаек в 2014 и 2020 г., оказались филогенетически близкими со штаммами субгенотипа I.1.2.1 (генетическая линия Class II, генотип I) и сформировали отдельную кладу на филогенетическом дереве. Ранее эта кллада была представлена тремя штаммами, которые были обнаружены у чаек и околородной птицы того же отряда (отряд *Charadriiformes*) в Швеции в 1994 г., США в 2001 г. и в Японии в 2009 г. Изоляты, полученные в ходе нашего исследования, были выявлены у чаек в Республике Тыва и на полуострове Таймыр. Редкость выявления и широкий географический диапазон может говорить о существовании отдельного субгенотипа, который циркулирует только в популяции чаек, как было показано для двух субтипов по гемагглютинину вируса гриппа А [6, 7].

Среди вирусов Class II был выявлен высокопатогенный изолят с сайтом расщепления 112-RRQKR↓F-117, относящийся к генотипу VII. Об обнаружении вирусов данного генотипа сообщалось по всему миру. В настоящее время генотип VII представлен генетически гетерогенными штаммами с возникающими новыми линиями и обладает наибольшим панзоотическим потенциалом [8]. Данный генотип на территории РФ выявлялся только у домашних птиц [9, 10]. В ходе нашего исследования изолят был получен от фазана (*Phasianus colchicus*) в Республике Дагестан в 2018 г. Интересно, что первые случаи обнаружения вирусов генотипа VII описаны в 1990-х гг. в Китае и выявлены они были также у фазанов (род *Phasianus*).

Обнаруженная нами циркуляция ВБН высокопатогенного генотипа VII в популяциях фазанов может указывать на активную роль диких курообразных (отряд *Galliformes*) в распространении этого вируса.

### Литература

1. Dimitrov K. M. et al. Newcastle disease vaccines — A solved problem or a continuous challenge? // *Veterinary Microbiol.* 2017. Vol. 206. P. 126–136.
2. Avian Influenza — WOAH — World Organisation for Animal Health. URL: <https://www.woah.org/en/disease/avian-influenza/> (accessed: 10.07.2024).
3. Killian M. L. Hemagglutination assay for influenza virus // *Methods Mol. Biol.* 2014. Vol. 1161. P. 3–9.
4. van Boheemen S. et al. A Family-Wide RT-PCR Assay for Detection of Paramyxoviruses and Application to a Large-Scale Surveillance Study // *PLoS ONE* / ed. W. Markotter 2012. Vol. 7, No. 4. P. e34961.
5. Murashkina T. et al. Avian Influenza Virus and Avian Paramyxoviruses in Wild Waterfowl of the Western Coast of the Caspian Sea (2017–2020): 4 // *Viruses. Multidisciplinary Digital Publishing Institute.* 2024. Vol. 16, No. 4. P. 598.
6. Benkaroun J. et al. Analysis of influenza A viruses from gulls: An evaluation of inter-regional movements and interactions with other avian and mammalian influenza A viruses // *Cogent Biology.* 2016. Vol. 2 (1).
7. Huang Y. et al. Perpetuation and reassortment of gull influenza A viruses in Atlantic North America // *Virology.* 2014. Vol. 456–457. P. 353–363.
8. Dimitrov K. M. et al. Temporal, geographic, and host distribution of avian paramyxovirus 1 (Newcastle disease virus) // *Infection, Genetics and Evolution.* 2016. Vol. 39. P. 22–34.
9. Guseva N. A. et al. Analysis of Avian Orthoavulavirus 1 Detected in the Russian Federation between 2017 and 2021: 6 // *Vaccines. Multidisciplinary Digital Publishing Institute.* 2023. Vol. 11, No. 6. P. 1032.
10. Rtishchev A. et al. An Outbreak of Newcastle Disease Virus in the Moscow Region in the Summer of 2022: 6 // *Veterinary Sci. Multidisciplinary Digital Publishing Institute.* 2023. Vol. 10, No. 6. P. 404.