

Оригинальная статья / Original article

УДК 578

DOI: 10.18470/1992-1098-2025-2-1



Молекулярно-биологические свойства штамма вируса болезни Ньюкасла вирулентного генотипа VII, впервые выделенного в 2008 году от дикой утки на территории Республики Адыгея

Александра В. Глущенко, Ксения С. Юрченко, Любовь С. Адаменко, Юрий И. Каркавин

Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины (ФИЦ ФТМ), Новосибирск, Россия

Контактное лицо

Александра В. Глущенко, научный сотрудник, лаборатория экспериментальной онкологии и испытания фармацевтических средств, НИИ Вирусологии, Федеральный Исследовательский Центр Фундаментальной и Трансляционной Медицины (ФИЦ ФТМ); 630060 Россия, г. Новосибирск, ул. Тимакова, 2.

Тел. +79134696677

Email rirmaaltai2017@gmail.comORCID <https://orcid.org/0000-0002-5784-0073>**Формат цитирования**

Глущенко А. В., Юрченко К. С., Адаменко Л. С., Каркавин Ю. И. Молекулярно-биологические свойства штамма вируса болезни Ньюкасла вирулентного генотипа VII, впервые выделенного в 2008 году от дикой утки на территории Республики Адыгея // Юг России: экология, развитие. 2025. Т. 20, N 2. С. 6-13. DOI: 10.18470/1992-1098-2025-2-1

Получена 7 февраля 2025 г.

Прошла рецензирование 26 марта 2025 г.

Принята 28 апреля 2025 г.

Резюме

Цель: исследовать некоторые биологические свойства полученного штамма вируса болезни Ньюкасла NDV/Adygea/duck/12/2008, определить степень вирулентности, провести филогенетическое исследование.

Биологический материал от диких перелетных птиц был собран в 2008 г. в сезон охоты. Изоляция и культивирование выделенных штаммов были проведены в системе развивающихся курных эмбрионов (РКЭ). Первичную идентификацию, подтверждающую наличие геммагглютинирующего агента в аллантоисной жидкости, проводили в реакции гемагглютинации (РГА). Патогенность оценивали методами MDT и ICPI. Было проведено секвенирование, филогенетический анализ, определен генотип исследуемого штамма.

Представлены результаты, изучения основных биологических свойств штамма вируса болезни Ньюкасла NDV/Adygea/duck/12/2008, выделенного от дикой перелетной птицы на территории Южного федерального округа. Согласно проведенному филогенетическому исследованию, штамм NDV/Adygea/duck/12/2008 принадлежит к генотипу VII генетическому классу 2. Тестами определения степени вирулентности MDT и ICPI, а также молекулярно-генетическим исследованием описанный штамм был отнесен к высокопатогенной группе.

Ключевые слова

Вирус болезни Ньюкасла, парамиксовирусы птиц, дикие перелетные птицы, велоогенный штамм, VII генотип.

Molecular and biological properties of the Newcastle disease virus strain of virulent genotype VII, first isolated in 2008 from a wild duck in the Republic of Adygea, Russia

Alexandra V. Glushchenko, Kseniya S. Yurchenko, Lyubov S. Adamenko and Yuriy I. Karkavin

Federal Research Center of Fundamental and Translational Medicine, Siberian Branch, Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia

Principal contact

Alexandra V. Glushchenko, Researcher, Laboratory of Experimental Oncology and Pharmaceutical Testing, Research Institute of Virology, Federal Research Center of Fundamental and Translational Medicine, Siberian Branch, Russian Academy of Sciences; 2 Timakova St, Novosibirsk, Russia 630060.

Tel. +79134696677

Email rimmaaltai2017@gmail.com

ORCID <https://orcid.org/0000-0002-5784-0073>

How to cite this article

Glushchenko A.V., Yurchenko K.S., Adamenko L.S., Karkavin Yu.I. Molecular and biological properties of the Newcastle disease virus strain of virulent genotype VII, first isolated in 2008 from a wild duck in the Republic of Adygea, Russia. *South of Russia: ecology, development*. 2025; 20(2):6-13. (In Russ.) DOI: 10.18470/1992-1098-2025-2-1

Received 7 February 2025

Revised 26 March 2025

Accepted 28 April 2025

Abstract

Aim. To study some biological properties of the obtained strain of Newcastle disease virus NDV/Adygea/duck/12/2008, including the degree of virulence, and to conduct a phylogenetic study.

Biological material from wild migratory birds was collected in 2008 during the hunting season. Isolation and cultivation of the isolated strains were carried out in the system of developing chicken embryos (RCE). Primary identification confirming the presence of a hemagglutinating agent in the allantoic fluid was carried out in the hemagglutination reaction (HR). Pathogenicity was assessed by MDT and ICPI methods. Sequencing, phylogenetic analysis, the genotype of the studied strain was determined.

The results of studying the main biological properties of the Newcastle disease virus strain NDV/Adygea/duck/12/2008, isolated from wild migratory birds in the Southern Federal District, are presented. According to the phylogenetic study, the NDV/Adygea/duck/12/2008 strain belongs to genotype VII and genetic class 2. The MDT and ICPI virulence tests, as well as the molecular genetic study, classified the described strain as highly pathogenic.

Key Words

Newcastle disease virus, avian paramyxoviruses, wild migratory birds, velogenic strain, genotype VII

ВВЕДЕНИЕ

Болезнь Ньюкасла (БН) – это высоко контагиозная вирусная инфекция различных птиц, как домашних, так и диких видов. Инфекция в связи с высокой степенью контагиозности и летальности для птицеводческой отрасли является значительной эпизоотической угрозой. Всемирной организации по охране здоровья животных (ВОЗЖ) болезнь Ньюкасла внесена в перечень особо опасных болезней. Возбудитель заболевания – вирулентные штаммы вируса болезни Ньюкасла (ВБН), семейства Paramyxoviridae рода Avulavirus. Всемирная организация здравоохранения животных (ВОЗЖ) определяет Болезнь Ньюкасла как птичий парамиксовирус 1 типа с интрацеребральным индексом патогенности (ICPI) от 0,7 и выше, также важным параметром выступает аминокислотный состав сайта протеолитической активации белка слияния F [1].

Вирус болезни Ньюкасла это РНК-вирус, с несегментированным геномом. Кодировать шесть структурных белков: нуклеопротеин (NP), фосфопротеин (P), матриксный белок (M), белок слияния (F), гемагглютинин-нейраминидаза (HN), большой полимеразный белок (L), и два вспомогательных белка (V, W) [2].

Проблема борьбы с БН актуальна для многих стран, так на данный момент болезнь Ньюкасла широко распространена практически на всех материках и является одной из основных причин экономического ущерба для птицеводческой отрасли. Это заболевание занимает третье место по значимости среди домашних птиц, оно было зарегистрировано в 109 странах-членах Всемирной организации по охране здоровья животных [3]. В России БН является контролируемой инфекцией для промышленных птицеводческих хозяйств, но наблюдается периодическая регистрация новых вспышек. Частое инфицирование даже у вакцинированных птиц может быть обусловлено нарушением плана и методики вакцинации, так же возможной причиной является изменение биологических свойств вируса в ходе мутаций [4; 5].

На основании молекулярно-генетического анализа штаммы вируса болезни Ньюкасла (ВБН) относят к двум классам. К I классу трем субгенотипам относят штаммы с высоким уровнем идентичности [6]. Подавляющее большинство штаммов класса I непатогенны для кур. Но в 1990-х годах был выделен штамм ВБН I класса в Ирландии, который являлся причиной возникшей вспышки БН [7–9].

Ко II классу 21 генотипу относят штаммы БН с различным уровнем вирулентности, имеющие широкую распространенность. Такие штаммы выделяют во всем мире. На территории России в популяциях птиц различных экологических групп чаще выделяют штаммы БН II класса I, VI и VII генотипов [10; 11]. В последние годы штаммы генотипа VII все чаще выделяют у сельскохозяйственной птицы. Так же наблюдается увеличение круга хозяев. Так, к генотипу VII стали восприимчивы птицы отряда гусеобразные. Генотип VII подразделяется на три субгенотипа [12], в то время как генотипы I, V, VI, VII, XII, XIII, XIV и XVIII подразделяются на несколько субгенотипов [13–15].

VII.1.1 генотип был причиной четвертой панзоотии ВБН включающий прежние субгенотипы VIIb, VIId, VIIe, VIIj и VIII; субгенотип VIIf считается отдельным субгенотипом, VII.1.2. Группы вирусов, участвовавших в пятой панзоотии NDV, поразившем Африку, Азию,

Ближний Восток и Европу были объединены в единый субгенотип VII.2. Преобладающим субгенотипом NDV в Египте является VIId (VII.1.1), что привело к нескольким вспышкам среди домашней птицы [16–18].

В связи с увеличением случаев выделения вируса болезни Ньюкасла VII генотипа в странах Азии, и на территории Российской Федерации, нами была исследована рабочая коллекция ВБН, выделенных от диких перелетных птиц. Был обнаружен штамм ВБН генотипа VII, выделенный в 2008 г. от дикой птицы. Данная работа посвящена сравнительному исследованию штамма рабочей коллекции с вирусами, выделяемыми в настоящее время.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

Сбор образцов и изоляция вируса

Сбор образцов биологического материала проводился в рамках мониторинга вируса птичьего гриппа, в период сезонов охоты. Пробы материала транспортировали в отдельных пробирках в жидком азоте до места исследования – лаборатория 2-го уровня биологической безопасности (biosafety level-2) [19]. Первичное исследование проводили в системе развивающихся 10-дневных куриных эмбрионов (РКЭ) методом инокуляции в аллантаоисную полость. Наличие ВБН в аллантаоисной жидкости было определено реакцией полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР) со специфическими праймерами [20; 21].

Вируленность штаммов ВБН была выявлена общепризнанными тестами: интрацеребральный индекс патогенности (ICPI) на суточных цыплятах и среднее время смерти (MDT) 10-дневных РКЭ согласно стандартным лабораторным методикам, описанным в рекомендациях Продовольственной и сельскохозяйственной организации ООН (FAO). Результаты теста ICPI были интерпретированы через индексы от 0 до 2, где 0 – авирулентный, а 2 – высоковирулентный для цыплят. Результаты MDT теста по часам от заражения до смерти РКЭ от 90 часов и более. Так непатогенные штаммы не приводят к гибели эмбрионов.

Секвенирование и филогенетический анализ APMV

Выделение РНК было выполнено с использованием набора SV Total RNA Isolation System ("Promega Corporation", США) в соответствии с инструкцией производителя. Реакцию обратной транскрипции проводили с праймерами Random dN6 с использованием AMV обратной транскриптазы ("Fermentas", Литва). Секвенирование выполняли со специфическими праймерами [20]. Продукты амплификации очищали, используя набор QIAquick PCR purification kit ("QIAGEN", США). ДНК секвенировали при помощи BigDye Terminator v3.1 kit ("Applied Biosystems", США) на автоматическом секвенаторе 3130xl Genetic Analyzer ("Applied Biosystems", США).

Для филогенетического анализа использовали полную кодирующую последовательность F гена по системе максимального правдоподобия с использованием модели нуклеотидных замен General Time Reversible с проведением bootstrap-теста при 1000 итерациях. Определение генотипов проводилось с применением ранее полученных данных. Далее в BLAST были подобраны штаммы со сходными последовательностями, с которыми было построено филогенетическое дерево с полученными штаммами.

ПОЛУЧЕННЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

В 2008 году было получено в различных регионах от диких птиц различных видов и исследовано 1547 образцов биологического материала. Из общего количества образцов методом ОТ-ПЦР был выделен штамм NDV/Adygea/duck/12/2008 в Республике Адыгея наряду с другими 8 штаммами ВБН. У исследуемого штамма были изучены некоторые биологические свойства. Так, была выявлена высокая степень вирулентности тестами MDT значения которого составило 50 ч. и ICPI, с индексом 1,55. Для

дополнения результатов тестов также была определена одна из основных детерминант вирулентности – аминокислотная последовательность сайта расщепления F-белка исследуемого штамма, которая содержала замены, характерные для велогенных штаммов (112RRQKRF117). Таким образом, генетический анализ подтвердил результаты вирусологических исследований определения уровня вирулентности штамма NDV/Adygea/duck/12/2008 (табл. 1).

Таблица 1. Биологическая характеристика исследуемого штамма**Table 1.** Biological characteristics of the strain studied

Штамм Strain	MDT	ICPI	Сайт расщепления F белка F protein cleavage site	Степень вирулентности Degree of virulence
NDV/Adygea/duck/12/2008	50ч.	1.55	112RRQKRF117	Велогенный Velogenic

Филогенетический анализ показал, что исследуемый штамм был отнесен ко II классу, генотипу VII субгенотипу 1.1. (рис. 1). Вирусы этой группы обладают генетическим разнообразием, имеют широкий круг хозяев и широкий спектр патогенности.

Сегодня все чаще ВБН нового VII генотипа, состоящего из высипатогенных штаммов, являются причиной возникновения вспышек БН на территории Азии и Ближнего Востока. Этот генотип был обнаружен после 1960 г. Именно VII генотип послужил причиной возникновения IV и V панзоотии в Индонезии, Азии, Европе, Африке, на Ближнем Востоке, где согласно литературным данным, является эндемичным [21].

В результате проведенного филогенетического анализа было установлено, что исследуемый штамм NDV/Adygea/duck/12/2008 относится ко второму классу генотипу VII субгенотипу 1.1. Штамм впервые выделен в данном регионе от дикой перелетной птицы.

Согласно проведенному анализу, было выявлено родство исследуемого штамма со штаммами, выделенными на территориях стран, находящихся в Юго-Западной и Юго-Восточной Азии (рис. 1), где в последнее время все чаще регистрируется выявление вируса БН генотипа VII от птиц разных видов [22–24]. В публикациях описывается предположение что обнаружение ВБН на исследуемых территориях возможно из-за проходящих по этим территориям пролетных путей, соединяющих территорию юга Азии с Россией, которыми пользуется огромное количество мигрирующих птиц-основных переносчиков ВБН.

На исследуемой территории пересекаются несколько основных пролетных маршрутов (рис. 2), используемых огромным количеством диких перелетных птиц во время сезонных миграций. Концентрированию большого количества птиц на ограниченной территории способствуют географические особенности местности, а именно большое количество пресноводных водоемов, используемых птицами для кратковременного отдыха и гнездования. Совокупность таких факторов создает благоприятные условия для обмена патогеном между различными популяциями и дальнейшего распространения его на различные расстояния.

Так же концентрация мигрирующих птиц обусловлена “Кавказско-Каспийским миграционным коридором” [25].

Возможно, исследуемый случай выделения штамма NDV/Adygea/duck/12/2008 связан с заносом патогена на территорию России перелетными птицами. В таком случае возможно распространение штамма по территории России с вероятными возникновениями вспышек среди домашней птицы.

Так же на случай возможного заноса ВБН VII генотипа на территорию России и распространения заболевания среди домашней птицы указывает опубликованная статья о зарегистрированной в 2022 г. болезни Ньюкасла в Московской области в личном подсобном хозяйстве. Причиной вспышки послужил высокопатогенный штамм ВБН VII генотипа 1.1 субгенотипа. Возможными переносчиками инфекции являются дикие птицы, контактировавшие с домашней птицей [26].

В подтверждение этой гипотезы выступают полученные ранее нами результаты исследований об основной роли диких перелетных птиц в распространении различных вирусов, в том числе вируса болезни Ньюкасла и передачи его домашним видам птиц [27].

Таким образом, заносы вируса болезни Ньюкасла на территорию Южного федерального округа России дикими перелетными птицами и возможное распространение на соседние регионы, может привести к усложнению эпизоотической ситуации, а именно увеличению локальных вспышек, с дальнейшим распространением по всей территории Российской Федерации.

Поэтому необходимо регулярно проводить мониторинг ВБН среди диких перелетных птиц, как основных переносчиков исследуемого патогена для увеличения получаемой информации о циркулирующем варианте вируса болезни Ньюкасла для контроля за эпизоотологической ситуацией в стране.

Стоит отметить особенности применяемых профилактических препаратов. В птицеводческой отрасли распространенным вакцинным штаммом является LaSota, который относится ко 2 классу генотипу II. В поисковой системе Pubmed расположены

публикации о низкой эффективности вакцинных препаратов на основе штамма LaSota против инфекции, вызванной штаммами ВБН VII генотипа. Вероятно, это следствие антигенных различий между штаммами

нового VII генотипа и вакцинным штаммом LaSota II генотипа, и, как следствие ежегодные вспышки заболевания у вакцинированных сельскохозяйственных птиц [28].

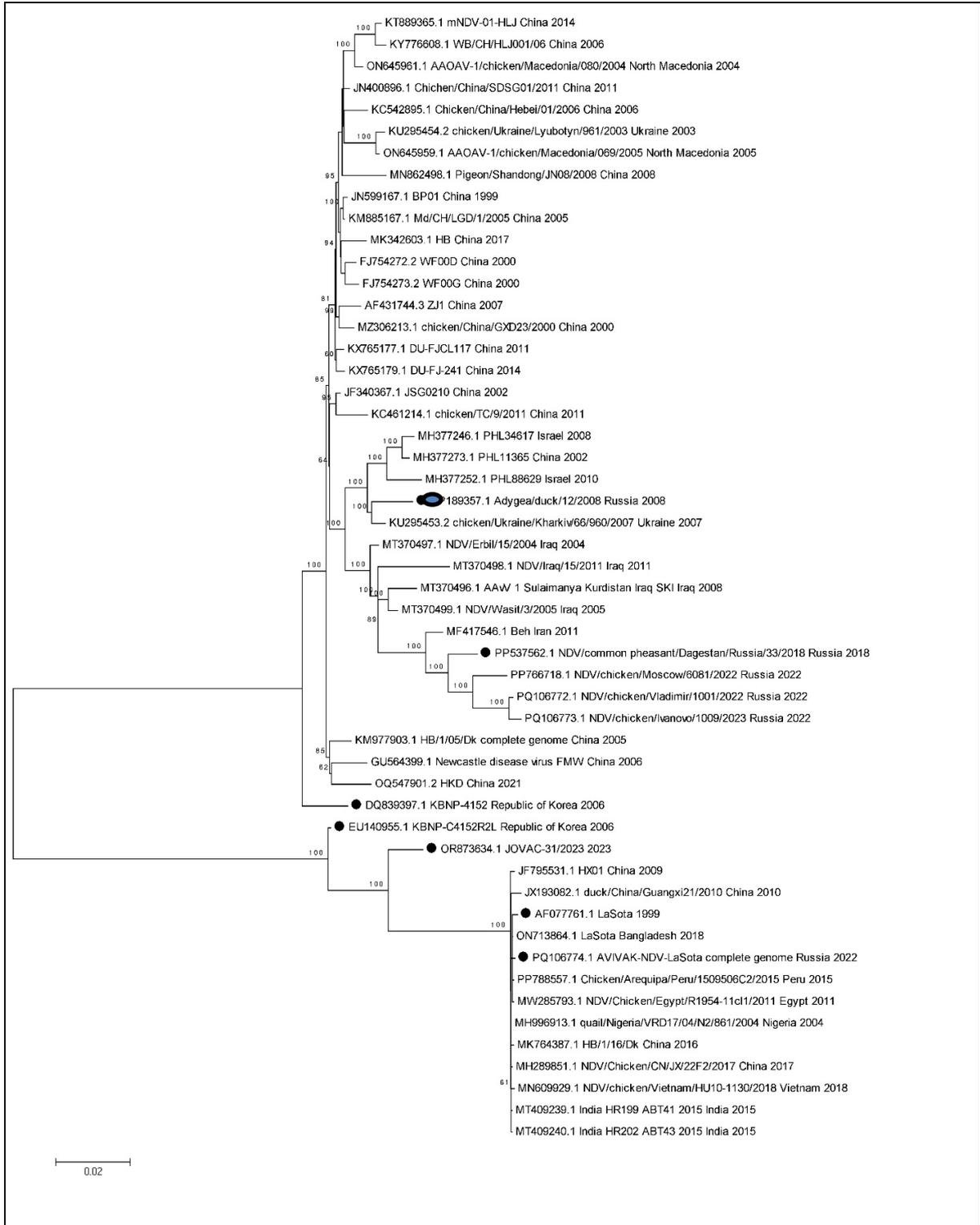


Рисунок 1. Филогенетическое дерево гена F, штамм, описанный в данном исследовании – ●
Figure 1. Phylogenetic tree of the F gene strain described in this study – ●

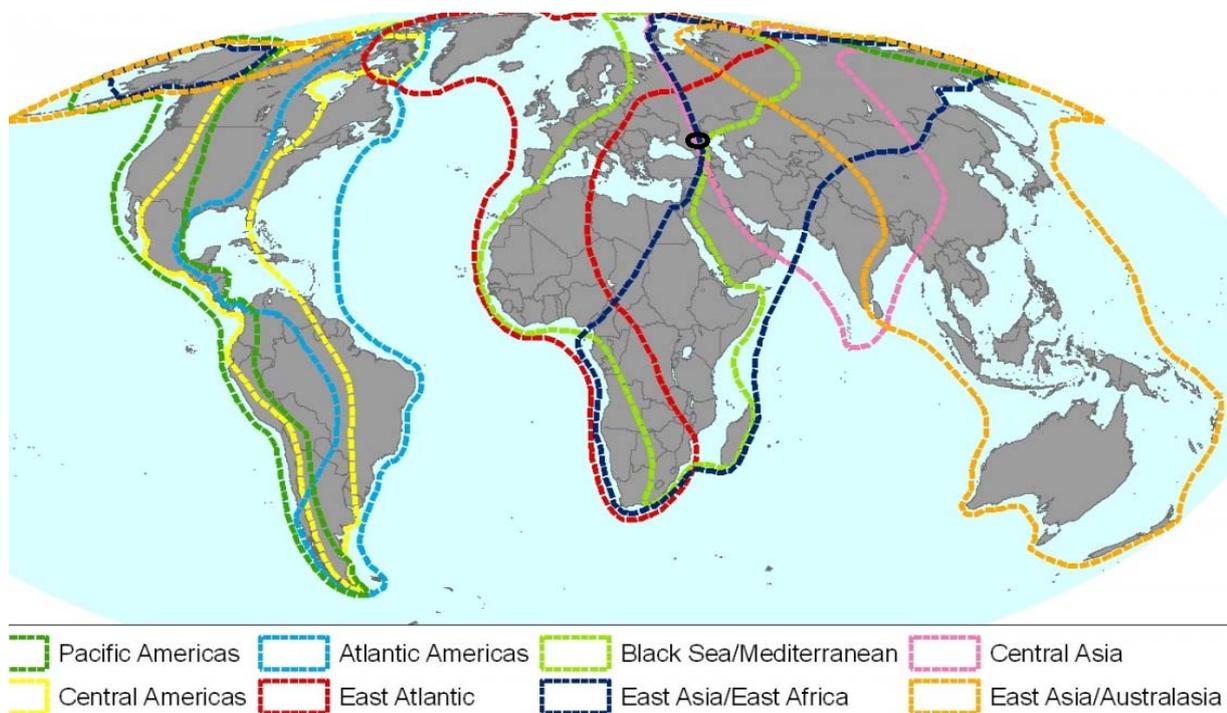


Рисунок 2. Основные пролетные пути диких птиц. Исследуемая территория отмечена знаком – **Figure 2.** The main global flight paths of wild birds. Area under study is marked –

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В статье был описан случай выделения вируса болезни Ньюкасла VII генотипа в 2008 г. от дикой перелётной птицы на территории Южного федерального округа (Республика Адыгея). Описано распространение генотипа VII в странах, находящихся в Юго-Западной и Юго-Восточной Азии среди диких перелетных птиц различных видов, способных распространять патоген на значительные расстояния, в том числе в Российскую Федерацию. Это подтверждает необходимость проведения регулярного мониторинга исследуемого патогена среди диких перелетных птиц различных видов с целью проведения противоэпизоотических мероприятий.

БЛАГОДАРНОСТЬ

Работа выполнена при поддержке гранта «Создание актуальной коллекции современных вирусов болезни Ньюкасла (ВБН) для разработки иммунологических биопрепаратов» РНФ № 24-24-00367.

ACKNOWLEDGEMENT

The work was supported by the Russian Science Foundation grant, Creation of an Up-to-Date Collection of Modern Newcastle Disease Viruses (NDV) for the Development of Immunological Biological Products, RSF № 24-24-00367.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Mayo M.A. A summary of taxonomic changes recently approved by ICTV // *Arch. Virol.* 2002. V. 147. P. 1655–1633. <https://doi.org/10.1007/s007050200039>
- Aldous E.W., Mynn J.K., Banks J., Alexander D.J. A molecular epidemiological study of avian paramyxovirus type 1 (Newcastle disease virus) isolates by phylogenetic analysis of a partial nucleotide sequence of the fusion protein gene // *Avian*

- Pathology.* 2003. V. 32. N 3. P. 239–56. doi: 10.1080/030794503100009783

- OIE. *Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals.* 7th ed. Paris, France: Office International des Epizooties, 2012. P. 19.

- Absalon A.E., Cortes-Espinosa D.V., Lucio E., Miller P.J., Afonso C.L. Epidemiology, control, and prevention of Newcastle disease in endemic regions: Latin America // *Trop. Anim. Health Prod.* 2019. V. 51. P. 1033–1048. <https://doi.org/10.1007/s11250-019-01843-z>

- Kapczynski D.R., Afonso C.L., Miller P.J. Immune responses of poultry to Newcastle disease virus // *Dev. Comp. Immunol.* 2013. V. 41. P. 447–453. <https://doi.org/10.1016/j.dci.2013.04.012>

- Ren S., Xie X., Wang Y. Molecular characterization of a Class I Newcastle disease virus strain isolated from a pigeon in China // *Avian Pathology.* 2016. V. 45. N 4. P. 408–417.

- Hoque M.A., Burgess G.W., Karo-Karo D. Monitoring of wild birds for Newcastle disease virus in North Queensland, Australia // *Preventive Veterinary Medicine.* 2012. V. 103. N 1. P. 49–62.

- Kim L.M., King D.J., Curry P.E. Phylogenetic diversity among low-virulence Newcastle disease viruses from waterfowl and shorebirds and comparison of genotype distributions to those of poultry origin isolates // *Journal of Virology.* 2007. V. 81. N 22. P. 12641–12653.

- Alexander D.J., Campbell G., Manvell R.J. Characterisation of an antigenically unusual virus responsible for two outbreaks of Newcastle disease in the Republic of Ireland in 1990 // *Veterinary Record.* 1992. V. 130. N 4. P. 65–68.

- Dimitrov K.M., Abolnik C., Afonso C.L., Albina E., Bahl J., Berg M., Briand F.-X., Brown I.H., Choi K.-S., Chvala I. Updated unified phylogenetic classification system and revised nomenclature for Newcastle disease virus // *Infect. Genet. Evol.* 2019. V. 74. Article id: 103917. doi: 10.1016/j.meegid.2019.103917

- Steensels M., Soldan C., Rauw F., Roupie V., Lambrecht B. Protective efficacy of classical vaccines and vaccination protocols against an exotic Newcastle disease virus genotype VII.2 in Belgian layer and broiler chickens // *Poult. Sci.* 2024. V.

- 104(1). Article id: 104604.
<https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104604>
12. Xue C., Cong Y., Yin R., Sun Y., Ding C., Yu S., Liu X., Hu S., Qian J., Yuan Q. Genetic diversity of the genotype VII Newcastle disease virus: Identification of a novel VIIj sub-genotype // *Virus genes*. 2017. V. 53. P. 63–70. <https://doi.org/10.1007/s11262-016-1404-0>
13. Dimitrov K.M., Abolnik C., Afonso C.L., Albina E., Bahl J., Berg M., Briand F.-X., Brown I.H., Choi K.S., Chvala I. Updated unified phylogenetic classification system and revised nomenclature for Newcastle disease virus // *Infect. Genet.* 2019. V. 74. Article id: 103917.
<https://doi.org/10.1016/j.meegid.2019.103917>
14. Dimitrov K., Dong-Hun L., Williams-Coplin D., Olivier T., Miller P., Afonso C. Newcastle Disease Viruses Causing Recent Outbreaks Worldwide Show Unexpectedly High Genetic Similarity with Historical Virulent Isolates from the 1940's // *J. Clin. Microbiol.* 2016. V. 54(5). P. 1228–35. doi: 10.1128/JCM.03044-15
15. Diel D.G., da Silva L.H., Liu H., Wang Z., Miller P.J., Afonso C.L. Genetic diversity of avian paramyxovirus type 1: Proposal for a unified nomenclature and classification system of Newcastle disease virus genotypes // *Infect. Genet.* 2012. V. 12. Iss. 8. P. 1770–1779.
<https://doi.org/10.1016/j.meegid.2012.07.012>
16. Abolnik C., Mubamba C., Wandrag D.B., Horner R., Gummow B., Dautu G., Bisschop S.P. Tracing the origins of genotype VII h Newcastle disease in Southern Africa // *Transbound. Emerg. Dis.* 2018. V. 65. P. 393–403.
<https://doi.org/10.1111/tbed.12771>
17. Mapaco L.P., Monjane I.V., Nhamusso A.E., Viljoen G.J., Dundon W.G., Achá S.J. Phylogenetic analysis of Newcastle disease viruses isolated from commercial poultry in Mozambique (2011–2016) // *Virus Genes*. 2016. V. 52. P. 748–753. <https://doi.org/10.1007/s11262-016-1362-6>
18. Molini U., Aikukutu G., Khaiseb S., Cattoli G., Dundon W.G. First genetic characterization of Newcastle disease viruses from Namibia: Identification of a novel VIIk subgenotype // *Arch. Virol.* 2017. V. 162. P. 2427–2431.
<https://doi.org/10.1007/s00705-017-3389-y>
19. The National Training Course on Animal Influenza Diagnosis and Surveillance, Harbin, 20–26 May 2001. Harbin, 2001. P. 25–27.
20. Mia Kim L., Suarez D.L., Afonso C.L. Detection of a broad range of class I and II Newcastle disease viruses using a multiplex real-time reverse transcription polymerase chain reaction assay // *J. Vet Diagn Invest.* 2008. V. 20(4). P. 414–425.
21. Miller P.J., Decanini E.L., Afonso C.L. Newcastle disease: Evolution of genotypes and the related diagnostic challenges // *Infect. Genet. Evol.* 2010. V. 10. (1). P. 26–35.
<https://doi.org/10.1016/j.meegid.2009.09.012>
22. Ghalyanchilangeroudi A., Hosseini H., Jabbarifakhr M., Fallah Mehrabadi M.H., Najafi H., Ghafouri S.A., Mousavi F.S., Ziafati Z., Modiri A. Emergence of a virulent genotype VIIi of Newcastle disease virus in Iran // *Avian Pathology*. 2018. V. 47(5). P. 509–519. doi: 10.1080/03079457.2018.1495313
23. Twabela A.T., Nguyen L.T., Masumu J., Mpoyo P., Mpiiana S., Sumbu J., Okamatsu M., Matsuno K., Isoda N., Zecchin B. et al. A New Variant among Newcastle Disease Viruses Isolated in the Democratic Republic of the Congo in 2018 and 2019 // *Viruses*. 2021. V. 13(2). Article id: 151.
<https://doi.org/10.3390/v13020151>
24. Ababneh M., Ferreira H.L., Khalifeh M., Suarez D.L., Afonso C.L. First Genome Sequence of Newcastle Disease Virus of Genotype VIII from Jordan // *Microbiol Resour Announc.* 2018. V. 7. N 23. <https://doi.org/10.1128/MRA.01136-18>
25. Вилков Е.В. Структура и экология птиц Внутригорного Дагестана // Юг России: экология, развитие. 2018. Т. 13. N 1. С. 40–62. <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2018-1-40-62>
26. Rtishchev A., Treshchalina A., Shustova E., Boravleva E., Gambaryan A. An Outbreak of Newcastle Disease Virus in the Moscow Region in the Summer of 2022 // *A. Vet. Sci.* 2023. V. 10. Article id: 404. <https://doi.org/10.3390/vetsci10060404>
27. Murashkina T., Sharshov K., Gadzhiev A. Avian Influenza Virus and Avian Paramyxoviruses in Wild Waterfowl of the Western Coast of the Caspian Sea (2017–2020) // *Viruses*. 2024. V. 16. Article id: 598.
<https://doi.org/10.3390/v16040598>
28. Miller P.J., King D.J., Afonso C.L., Suarez D.L. Antigenic differences among Newcastle disease virus strains of different genotypes used in vaccine formulation affect viral shedding after a virulent challenge // *Vaccine*. 2007. V. 25 (41). P. 7238–7246. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2007.07.017>

REFERENCES

1. Mayo M.A. A summary of taxonomic changes recently approved by ICTV. *Arch. Virol.*, 2002, vol. 147, pp. 1655–1633. <https://doi.org/10.1007/s007050200039>
2. Aldous E.W., Mynn J.K., Banks J., Alexander D.J. A molecular epidemiological study of avian paramyxovirus type 1 (Newcastle disease virus) isolates by phylogenetic analysis of a partial nucleotide sequence of the fusion protein gene. *Avian Pathology*, 2003, vol. 32, no. 3, pp. 239–56. doi: 10.1080/030794503100009783
3. OIE. Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals. 7th ed. Paris, France: Office International des Epizooties, 2012, pp. 19.
4. Absalon A.E., Cortes-Espinosa D.V., Lucio E., Miller P.J., Afonso C.L. Epidemiology, control, and prevention of Newcastle disease in endemic regions: Latin America. *Trop. Anim. Health Prod.*, 2019, vol. 51, pp. 1033–1048. <https://doi.org/10.1007/s11250-019-01843-z>
5. Kapczynski D.R., Afonso C.L., Miller P.J. Immune responses of poultry to Newcastle disease virus. *Dev. Comp. Immunol.*, 2013, vol. 41, pp. 447–453.
<https://doi.org/10.1016/j.dci.2013.04.012>
6. Ren S., Xie X., Wang Y. Molecular characterization of a Class I Newcastle disease virus strain isolated from a pigeon in China. *Avian Pathology*, 2016, vol. 45, no. 4, pp. 408–417.
7. Hoque M.A., Burgess G.W., Karo-Karo D. Monitoring of wild birds for Newcastle disease virus in North Queensland, Australia. *Preventive Veterinary Medicine*, 2012, vol. 103, no. 1, pp. 49–62.
8. Kim L.M., King D.J., Curry P.E. Phylogenetic diversity among low-virulence Newcastle disease viruses from waterfowl and shorebirds and comparison of genotype distributions to those of poultry origin isolates. *Journal of Virology*, 2007, vol. 81, no. 22, pp. 12641–12653.
9. Alexander D.J., Campbell G., Manvell R.J. Characterisation of an antigenically unusual virus responsible for two outbreaks of Newcastle disease in the Republic of Ireland in 1990. *Veterinary Record*, 1992, vol. 130, no. 4, pp. 65–68.
10. Dimitrov K.M., Abolnik C., Afonso C.L., Albina E., Bahl J., Berg M., Briand F.-X., Brown I.H., Choi K.-S., Chvala I. Updated unified phylogenetic classification system and revised nomenclature for Newcastle disease virus. *Infect. Genet. Evol.*, 2019, vol. 74, article id: 103917. doi: 10.1016/j.meegid.2019.103917
11. Steensels M., Soldan C., Rauw F., Roupie V., Lambrecht B. Protective efficacy of classical vaccines and vaccination protocols against an exotic Newcastle disease virus genotype VII.2 in Belgian layer and broiler chickens. *Poult Sci.*, 2024, vol. 104(1), article id: 104604.
<https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104604>
12. Xue C., Cong Y., Yin R., Sun Y., Ding C., Yu S., Liu X., Hu S., Qian J., Yuan Q. Genetic diversity of the genotype VII Newcastle disease virus: Identification of a novel VIIj sub-genotype. *Virus genes*, 2017, vol. 53, pp. 63–70. <https://doi.org/10.1007/s11262-016-1404-0>

13. Dimitrov K.M., Abolnik C., Afonso C.L., Albina E., Bahl J., Berg M., Briand F.-X., Brown I.H., Choi K.S., Chvala I. Updated unified phylogenetic classification system and revised nomenclature for Newcastle disease virus. *Infect. Genet.*, 2019, vol. 74, article id: 103917. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2019.103917>
14. Dimitrov K., Dong-Hun L., Williams-Coplin D., Olivier T., Miller P., Afonso C. Newcastle Disease Viruses Causing Recent Outbreaks Worldwide Show Unexpectedly High Genetic Similarity with Historical Virulent Isolates from the 1940's. *J. Clin. Microbiol.*, 2016, vol. 54(5), pp. 1228–35. doi: 10.1128/JCM.03044-15
15. Diel D.G., da Silva L.H., Liu H., Wang Z., Miller P.J., Afonso C.L. Genetic diversity of avian paramyxovirus type 1: Proposal for a unified nomenclature and classification system of Newcastle disease virus genotypes. *Infect. Genet.*, 2012, vol. 12, iss. 8, pp. 1770–1779. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2012.07.012>
16. Abolnik C., Mubamba C., Wandrag D.B., Horner R., Gummow B., Dautu G., Bisschop S.P. Tracing the origins of genotype VII h Newcastle disease in Southern Africa. *Transbound. Emerg. Dis.*, 2018, vol. 65, pp. 393–403. <https://doi.org/10.1111/tbed.12771>
17. Mapaco L.P., Monjane I.V., Nhamusso A.E., Viljoen G.J., Dundon W.G., Achá S.J. Phylogenetic analysis of Newcastle disease viruses isolated from commercial poultry in Mozambique (2011–2016). *Virus Genes.*, 2016, vol. 52, pp. 748–753. <https://doi.org/10.1007/s11262-016-1362-6>
18. Molini U., Aikukutu G., Khaiseb S., Cattoli G., Dundon W.G. First genetic characterization of Newcastle disease viruses from Namibia: Identification of a novel VIIk subgenotype. *Arch. Virol.*, 2017, vol. 162, pp. 2427–2431. <https://doi.org/10.1007/s00705-017-3389-y>
19. The National Training Course on Animal Influenza Diagnosis and Surveillance, Harbin, 20–26 May 2001. Harbin, 2001, pp. 25–27.
20. Mia Kim L., Suarez D.L., Afonso C.L. Detection of a broad range of class I and II Newcastle disease viruses using a multiplex real-time reverse transcription polymerase chain reaction assay. *J. Vet Diagn Invest.*, 2008, vol. 20(4), pp. 414–425.
21. Miller P.J., Decanini E.L., Afonso C.L. Newcastle disease: Evolution of genotypes and the related diagnostic challenges. *Infect. Genet. Evol.*, 2010, vol. 10 (1), pp. 26–35. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2009.09.012>
22. Ghalyanchilangeroudi A., Hosseini H., Jabbarifakhr M., Fallah Mehrabadi M.H., Najafi H., Ghafouri S.A., Mousavi F.S., Ziafati Z., Modiri A. Emergence of a virulent genotype VIII of Newcastle disease virus in Iran. *Avian Pathology.*, 2018, vol. 47(5), pp. 509–519. doi: 10.1080/03079457.2018.1495313
23. Twabela A.T., Nguyen L.T., Masumu J., Mpoyo P., Mpiana S., Sumbu J., Okamatsu M., Matsuno K., Isoda N., Zecchin B. et al. A New Variant among Newcastle Disease Viruses Isolated in the Democratic Republic of the Congo in 2018 and 2019. *Viruses*, 2021, vol. 13(2), article id: 151. <https://doi.org/10.3390/v13020151>
24. Ababneh M., Ferreira H.L., Khalifeh M., Suarez D.L., Afonso C.L. First Genome Sequence of Newcastle Disease Virus of Genotype VIII from Jordan. *Microbiol Resour Announc.*, 2018, vol. 7, no. 23. <https://doi.org/10.1128/MRA.01136-18>
25. Vilkov E.V. Structure and ecology of birds in Intra-Mountain Daghestan. *South of Russia: ecology, development*, 2018, vol. 13, no. 1, pp. 40–62. (In Russian) <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2018-1-40-62>
26. Rtishchev A., Treshchalina A., Shustova E., Boravleva E., Gambaryan A. An Outbreak of Newcastle Disease Virus in the Moscow Region in the Summer of 2022. *A. Vet. Sci.*, 2023, vol. 10, article id: 404. <https://doi.org/10.3390/vetsci10060404>
27. Murashkina T., Sharshov K., Gadzhiev A. Avian Influenza Virus and Avian Paramyxoviruses in Wild Waterfowl of the Western Coast of the Caspian Sea (2017–2020). *Viruses*, 2024, vol. 16, article id: 598. <https://doi.org/10.3390/v16040598>
28. Miller P.J., King D.J., Afonso C.L., Suarez D.L. Antigenic differences among Newcastle disease virus strains of different genotypes used in vaccine formulation affect viral shedding after a virulent challenge. *Vaccine*, 2007, vol. 25 (41), pp. 7238–7246. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2007.07.017>

КРИТЕРИИ АВТОРСТВА

Написание манускрипта Александра В. Глущенко, разработка дизайна исследования Александра В. Глущенко, проведение эксперимента Александра В. Глущенко, Ю. Каркавин, Ксения С. Юрченко, Любовь С. Адаменко, обработка и интерпретация результатов Александра В. Глущенко и Ксения С. Юрченко, рецензирование и редактирование Александра В. Глущенко. Все авторы в равной степени несут ответственность при обнаружении плагиата, самоплагиата или других неэтических проблем.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

AUTHOR CONTRIBUTIONS

Writing the manuscript by Alexandra V. Glushchenko, developing the design of the study by Alexandra V. Glushchenko, conducting the experiment by Alexandra V. Glushchenko, Yuriy I. Karkavin, Kseniya S. Yurchenko, Lyubov S. Adamenko, processing and interpreting the results by Alexandra V. Glushchenko and Kseniya S. Yurchenko, reviewing and editing by Alexandra V. Glushchenko. All authors are equally responsible for plagiarism, self-plagiarism and other ethical transgressions.

NO CONFLICT OF INTEREST DECLARATION

The authors declare no conflict of interest.

ORCID

Александра В. Глущенко / Alexandra V. Glushchenko <https://orcid.org/0000-0002-5784-0073>

Ксения С. Юрченко / Kseniya S. Yurchenko <https://orcid.org/0000-0002-0679-8493>

Любовь С. Адаменко / Lyubov S. Adamenko <https://orcid.org/0000-0001-3622>

Юрий И. Каркавин / Yuriy I. Karkavin <https://orcid.org/0000-0001-8320-6298>