

Оригинальная статья / Original article

УДК 578.4

DOI: 10.18470/1992-1098-2021-3-81-87

Парамиксовирус птиц APMV-4, выделенный от кряквы обыкновенной (*Anas platyrhynchos*, Linnaeus, 1758): первый случай обнаружения в Западном Прикаспии

Анастасия А. Дёрко¹, Никита А. Дубовицкий¹, Татьяна А. Мурашкина¹, Иван А. Соболев¹, Мария В. Соломатина¹, Александр Ю. Алексеев¹, Магомед Г. Магомедов², Junki Mine³, Yuko Uchida³, Takehiko Saito³, Мариам М. Каллаева², Кирилл А. Шаршов¹

¹Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины, Новосибирск, Россия

²Дагестанский государственный медицинский университет, Махачкала, Россия

³Национальный институт здоровья животных, Цукуба, Япония

Контактное лицо

Анастасия А. Дёрко, младший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины; 630117 Россия, г. Новосибирск, ул. Тимакова, 2.

Тел. +79232547996

Email a.dерко19@gmail.com

ORCID <https://orcid.org/0000-0002-5984-0819>

Формат цитирования

Дёрко А.А., Дубовицкий Н.А., Мурашкина Т.А., Соболев И.А., Соломатина М.В., Алексеев А.Ю., Магомедов М.Г., Mine J., Uchida Y., Saito T., Каллаева М.М., Шаршов К.А. Парамиксовирус птиц APMV-4, выделенный от кряквы обыкновенной (*Anas platyrhynchos*, Linnaeus, 1758): первый случай обнаружения в Западном Прикаспии // Юг России: экология, развитие. 2021. Т.16, N 3. С. 81-87. DOI: 10.18470/1992-1098-2021-3-81-87

Получена 2 марта 2021 г.

Прошла рецензирование 23 апреля 2021 г.

Принята 17 мая 2021 г.

Резюме

Цель. Исследовать молекулярно-генетические свойства парамиксовируса птиц 4 (APMV-4), выделенного от кряквы обыкновенной (*Anas platyrhynchos*).

Материалы и методы. В 2018 году в рамках мониторинга вирусов гриппа А был проведён сбор биологического материала от диких птиц на озере Аджи (Папас) в Республике Дагестан. Культивирование вирусов из биологического материала осуществляли в системе развивающихся куриных эмбрионов. Первичное определение гемагглютинирующих агентов в жидкости аллантоисной полости проводили в реакции гемагглютинации. Наличие РНК вируса гриппа А определяли при помощи ПЦР. Для гемагглютинирующих агентов в пробах, в которых не были обнаружены вирусы гриппа А устанавливали полногеномную последовательность ДНК методом массового параллельного секвенирования. Принадлежность полученного штамма APMV-4 к внутривидовым генетическим линиям определяли с помощью филогенетического анализа.

Результаты. Впервые на территории Западного Прикаспия был выявлен вирус APMV-4. Филогенетический анализ полного генома и гена F показал принадлежность штамма APMV4/mallard/Dagestan/92d/2018 к Евразийскому субгенотипу гепотипа I. Анализ аминокислотных замен показал, что сайт расщепления белка слияния является моноосновным и характерен для лентогенных штаммов.

Заключение. В ходе программы мониторинга вирусов гриппа А осенью 2018 года был выделен APMV-4 от кряквы обыкновенной. Наиболее филогенетически близкими оказались штаммы, полученные от двух диких и одной домашней утки из Китая, что может предполагать наличие связи между популяциями птиц Китая и Западного Прикаспия в рамках Западно-Азиатского-Восточно-Африканского пути миграций.

Ключевые слова

Парамиксовирус птиц 4, APMV-4, дикие водоплавающие птицы, Западный Прикаспий.

Avian paramyxovirus 4 isolated from the mallard (*Anas platyrhynchos*, Linnaeus, 1758): the first case detected in the Western Caspian region

Anastasiya A. Derko¹, Nikita A. Dubovitskiy¹, Tatyana A. Murashkina¹, Ivan A. Sobolev¹, Maria V. Solomatina¹, Alexander Yu. Alekseev¹, Magomed G. Magomedov², Junki Mine³, Yuko Uchida³, Takehiko Saito³, Mariam M. Kallaeva² and Kirill A. Sharshov¹

¹Federal Research Centre of Fundamental and Translational Medicine, Novosibirsk, Russia

²Dagestan State Medical University, Makhachkala, Russia

³National Institute of Animal Health, Tsukuba, Ibaraki, Japan

Principal contact

Anastasiya A. Derko, Junior Researcher, Federal Research Centre of Fundamental and Translational Medicine; 2 Timakova St, Novosibirsk, Russia 630117.

Tel. +79232547996

Email a.derko19@gmail.com

ORCID <https://orcid.org/0000-0002-5984-0819>

How to cite this article

Derko A.A., Dubovitskiy N.A., Murashkina T.A., Sobolev I.A., Solomatina M.V., Alekseev A.Yu., Magomedov M.G., Mine J., Uchida Y., Saito T., Kallaeva M.M., Sharshov K.A. Avian paramyxovirus 4 isolated from the mallard (*Anas platyrhynchos*, Linnaeus, 1758): the first case detected in the Western Caspian region. *South of Russia: ecology, development*. 2021, vol. 16, no. 3, pp. 81-87. (In Russian) DOI: 10.18470/1992-1098-2021-3-81-87

Received 2 March 2021

Revised 23 April 2021

Accepted 17 May 2021

Abstract

Aim. The work is aimed at exploring the molecular and genetic properties of avian paramyxovirus 4 (APMV-4) isolated from the mallard duck.

Material and Methods. In 2018, as a part of an influenza A virus surveillance programme, biological samples were collected from wild birds on Lake Adzhi (Papas) in the Republic of Dagestan. The isolation of virus strains from biological samples was performed using 10-day-old special pathogen-free chicken eggs. The primary detection of hemagglutinating agents in the fluid of the allantoic cavity was carried out via hemagglutination assay. The presence of RNA of the influenza A virus was determined using Real Time PCR. Then, for samples negative in PCR for the influenza A virus, the complete genome DNA sequences were established using NGS sequencing. It was determined that the APMV-4 strain obtained belonged to intraspecific genetic lines was determined using phylogenetic analysis.

Results. APMV-4 strain was isolated for the first time in the Western Caspian region. Phylogenetic analysis of the complete genome and gene F showed that the APMV-4/mallard/Dagestan/92d/2018 strain belongs to the Eurasian clade of subgenotypes. Analysis of amino acid substitutions showed that the cleavage site of the fusion protein is monobasic which is characteristic of lentogenic strains.

Conclusion. During the surveillance program for influenza A viruses in autumn 2018, the APMV-4 strain was isolated from the mallard duck. Analysis revealed that the APMV-4 strain was closely phylogenetically related to strains isolated from two wild and one domestic duck from China. This suggests an interconnection between the bird populations in China and the Western Caspian region within the West Asian-East African migration route.

Key Words

APMV-4, AAV-4, complete genome sequence, mallard, wild waterfowl, Western Caspian region.

ВВЕДЕНИЕ

Впервые о парамиксовирусах птиц (APMV) стало известно в 20-х годах прошлого века, когда вирус болезни Ньюкасла (APMV-1) вызвал панзоотию среди домашних птиц. Клиническая картина варьировала от лёгких респираторных и неврологических симптомов до геморрагических поражений кишечника со 100% смертностью [1]. В настоящее время вирус болезни Ньюкасла подлежит ветеринарному контролю в большинстве стран мира и вакцинирование птиц в птицеводческих предприятиях является обязательной процедурой. Всемирная организация здоровья животных (OIE) разработала специальное руководство для диагностики данного заболевания и обеспечения биологической безопасности во время работы с вирусом [2].

Первый случай определения парамиксовируса птиц 4 (APMV-4) был описан в 1975 году. Он был выделен от клинически здоровой утки в Гонконге [3]. Экспериментальное внутривенное и интраназальное инфицирование цыплят не привело к развитию заболевания, но вызвало выработку иммуноглобулинов. В 2008 году при окулоназальном заражении однодневных цыплят штаммом APMV-4 наблюдалась лёгкая диарея, катаральный трахеит и лимфоцитарный панкреатит [4]. Для диких и домашних птиц, находящихся вне исследовательских лабораторий, не было описано каких-либо симптомов при выделении APMV-4.

За последние 30 лет описаны случаи выделения APMV-4 от диких водоплавающих птиц по всему миру. Подавляющее большинство из них связано с программами мониторинга вирусов гриппа А. Несмотря на то, что выделение APMV имеет сопутствующий характер, к настоящему времени накопилась масса сообщений, указывающих на постоянное присутствие авулавирюсов в популяциях диких птиц [5-9]. Исследования, проведённые в 2013-2016 гг. показали, что два штамма APMV-4, обнаруженных у курок на рынке живой птицы в Китае, имели большой процент сходства нуклеотидных последовательностей со штаммом, полученным от дикой утки в Украине, что указывает на возможную передачу вируса между

дикими и домашними птицами [7]. Увеличение количества данных о молекулярно-генетических характеристиках разных штаммов APMV-4 и видовом составе птиц, от которых они были выделены, позволит установить основных хозяев, пути распространения и происхождения парамиксовируса птиц 4.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

Отлов птиц происходил в Дагестане на озере Аджи (Папас) (Каякентский район) осенью 2018 года. Сбор и транспортировку биологического материала птиц (клоакальные мазки) осуществляли согласно руководству Всемирной организации здоровья животных [2]. Культивирование вирусов проводили в системе развивающихся куриных эмбрионов по стандартной методике [10]. Гемагглютинирующие вирусы определяли с помощью реакции гемагглютинации [11].

Выделение нуклеиновых кислот проводили с использованием набора «РИБО-сорб» (ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора). Наличие вирусов гриппа А определяли при помощи ПЦР «в режиме реального времени» с использованием набора реагентов «АмплиСенс Influenza virus A/B-FL» (ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора). Для проб, в которых не было обнаружено вирусов гриппа А устанавливали полногеномную последовательность агглютинирующих вирусов методом секвенирования нового поколения на платформе Miseq (Illumina, США). Для построения филогенетических деревьев полных геномов и гена F, а также для анализа аминокислотных замен использовали программное обеспечение MEGA X [12].

ПОЛУЧЕННЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Осенью 2018 г. было собрано 95 клоакальных мазков от 7 видов диких мигрирующих водоплавающих птиц. Все они относились к двум отрядам: гусеобразные (*Anseriformes*) и журавлеобразные (*Gruiformes*). Самыми представленными оказались два вида — чирок-трескунок (*Anas querquedula*) из семейства утиные (*Anatidae*) и лысуха (*Fulica atra*) из семейства пастушковые (*Rallidae*) (табл. 1).

Таблица 1. Видовой состав выборки диких птиц
Table 1. Species composition of sample of wild birds

Отряд Order	Семейство Family	Вид Species	Количество особей Specimen number	Процент от общего количества Percentage of total
Гусеобразные <i>Anseriformes</i>	Утиные <i>Anatidae</i>	Чирок-трескунок <i>Anas querquedula</i>	37	38,95
		Красноголовый нырок <i>Aythya ferina</i>	10	10,53
		Кряква обыкновенная <i>Anas platyrhynchos</i>	8	8,42
		Серая утка <i>Anas strepera</i>	4	4,21
		Широконоска <i>Anas clypeata</i>	4	4,21
		Лысуха <i>Fulica atra</i>	30	31,58
Журавлеобразные <i>Gruiformes</i>	Пастушковые <i>Rallidae</i>	Камышница <i>Gallinula chloropus</i>	2	2,11
		Итого / Total:	7	95

В результате нашего исследования у диких водоплавающих птиц на территории Республики Дагестан было выделено 6 агглютинирующих вирусов, один из которых принадлежал к парамиксовирусу птиц 4. Это первый случай обнаружения APMV-4 в Западном Прикаспии. Штамм, полученный в нашем исследовании, был выделен от кряквы обыкновенной. Другие агглютинирующие вирусы были выделены от чирка-трескунка. Согласно данным Национального центра биотехнологической информации (NCBI) [13] основная масса штаммов APMV-4 была получена от диких водоплавающих птиц, таких как крякva обыкновенная, серая утка (*Anas strepera*), шилохвость (*Anas acuta*), гуменник (*Anser fabalis*) и сухонос (*Anser cygnoides*). Все виды, представленные в выборке нашего исследования, относятся к мигрирующим птицам. На территории Дагестана проходят Западно-Азиатский-Восточно-Африканский и Центрально-азиатский пролётные пути [14]. Часть Западно-Азиатского-Восточно-Африканского пролётного пути на территории Дагестана протекает через западное побережье Каспийского моря. В данном районе

располагаются водно-болотные угодья, в которых наблюдаются сезонные увеличения численности мигрирующих птиц. В одном из таких водных объектов были собраны пробы для нашего исследования – озеро Аджи (Папас).

APMV-4 – это РНК-содержащий вирус из семейства *Paramyxoviridae* с длиной генома 15054 нуклеотида, который кодирует шесть вирусных белков: N, P, M, F, HN и L. Поверхностные гликопротеины HN и F участвуют в прикреплении и слиянии вируса с цитоплазматической мембраной клетки-хозяина. Аминокислотная последовательность сайта расщепления белка слияния, кодируемая геном F, используется для определения потенциальной вирулентности штаммов авулавирисов [15]. В этом исследовании мы сравнили полногеномные нуклеотидные последовательности и последовательности гена F штамма APMV4/mallard/Dagestan/92d/2018 с другими штаммами APMV-4 (рис. 1) из базы данных GenBank [13].

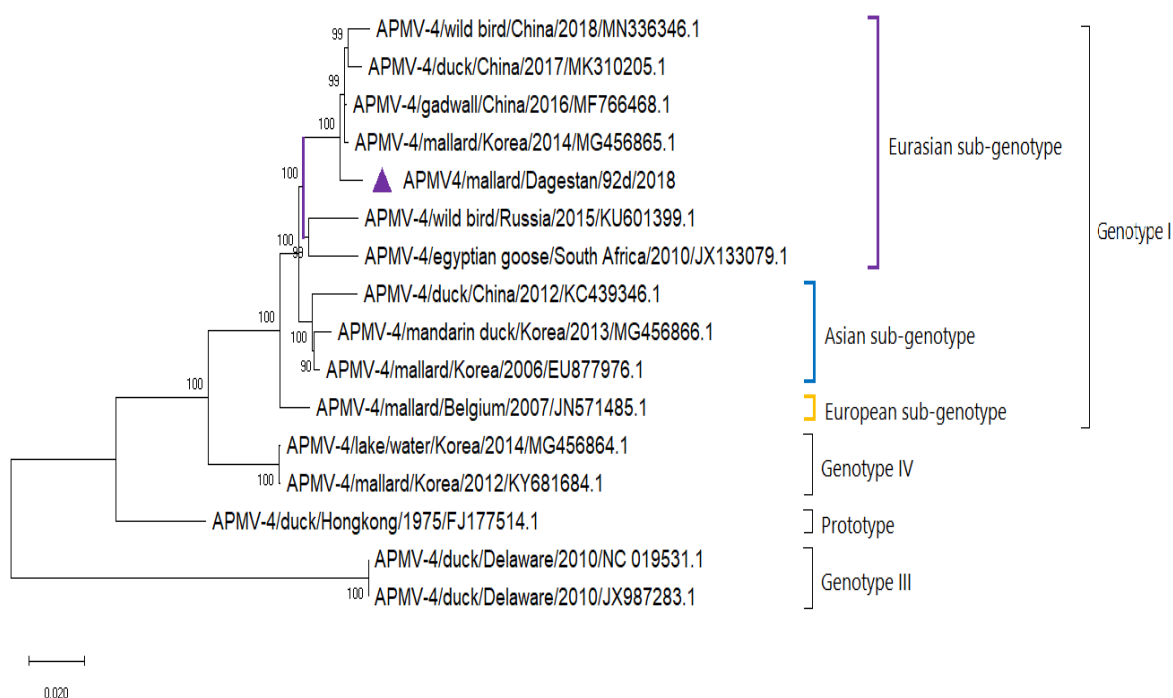


Рисунок 1. Филогенетическое дерево парамиксовируса птиц 4 (APMV-4) (▲ – штамм, полученный в данном исследовании)

Figure 1. Phylogenetic tree of the avian paramyxovirus 4 (APMV-4) (▲ – strain obtained in the course of the study)

В результате филогенетического анализа последовательностей полного генома было установлено, что штамм APMV4/mallard/Dagestan/92d/2018 относится к Евразийскому субгенотипу генотипа I парамиксовируса птиц 4. Аналогичные данные были получены при сравнении нуклеотидных последовательностей гена F (рис. 2).

Филогенетически близкие последовательности гена F принадлежат штаммам, выделенным в Китае. Штаммы из провинции Хубэй были получены в 2015 году от гуменника и сухоноса [7]. Наиболее близкий штамм при сравнении последовательностей гена F был выделен в 2017 году от домашней утки. Исследования,

проведённые ранее в шести провинциях Китая, показали потенциальную возможность передачи APMV-4 между дикими и домашними птицами [7]. При сравнении нуклеотидных последовательностей гена F было обнаружено родство между украинским штаммом, выделенным от кряквы и китайским штаммом, выделенным от куриц (*Gallus domesticus*) на рынке живой птицы [7]. Пути передачи вируса остались неизвестными. Анализ паттерна миграций показал, что популяции птиц Западного Прикаспия и Китая могут быть связаны Западно-Азиатским-Восточно-Африканским пролётным путём, что может объяснить полученные нами данные.

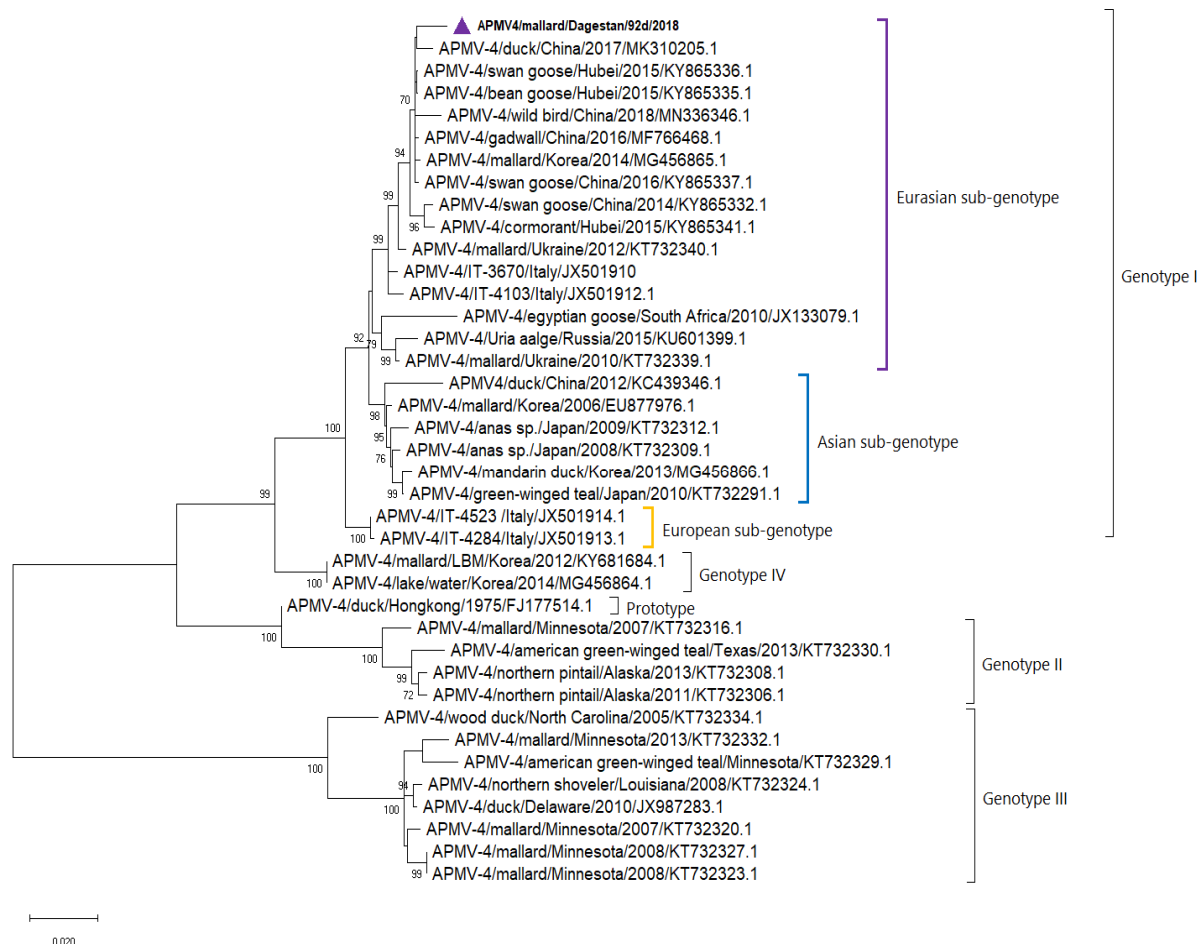


Рисунок 2. Филогенетическое дерево гена F парамиксовируса птиц 4 (APMV-4) (▲ – штамм, полученный в данном исследовании)

Figure 2. Phylogenetic tree of the F gene of the avian paramyxovirus 4 (APMV-4) (▲ – strain obtained in the course of the study)

Анализ аминокислотных замен белка F показал, что сайт расщепления штамма APMV4/mallard/Dagestan/92d/2018 содержит один

остаток аргинина (таб. 2). Моноосновный сайт расщепления является характерной чертой лентогенных штаммов [15].

Таблица 2. Сайт расщепления белка слияния (F)

Table 2. Cleavage site of F protein

Вирус Virus	Сайт расщепления Cleavage site	Номер в базе данных GenBank GenBank accession numbers
APMV-1 (велоогенный штамм) (velogenic strain)	112-R-R-Q-R-R↓F-117	FJ430159
APMV-1 (лентогенный штамм) (lentogenic strain)	112-E-R-Q-E-R↓L-117	MN632514
APMV-4/KR/YJ/06 (лентогенный штамм) (lentogenic strain)	116-D-I-Q-P-R↓F-121	EU877976
APMV4/mallard/Dagestan/92d/2018	116-D-V-Q-P-R↓F-121	MW880773

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В ходе программы мониторинга вирусов гриппа А осенью 2018 года впервые в Западном Прикаспии был выделен парамиксовирус птиц 4 от кряквы обыкновенной. Полученный штамм был занесён в базу данных GenBank под номером MW880773. Филогенетический анализ полного генома и гена F показал принадлежность штамма APMV4/mallard/Dagestan/92d/2018 к Евразийскому

субгенотипу. Нуклеотидная последовательность гена F исследованного штамма оказалась филогенетически связана со штаммом, выделенным от домашней утки в Китае. Наиболее близкими при сравнении полных геномов оказались штаммы, полученные от диких уток в Корее и Китае. Результаты нашего исследования могут предполагать наличие связи между популяциями птиц Китая и Западного Прикаспия в рамках Западно-Азиатского-Восточно-Африканского пути миграций.

БЛАГОДАРНОСТЬ

Работа поддержана грантами РНФ 20-44-07001 «Распространение РНК-вирусов птиц в Северной Азии и Азиатско-Тихоокеанском регионе: генетическое разнообразие, патогенный потенциал и прогнозирование влияния на птицеводство» (лабораторная диагностика, вирусологические эксперименты, сбор материала, анализ) и РФФИ 21-54-53031 «Сравнительный анализ разнообразия микробиома и виромы кишечника у водоплавающих птиц Центрально-Азиатского региона (плато Цинхай и юг Западной Сибири)» (анализ). Также данное исследование частично поддержано проектом JPJ008837 "Commissioned projects for promotion of strategic international collaborative research", финансируемым Министерством сельского, лесного и рыбного хозяйства Японии.

ACKNOWLEDGMENT

This work was supported by grants from the Russian Science Foundation RSF 20-44-07001 "Distribution of RNA viruses of birds in North Asia and the Asia-Pacific region: genetic diversity, pathogenic potential and prediction of the impact on poultry farming" (laboratory diagnostics, virological experiments, material collection, analysis) and the Russian Foundation for Basic Research RFBR 21 -54-53031 "Comparative analysis of the diversity of the intestinal microbiome and virome in waterfowl of the Central Asian region (Qinghai plateau and the south of Western Siberia)" (analysis). It was also partially supported by project JPJ008837 "Commissioned projects for promotion of strategic international collaborative research" funded by the Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries of Japan.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Kariithi H.M., Ferreira H.L., Welch C.N., Ateya L.O., Apopo A.A., Zoller R., Volkening J.D., Williams-Coplin D., Parris D.J., Olivier T.L., Goldenberg D., Binopal Y.S., Hernandez S.M., Afonso C.L., Suarez D.L. Surveillance and Genetic Characterization of Virulent Newcastle Disease Virus Subgenotype V.3 in Indigenous Chickens from Backyard Poultry Farms and Live Bird Markets in Kenya // *Viruses*. 2021. V. 13. Iss. 1. P. 103. DOI: 10.3390/v13010103
2. Newcastle disease: OIE - World Organisation for Animal Health. URL: <https://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/animal-diseases/newcastle-disease/> (дата обращения: 17.01.2021)
3. Shortridge K.F., Alexander D.J. Incidence and preliminary characterisation of a hitherto unreported, serologically distinct, avian paramyxovirus isolated in Hong Kong // *Res Vet Sci*. 1978. N 1 (25). P. 128-130.
4. Warke A., Stallknecht D., Williams S.M., Pritchard N., Mundt E. Comparative study on the pathogenicity and immunogenicity of wild bird isolates of avian paramyxovirus 2, 4, and 6 in chickens // *Avian Pathology*. 2008. V. 37. Iss. 4. P. 429-434. DOI: 10.1080/03079450802216645
5. Zhang Q., Liu J., Han S., Wang B., Su Q., Yuan G., He H. Genetic and evolutionary characterization of avian paramyxovirus type 4 in China // *Infection, Genetics and Evolution*. 2021. V. 91. P. 104777. DOI: 10.1016/j.meegid.2021.104777
6. Tseren-Ochir E.O., Yuk S.S., Khishgee B., Kwon J.H., Noh J.Y., Hong W.T., Jeong J.H., Gwon G.B., Jeong S., Kim Y.J., Kim J.B., Lee J.H., Kim K.J., Damdinjav B., Song C.S. Molecular characterization of avian paramyxovirus types 4 and 8 isolated from wild migratory waterfowl in Mongolia // *Journal of Wildlife Diseases*. 2018. V. 54. Iss. 2. P. 342-346. DOI: 10.7589/2017-03-067

7. Yin R., Zhang P., Liu X., Chen Y., Tao Z., Ai L., Li J., Yang Y., Li M., Xue C., Qian J., Wang X., Chen J., Li Y., Xiong Y., Zhang J., Stoeger T., Bi Y., Chen J., Ding Z. Dispersal and transmission of avian paramyxovirus serotype 4 among wild birds and domestic poultry // *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. 2017. V. 7. P. 212. DOI: 10.3389/fcimb.2017.00212
8. Abolnik C., Castro M. de, Rees J. Full genomic sequence of an African Avian Paramyxovirus Type 4 strain isolated from a wild duck // *Virus Genes*. 2012. V. 45. Iss. 3. P. 537-541. DOI: 10.1007/s11262-012-0805-y
9. Tseren-Ochir E.O., Kwon J.H., Noh J.Y., Jeong J.H., Jeong S., Kim K.J., Lee J.H., Kim J.B., Kim Y.J., Lee S.H., Kim J.Y., Song C.S. Molecular characterization and genetic diversity of avian paramyxovirus type 4 isolated in South Korea from 2013 to 2017 // *Infection, Genetics and Evolution*. 2018. V. 61. P. 127-133. DOI: 10.1016/j.meegid.2018.03.025
10. Shortridge K.F., Alexander D.J., Collins M.S. Isolation and Properties of Viruses from Poultry in Hong Kong which Represent a New (Sixth) Distinct Group of Avian Paramyxoviruses // *The Journal of general virology*. 1980. V. 49. Iss. 2. P. 255-262. DOI: 10.1099/0022-1317-49-2-2551980
11. McGinnes L.W., Pantua H., Reitter J., Morrison T.G. Newcastle disease virus: propagation, quantification, and storage // *Curr Protoc Microbiol*. 2006. V. 1. Iss. 1. P. 15F.2.1-15F.2.18. DOI: 10.1002/9780471729259.mc15f02s01
12. Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C., Tamura K. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms // *Molecular Biology and Evolution*. 2018. V. 35. Iss. 6. P. 1547-1549. DOI: 10.1093/molbev/msy096
13. Home – Nucleotide – NCBI. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/> (дата обращения: 17.01.2021)
14. Алексеев А.Ю., Мурашкина Т.А., Джамалутдинов Д.М., Абдуллаев С.С., Ахмедрабаданов Х.А., Шаршов К.А. Анализ миграций птиц водного и околоводного комплекса на территории Республики Дагестан и обоснование выбора ключевых точек мониторинга гриппа А // *Юг России: экология, развитие*. 2019. Т. 14. N 1. С. 137-149. DOI: 10.18470/1992-1098-2019-1-137-149
15. Liu H., Servan de Almeida R., Gil P., Albina E. Cleavage site of Newcastle disease virus determines viral fitness in persistent infection cells // *Veterinary Microbiology*. 2018. V. 216. C. 123-131. DOI: 10.1016/j.vetmic.2018.02.006

REFERENCES

1. Kariithi H.M., Ferreira H.L., Welch C.N., Ateya L.O., Apopo A.A., Zoller R., Volkening J.D., Williams-Coplin D., Parris D.J., Olivier T.L., Goldenberg D., Binopal Y.S., Hernandez S.M., Afonso C.L., Suarez D.L. Surveillance and Genetic Characterization of Virulent Newcastle Disease Virus Subgenotype V.3 in Indigenous Chickens from Backyard Poultry Farms and Live Bird Markets in Kenya. *Viruses*, 2021, vol. 13, iss. 1, pp. 103. DOI: 10.3390/v13010103
2. Newcastle disease: OIE - World Organization for Animal Health. Available at: <https://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/animal-diseases/newcastle-disease/> (accessed 17.01.2021)
3. Shortridge K.F., Alexander D.J. Incidence and preliminary characterisation of a hitherto unreported, serologically distinct, avian paramyxovirus isolated in Hong Kong. *Research in veterinary science*. 1978, vol. 1, no. 25, pp. 128-130.
4. Warke A., Stallknecht D., Williams S.M., Pritchard N., Mundt E. Comparative study on the pathogenicity and immunogenicity of wild bird isolates of avian paramyxovirus 2, 4, and 6 in chickens. *Avian Pathology*,

- 2008, vol. 37, no. 4, pp. 429-434. DOI: 10.1080/03079450802216645
5. Zhang Q., Liu J., Han S., Wang B., Su Q., Yuan G., He H. Genetic and evolutionary characterization of avian paramyxovirus type 4 in China. *Infection, Genetics and Evolution*, 2021, vol. 91, p. 104777. DOI: 10.1016/j.meegid.2021.104777
6. Tseren-Ochir E.O., Yuk S.S., Khishgee B., Kwon J.H., Noh J.Y., Hong W.T., Jeong J.H., Gwon G.B., Jeong S., Kim Y.J., Kim J.B., Lee J.H., Kim K.J., Damdinjav B., Song C.S. Molecular characterization of avian paramyxovirus types 4 and 8 isolated from wild migratory waterfowl in Mongolia. *Journal of Wildlife Diseases*, 2018, vol. 54, no. 2, pp. 342-346. DOI: 10.7589/2017-03-067
7. Yin R., Zhang P., Liu X., Chen Y., Tao Z., Ai L., Li J., Yang Y., Li M., Xue C., Qian J., Wang X., Chen J., Li Y., Xiong Y., Zhang J., Stoeger T., Bi Y., Chen J., Ding Z. Dispersal and transmission of avian paramyxovirus serotype 4 among wild birds and domestic poultry. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 2017, vol. 7, pp. 212. DOI: 10.3389/fcimb.2017.00212
8. Abolnik C., Castro M. de, Rees J. Full genomic sequence of an African Avian Paramyxovirus Type 4 strain isolated from a wild duck. *Virus Genes*, 2012, vol. 45, iss. 3, pp. 537-541. DOI: 10.1007/s11262-012-0805-y
9. Tseren-Ochir E.O., Kwon J.H., Noh J.Y., Jeong J.H., Jeong S., Kim K.J., Lee J.H., Kim J.B., Kim Y.J., Lee S.H., Kim J.Y., Song C.S. Molecular characterization and genetic diversity of avian paramyxovirus type 4 isolated in South Korea from 2013 to 2017. *Infection, Genetics and Evolution*, 2018, vol. 61, pp. 127-133. DOI: 10.1016/j.meegid.2018.03.025
10. Shortridge K.F., Alexander D.J., Collins M.S. Isolation and Properties of Viruses from Poultry in Hong Kong which Represent a New (Sixth) Distinct Group of Avian Paramyxoviruses. *The Journal of general virology*, 1980, vol. 49, iss. 2, pp. 255-262. DOI: 10.1099/0022-1317-49-2-255
11. McGinnes L.W., Pantua H., Reitter J., Morrison T.G. Newcastle disease virus: propagation, quantification, and storage. *Current protocols in microbiology*, 2006, vol. 1, iss. 1, pp. 15F.2.1-15F.2.18. DOI: 10.1002/9780471729259.mc15f02s01
12. Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C., Tamura K. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 2018, vol. 35, iss. 6, pp. 1547-1549. DOI: 10.1093/molbev/msy096
13. Home – Nucleotide – NCBI. Available at: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/> (accessed 17.01.2021)
14. Alekseev A.Yu., Murashkina T.A., Jamalutdinov J.M., Abdullaev S.S., Akhmedrabdanov Kh.A., Sharshov K.A. Analysis of migration of aquatic and semiaquatic birds on the territory of the Republic of Dagestan and justification of the choice of key points of monitoring of Influenza A Virus. *South of Russia: ecology, development*, 2019, vol. 14, no. 1, pp. 137-149. (In Russian) DOI: 10.18470/1992-1098-2019-1-137-149
15. Liu H., Servan de Almeida R., Gil P., Albina E. Cleavage site of Newcastle disease virus determines viral fitness in persistent infection cells. *Veterinary Microbiology*, 2018, vol. 216, pp. 123-131. DOI: 10.1016/j.vetmic.2018.02.006

КРИТЕРИИ АВТОРСТВА

Александр Ю. Алексеев и Татьяна А. Мурашкина собирали биологический материал. Татьяна А. Мурашкина и Анастасия А. Дёрко вели вирусологические работы по культивированию вирусов, проводили реакцию гемагглютинации. Мария В. Соломатина проводила наработку вируса. Junki Mine, Yuko Uchida, Takehiko Saito проводили полногеномное секвенирование. Никита А. Дубовицкий, Анастасия А. Дёрко и Иван А. Соболев осуществляли анализ данных секвенса. Кирилл А. Шаршов планировал исследование. Анастасия А. Дёрко, Кирилл А. Шаршов, Мариам М. Каллаева и Магомед Г. Магомедов подготавливали рукопись для подачи в редакцию. Все авторы в равной степени несут ответственность при обнаружении плагиата, самоплагиата и других неэтических проблем.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

AUTHOR CONTRIBUTIONS

Alexander Yu. Alekseev and Tatyana A. Murashkina collected biological samples. Tatyana A. Murashkina and Anastasiya A. Derko performed virological work on the cultivation of viruses and carried out a hemagglutination reaction. Maria V. Solomatina conducted virus cultivation. Junki Mine, Yuko Uchida, Takehiko Saito performed whole-genome sequencing. Nikita A. Dubovitskiy, Anastasiya A. Derko and Ivan A. Sobolev analysed the sequence data. Anastasiya A. Derko, Kirill A. Sharshov, Mariam M. Kallaeva and Magomed G. Magomedov corrected the manuscript prior to submission to the editor. All authors are equally responsible for plagiarism, self-plagiarism or other ethical transgressions.

NO CONFLICT OF INTEREST DECLARATION

The authors declare no conflict of interest.

ORCID

Анастасия А. Дёрко / Anastasiya A. Derko <https://orcid.org/0000-0002-5984-0819>
 Никита А. Дубовицкий / Nikita A. Dubovitskiy <https://orcid.org/0000-0002-7780-1485>
 Татьяна А. Мурашкина / Tatyana A. Murashkina <https://orcid.org/0000-0003-3719-4796>
 Иван А. Соболев / Ivan A. Sobolev <https://orcid.org/0000-0002-4561-6517>
 Мария В. Соломатина / Maria V. Solomatina <https://orcid.org/0000-0003-0736-0271>
 Александр Ю. Алексеев / Alexander Yu. Alekseev <https://orcid.org/0000-0003-0015-9305>
 Магомед Г. Магомедов / Magomed G. Magomedov <https://orcid.org/0000-0003-1897-6784>
 Junki Mine <https://orcid.org/0000-0002-1603-8471>
 Yuko Uchida <https://orcid.org/0000-0002-5833-5917>
 Takehiko Saito <https://orcid.org/0000-0002-9633-5897>
 Мариам М. Каллаева / Mariam M. Kallaeva <https://orcid.org/0000-0003-1360-1334>
 Кирилл А. Шаршов / Kirill A. Sharshov <https://orcid.org/0000-0002-3946-9872>