

МИКРОБИОЛОГИЯ И ВИРУСОЛОГИЯ MICROBIOLOGY AND VIROLOGY

ЭКОЛОГИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ ЦИРКУЛЯЦИИ ПАРАМИКСОВИРУСОВ В ПОПУЛЯЦИЯХ ДИКИХ ПТИЦ НА ТЕРРИТОРИИ КОНТИНЕНТАЛЬНОЙ ЕВРАЗИИ

**Соломатина М.В.,
Казачкова Е.А.,
Шаршов К.А.,
Глуценко А.В.,
Шестопапов А.М.**

ФГБНУ «Федеральный
исследовательский центр
фундаментальной и трансляционной
медицины» (630060, г. Новосибирск,
ул. Тимакова, 2, Россия)

Автор, ответственный за переписку:
**Казачкова Евгения
Александровна**
e-mail:
kazachkova.evgeniya@gmail.com

РЕЗЮМЕ

Цель настоящей работы заключается в анализе видового распространения парамиксовирусов диких птиц на территории континентальной Евразии. Парамиксовирусы птиц (подсемейство Авулавирусы) — широко распространенные патогены птиц, постоянно циркулирующие в популяциях диких и домашних животных. Подсемейство Авулавирусы разделено на 3 рода, включающих 22 вида. Эпизотоологический надзор за авулавирусами ведется по всему миру и очень важен из-за их быстрого распространения благодаря миграциям птиц. Вирусы птиц способны нанести значительный экономический ущерб отрасли птицеводства. Их инфекционный потенциал представляет собой большой интерес и является малоизученным.

Через территорию континентальной Евразии проходит основная часть межконтинентальных перелетных путей мигрирующих птиц, где на ограниченной местности концентрируется огромное количество перелетных птиц во время стоянок, гнездования и зимовок, что создает благоприятные условия для распространения вирусов и возникновения новых генетических вариантов.

В результате многолетних исследований вирусов в популяциях диких птиц на территории континентальной Евразии были выделены образцы авулавирусов птиц АPMV-1, -3, -4, -6, -8, -9, -11, -12, -13, -16, -20, -21. По всей территории Евразии были выявлены АPMV-1 и АPMV-4, наиболее часто — у гусеобразных. Виды АPMV-3, -6, -9, -11, -12 были отмечены в европейской части Евразии, виды АPMV-8, -13, -20 в ее центральной части, виды АPMV-6, -16, -21 в азиатской части у гусеобразных, воробьинообразных, ржанкообразных, аистообразных, попугаевых.

Ключевые слова: парамиксовирусы птиц, авулавирусы, метаавулавирусы, ортоавулавирусы, параавулавирусы, континентальная Евразия, вирус болезни Ньюкасла, дикие птицы

Статья поступила: 11.09.2025
Статья принята: 07.07.2026
Статья опубликована: 23.07.2026

Для цитирования: Соломатина М.В., Казачкова Е.А., Шаршов К.А., Глуценко А.В., Шестопапов А.М. Экологические аспекты циркуляции парамиксовирусов в популяциях диких птиц на территории континентальной Евразии. *Acta biomedica scientifica*. 2026; 11(3): 47-56. doi: 10.29413/ABS.2026-11.3.6

ECOLOGICAL ASPECTS OF PARAMYXOVIRUS CIRCULATION IN WILD BIRD POPULATIONS ON THE TERRITORY OF CONTINENTAL EURASIA

**Solomatina M.V.,
Kazachova E.A.,
Sharshov K.A.,
Alekseev A.Yu.,
Shestopalov A.M.**

Institute of Virology, Federal Research
Center for Fundamental and Translational
Medicine (Timakov str., 2, Novosibirsk
630060, Russian Federation)

Corresponding author:
Evgeniya A. Kazachkova
e-mail:
kazachkova.evgeniya@gmail.com

ABSTRACT

Background. Avian paramyxoviruses (subfamily Avulavirinae) are widespread avian pathogens that constantly circulate in wild and domestic animal populations. The subfamily Avulavirinae is divided into 3 genera, comprising 22 species. Epizootic surveillance of avulaviruses is conducted worldwide and is of critical importance due to their rapid spread via bird migrations. Avian viruses can cause significant economic damage to the poultry industry both in developing countries and in regions with sustainable economic development. Their infectious potential is of great interest and remains poorly understood.

The majority of intercontinental flyways of migratory birds pass through the territory of continental Eurasia, where large numbers of migratory birds congregate in confined areas during stopovers, nesting and wintering. This creates favorable conditions for virus transmission and the emergence of new genetic variants.

Aim. To analyze the species distribution of paramyxoviruses in wild birds across continental Eurasia.

Materials and Methods. As a result of long-term studies of viruses in wild bird populations across continental Eurasia, avian avulavirus isolates were obtained.

Results. Avian avulavirus isolates of APMV -1, -3, -4, -6, -8, -9, -11, -12, -13, -16, -20, and -21 were obtained. APMV-1 and APMV-4 were detected throughout Eurasia, most frequently in Anseriformes. APMV-3, -6, -9, -11, and -12 were recorded in the European part of Eurasia, APMV-8, -13, and -20 in its central part, and APMV-6, -16, and -21 in the Asian part, in Anseriformes, Passeriformes, Charadriiformes, Ciconiiformes, and Psittaciformes.

Keywords: bird paramyxoviruses, avulaviruses, metaavulaviruses, orthoavulaviruses, paraavulaviruses, continental Eurasia, Newcastle disease virus, wild birds

Received: 11.09.2025
Accepted: 07.07.2026
Published: 23.07.2026

For citation: Solomatina M.V., Kazachova E.A., Sharshov K.A., Alekseev A.Yu., Shestopalov A.M. Ecological aspects of paramyxovirus circulation in wild bird populations on the territory of continental Eurasia. *Acta biomedica scientifica*. 2026; 11(3): 47-56. doi: 10.29413/ABS.2026-11.3.6

ВВЕДЕНИЕ

Вирусные патогены широко распространены и постоянно циркулируют в популяциях людей, животных, птиц, представляя собой большую угрозу для здоровья. Вирусы семейства парамиксовирусы (лат. *Paramyxoviridae*) имеют широкий круг хозяев, выделяются от рыб, рептилий, птиц, животных и человека по всему миру [1]. Вирусам птиц (подсемейство *Avulavirinae*) – авулавирусам, а именно вирусу болезни Ньюкасла (ВБН) уделяется особое внимание, так как они способны быстро распространяться по всему миру благодаря миграциям птиц. Также авулавирусы способны нанести значительный экономический ущерб отрасли птицеводства как в развивающихся странах, так и в регионах с устойчивым экономическим развитием. Многие из известных видов парамиксовирусов птиц были выявлены в результате проведения международных программ эпидемиологического надзора за вирусом гриппа.

Для проведения анализа видового распространения авулавирусов на территории континентальной Евразии поиск информации проводился по базам данных eLibrary.ru, CyberLeninka, ScienceJournals, Scopus, Web of Science, ScienceDirect, SpringerLink, PubMed за последние 10 лет.

Авулавирусы вызывают вирусные инфекции у различных видов домашних и диких птиц [2]. Также отмечено много случаев инфицирования синантропных видов птиц [3], которые являются отдельным резервуаром, где вирусы способны концентрироваться, сохраняться и видоизменяться. Синантропные птицы, заразившись авулавирусами от диких, способны инфицировать домашних птиц. Так описана передача вируса болезни Ньюкасла от голубя к цыплятам [4].

Вирус болезни Ньюкасла птиц, который относится к роду *Avian orthoavulavirus*, является высокопатогенным и способен вызвать массовые эпизоотии среди диких и домашних птиц. Последний факт особенно значим, так как представляет большую экономическую угрозу отраслям птицеводства в странах по всему миру. Так, консультативным комитетом Евразийской экономической комиссии по опасным патогенам ВБН отнесен к патогенам второй группы биологической опасности в Великобритании [5].

Инфекционный потенциал представителей других видов парамиксовирусов птиц (далее АРМВ) еще мало изучен. Однако последнее время эти вирусы все чаще выделяются от диких и домашних птиц по всему миру и представляют собой потенциальную угрозу здоровью, так как инфицирование птиц вирусами некоторых видов (парамиксовирусы птиц -2, -3) сопровождается поражением респираторного тракта, снижением яйценоскости, появлением признаков заболевания нервной системы [5]. Также есть вероятность инфицирования других видов животных кроме птиц. Так было показано, что парамиксовирусы птиц 1–9, кроме парамиксовируса птиц -5, способны реплицироваться у мышей и хомяков при интраназальном инфицировании, а парамиксовирусы птиц -1,-2,-6,-7,-9 вызывают

бронхо-интерстициальную пневмонию различной степени тяжести и значительную потерю веса [6].

Классификация

Парамиксовирусы птиц относятся к подсемейству *Avulavirinae*, который входит в состав семейства *Paramyxoviridae*. Деление на виды основано на реакциях торможения гемагглютинации и ингибирования нейроминидазной активности. Согласно последним данным о таксономии порядок *Mononegavirales* подсемейство *Avulavirinae* включает в себя 3 рода [7]:

Род *Metaavulavirus* (14 видов *Metaavulavirus*, включающие вирусы *Avian metaavulavirus* -2, -6; *Avian paramyxovirus* -2, -5-8, -10, -11, -14, -15, -20, -22);

Род *Orthoavulavirus* (11 видов *Orthoavulavirus*, включающие вирусы *Orthoavulavirus* sp. *Virus*, *Antarctic penguin virus* A, B, C, *APMV* -1, -9, -12, -13, -16, -21, *AOAV* -12);

Род *Paraavulavirus* (включающий виды *Paraavulavirus* -3, -4).

Вирусы АРМВ -1, -9, АРМВ -2, -5-8 и виды АРАВ -3, -4 были выделены и охарактеризованы до 1980 года, АРМВ -10, -11, АРМВ -12, -13 – в период с 2005 по 2013 год. Вид АРМВ -14, выделенный от утки в Японии в 2011 году [8], АМАВ-15, выделенный от кулика (*Бонапартов песочник*, семейство *Бекасовых*) в Бразилии в 2012 году [9], и АРМВ -16, выделенный в Южной Корее от дикой утки в 2014 году [10], были включены в подсемейство *Avulavirinae* в 2018 году [11]. Вирусы *Antarctic penguin virus* A, B, C были изолированы от антарктических пингвинов (*Chinstrap penguin*, *Adelie penguin*) в 2017 году [12]. Также в 2013 и 2014 годах на территории Казахстана от чаек был выделен АМАВ-20 (GenBank: *MH844489.1*) [13]. АРМВ-21 был изолирован от диких птиц в Южной Корее в 2017 году [14]. АРМВ-22 был выделен из образцов, взятых от красной горлицы в Тайване [15].

Экологические аспекты циркуляции авулавирусов в популяции диких птиц на территории континентальной Евразии

Континентальная Евразия представляет собой обширную территорию, через которую проходит основная часть межконтинентальных перелетных путей мигрирующих птиц: Восточноазиатско-Австралийский, Центральноеазиатский, Западноазиатско-Восточноафриканский, Средиземноморско-Черноморский и Атлантический миграционные пути [16], где на ограниченной местности концентрируется огромное количество перелетных птиц во время стоянок, гнездования и зимовок. На данный момент насчитывается около 250 видов диких птиц, являющихся природными переносчиками ВБН и других видов авулавирусов. Таким образом, создаются благоприятные условия для дальнейшего распространения различных типов авулавирусов среди птиц и инфицирования здоровых особей. В связи с этим очень важным являются мониторинг вирусных заболеваний среди птиц, а также характеристика полученных изолятов вирусов. Мониторинг авулавирусов в естественных условиях, а также в районах высокого риска передачи вирусов между домашней и дикими

птицами, даст сведения об экологии, эпизоотологии и генетических связях вирусов. Эти данные могут дать представление о циркулирующих в настоящее время типах вирусов и способствовать оценке рисков возникновения эпизоотий в популяциях домашней и дикой птицы.

Экологические аспекты циркуляции Avian Avulavirus-1 в популяции диких птиц

Avian Avulavirus-1 на данный момент является наиболее изученным, так как включает в себя все штаммы ВБН, экономически значимого для птицеводства ввиду высокой контагиозности вызываемого им заболевания у коммерческой и домашней птицы. Инфицирование вирусами этого вида может различаться по степени тяжести заболевания – от бессимптомного или слабо выраженного носительства до серьезных заболеваний, сопровождаемых повышением температуры тела, поражением органов респираторной системы, пневмонией, множественными геморрагическими поражениями внутренних органов, поражениями ЦНС, энцефалитом, приводящих к летальному исходу [5]. По степени патогенности эти штаммы подразделяются на велогенные, мезогенные и лентогенные типы. Различный уровень патогенности обуславливается разным составом аминокислотной последовательности сайта расщепления протеазой белка-предшественника F_0 [17]. Штаммы ВБН вызывают вирусные заболевания у дикой и домашней птицы. В отдельную группу выделяют штаммы авулавруса-1, инфицирующие диких и домашних голубей, которые также являются контагиозными для птиц других видов, что в первую очередь представляет угрозу для популяций домашней и коммерческой птицы [17].

ВБН является эндемичным для развивающихся стран Африки, Азии (Индия, Пакистан, Иран) и Центральной Америки с преобладанием сельскохозяйственной экономики, в которых птицеводство играет значительную роль. Несмотря на программы вакцинации, периодические вспышки заболевания регистрируются и в развитых странах, таких как США, Австралия, и ЕС. Впервые ВБН был охарактеризован в 1926 году в Индонезии и Великобритании, затем в 1928 – в Индии, и в 1920–1950-е годы вызвал первую волну панзоотии болезни Ньюкасла птиц. Далее вирус распространился на восточные регионы Евразии, вызвав вторую волну эпизоотий в странах Среднего Востока и Европы в 1960-х годах. Филогенетический анализ показал родство изолятов, собранных в Дании, Швеции, Швейцарии и Австрии с изолятами среднего Востока 1960-х, тогда как изоляты из Германии, Бельгии, Нидерландов, Италии, Испании имели более позднее происхождение и явились новыми для европейского региона и были генетически сходны с изолятами из Дальнего Востока [18]. В 80-е годы XX века крупных вспышек ВБН в странах европейского региона не наблюдалось, но с начала в 90-х число зарегистрированных случаев ВБН постоянно увеличивается. В 1996 г. ВБН вызвал вспышки заболевания в скандинавских странах, а генетически близкий к нему ВБН

был выделен у птиц в Германии в 1993–1996 годах, затем в Финляндии и Дании в 2001 году [19], а также в Швеции и Дании в 2002–2004 гг. Также в период 2000–2009 и в 2016 году регулярно отмечались случаи инфицирования голубей ВБН на территории Европы. В Швейцарии в 1996 году при серологическом исследовании у 10 % диких птиц были найдены антитела к АРМВ-1. Отдельные вспышки эпизоотий ВБН регистрировались в Италии с 1990 года, а затем практически ежегодно с 2000 по 2009 год в популяции диких крякв. В 2005 году были выделены штаммы РРМВ-1 от птиц различных видов: кряква (отряд гусеобразные) и зарянки (отряд воробьинообразные), также сходные изоляты были выделены в северной части Италии от голубей. Случаи ВБН были зарегистрированы в Австрии в 2004 и во Франции в 2006 годах у птиц семейства голубиные [19]. При вирусологическом скрининге проб, взятых от диких водоплавающих птиц в Финляндии в 2006–2010 годах, было обнаружено 39 штаммов ВБН. Наиболее часто положительные пробы на ВБН встречались у евразийских чирков и крякв. Наибольшая частота встречаемости вируса ВБН среди диких птиц была зарегистрирована в 2010 году и составила 11,8 %. Филогенетический анализ этих проб выявил их близкое родство со штаммами от диких птиц и домашних птиц Китая [20]. В 2010 году было проведено исследование распространенности ВБН среди диких популяций крякв, пойманных на территории Швеции в период осенней миграции в 2010 году, в результате которого было установлено, что 1 % от общего количества птиц был инфицирован ВБН. Филогенетический анализ исследованных штаммов показал их близкое родство со штаммами из центральной и северной Европы, а также с небольшой группой штаммов, выделенных от птиц из юго-восточной части Китая [20]. Обнаруженные в 2006–2008 годах штаммы ВБН в популяции диких водоплавающих птиц на территории Люксембурга были генетически близки к вирусам, выявленным у птиц в Финляндии. Эти данные позволяют предположить о возможности распространения ВБН перелетными птицами [21]. В Сербии ВБН был выявлен у диких птиц (кряква, евразийский перепелятник, кольчатая горлица, дикий голубь) в 2007 году, филогенетически близкий штаммам из Китая. Однако было отмечено, что выделенный на территории Сербии штамм был генетически схож с образцами, наиболее часто выделяемыми в Европе на тот момент у домашней птицы, что позволяло предположить, что источником инфекции для диких птиц могли служить домашние птицы [19]. С 2010 по 2016 год в Каталонии (север Испании) было обнаружено 35 летальных случаев среди диких птиц, вызванных ВБН, при этом число заражений увеличилось в течение этого времени. Большинство случаев было зафиксировано в период с сентября по февраль и объясняется авторами исследования тем, что в этот период условия для сохранения вируса в окружающей среде (в воде) наиболее благоприятные, так как ВБН распространяется фекально-оральным путем [22]. При

мониторинге вирусных инфекций в Румынии в период с 2010 по 2016 год антитела к ВБН выявлены у 5,4 % популяции диких птиц впервые на этой территории [23]. Эти данные свидетельствуют об активной циркуляции штаммов ВБН среди диких водоплавающих птиц, птиц семейства голубиные, а также дальнейшем распространении ВБН на территории континентальной Европы [24]. На территории России в 2001 году в Астраханской области в районе бассейна реки Волги были выделены изоляты ВБН от диких птиц: малая крачка, большой баклан, лысуха, пестроногая крачка, травник (красноножка). В 2001 году при вирусологическом мониторинге популяций диких птиц Приморья был выделен штамм ВБН. В 2004 году штамм ВБН был выделен от чирков, который обладал большими патогенными свойствами по сравнению с образцом 2001 года [25]. Также изоляты ВБН были выделены от дикой утки в 2008 году в Адыгее и в 2010 году от голубя на Алтае [26]. В 2011 году выделен ВБН от дикой кряквы на территории Якутии, филогенетически близкий штаммам Китая, Японии, Южной Кореи [27]. С 1998 по 2005 год наблюдались периодические вспышки ВБН птиц среди домашней птицы в Казахстане и Кыргызстане [28]. При вирусологическом мониторинге в 2011 и 2014 годах вирусы вида APMV-1 были обнаружены у диких птиц из 17 семейств в девяти различных регионах Казахстана [28]. Девять изолятов ВБН были выделены при вирусологическом анализе диких птиц в Южной Корее в период 2007–2010 года, и было отмечено их сходство с изолятами от птиц с рынков живых птиц Кореи и Китая, что подтверждает роль диких перелетных птиц в распространении ВБН [29]. Регулярные вспышки ВБН птиц регистрируются в Китае с 1996 года. Генетический анализ изолятов ВБН показал, что ВБН способен активно мутировать, образуя уникальные варианты с новыми свойствами и патогенным потенциалом, способные вызвать панзоотию заболевания в азиатском регионе в будущем [30]. В Индии в 2012 году были зарегистрированы случаи инфицирования диких павлинов штаммами ВБН, генетически родственными штаммам Западной Европы, Израиля, Индонезии, Тайваня и Индии [31]. Большое количество вспышек ВБН было зарегистрировано в Пакистане в течение 2010–2012 годов, в том числе и среди диких птиц, содержащихся в неволе [17]. Приведенные данные показывают, что ВБН птиц постоянно присутствует и непрерывно циркулирует на территории европейской и азиатской части Евразии, периодически вызывая эпизоотии среди диких и домашних птиц. Случай смешанного инфицирования дикой кряквы ВБН и Avian Avulavirus-4 был отмечен в Израиле в 1997 году. Факт существования смешанного инфицирования разными видами парамиксовирусов одной особи имеет большое значение для эпизоотологии, так как может изменять проявление клинических признаков течения заболеваний, усиливая или ослабляя их [32].

По результатам отчетов о выявлении парамиксовирусов птиц на территории Европейского союза

в 2016 году 12 стран сообщили об отсутствии изолятов парамиксовирусов на своей территории (Хорватия, Эстония, Финляндия, Венгрия, Северная Ирландия, Латвия, Литва, Люксембург, Норвегия, Польша, Греция), 19 стран сообщили об обнаружении парамиксовирусов птиц на своей территории. При этом в 11 странах Европейского союза были зафиксированы случаи выявления авулавирuсов у диких птиц: в Австрии – Avian Avulavirus-1 у диких голубей, в Бельгии – Avian Avulavirus-1 у голубей, Avian Avulavirus-3 у птиц семейства попугаевых в неволе, Avian Avulavirus-6 у крякв. На Кипре выявлены положительные пробы Avian Avulavirus-1 у городских голубей, в Чешской республике – Avian Avulavirus-1 у кольчатой горлицы, в Дании Avian Avulavirus-1,4 у диких крякв и Avian Avulavirus-9 у крякв с фермы. Во Франции Avian Avulavirus-1 – у горлицы и голубей, в Италии – у горлицы и перепелятника, в Голландии – у диких и городских уток, в Португалии – у обыкновенной и кольчатой горлицы, в Словакии – у голубей и обыкновенной горлицы, в Испании – у горлиц, евразийских сов, и голубей. В заключение итогового отчета о детекции парамиксовирусов птиц отмечено, что на территории стран Европейского Союза в 2016 году зафиксировано 3 эпизоотии ВБН птиц по сравнению с 2-мя эпизоотическими случаями в 2015 году, что свидетельствует о постоянной и увеличивающейся угрозе возникновения новых эпизоотий. Также отмечено большое количество случаев инфекции у голубей и птиц семейства голубиных, что может способствовать распространению вирусов в популяциях коммерческих и домашних птиц. Также подчеркивается особая важность мониторинга не только Avian Avulavirus-1, но и других видов авулавирuсов птиц [33]. Мониторинг других видов Avian Avulavirus показал постоянное их присутствие в популяциях диких птиц континентальной Евразии. Так при серологическом исследовании у 18 видов диких птиц в Андалусии (юг Испании) в 1990–1992 годах были обнаружены антитела ко всем видам Avian Avulavirus-1-9 кроме Avian Avulavirus-5. При этом среди птиц водной фауны доминировали Avian Avulavirus-8 (43 %) и Avian Avulavirus-6 (21 %) преимущественно у птиц семейства гусеобразных, а среди неводных видов птиц наибольшую долю составил Avian Avulavirus-2 (60 %) у воробьев. Также отмечено, что наибольший уровень антител к авулавирuсам регистрировался в период с мая по сентябрь во время наиболее плотной численности молодых особей в птичьих стаях [3].

Экологические аспекты циркуляции Avian Avulavirus-3 в популяции диких птиц

Случай выделения штамма вида Avian Avulavirus-3 был отмечен лишь один раз – от птиц семейства попугаевых в Бельгии в 2016 году. Инфицирование Avian Avulavirus-3 вызывало энцефалит у птиц данного семейства. Также Avian Avulavirus-3 способен заражать цыплят и индеек, вызывая поражение респираторной системы разной степени тяжести, панкреатит и поражения ЦНС у птиц семейства воробьиные [5, 33].

Экологические аспекты циркуляции Avian Avulavirus-4 в популяции диких птиц

Вид Avian Avulavirus-4 получил широкое распространение на территории континентальной Евразии. Как правило, Avian Avulavirus-4 выделялся от диких водоплавающих птиц. Впервые был выделен от утки в Гонконге в 1975 году, далее изолировался от крякв, серых уток, чирков и гусей при проведении программ эпиднадзора в США и Китае. На территории Евразии Avian Avulavirus-4 был выделен в Италии от крякв и уток и в Бельгии от крякв в 2006 и 2007 годах соответственно [34]. В 2016 году был выделен у диких крякв в Дании [33]. На территории Украины случаи изоляции Avian Avulavirus-4 были зарегистрированы в 2010 году от кряквы, чирка, скворца, в 2011–2013 от крякв, в 2014 от чирков [35]. На территории России Avian Avulavirus-4 был выделен от чирков в 2017 и 2018 годах, от кряквы в 2019 году [25]. В Казахстане – у диких птиц семейства гусеобразные на территории озера Алаколь и кроншнепа на побережье Каспийского моря в 2003 и 2009 годах [36]. На территории Монголии – у крякв в 2012 году [37]. В Китае изоляты Avian Avulavirus-4 были выделены в период 2012–2016 гг. от диких водоплавающих птиц (кряква, лебедь, гуменник, серая утка) [38]. На территории Южной Кореи образцы Avian Avulavirus-4 были выделены в 2006, 2007, 2009–2014, 2016, 2017 годах от диких водоплавающих птиц (кряква, серая утка) [39]. Патогенетический потенциал Avian Avulavirus-4 мало изучен. Экспериментальное заражение цыплят вызывало пневмонию средней степени тяжести и катаральный трахеит.

Экологические аспекты циркуляции Avian Avulavirus-6 в популяции диких птиц

Avian Avulavirus-6 также чаще всего выделяют от диких водоплавающих птиц. Впервые этот серотип был выделен в 1977 году в Гонконге от утки. В 2007 году изолят, выделенный от чирка в Италии, был охарактеризован как Avian Avulavirus-6. [5]. Также был выделен в 2007 и 2016 году в Бельгии [33]. В 2003 году в России на территории Приморья от обыкновенных цапель [3], в 2009 году от чирка [40]. На территории Казахстана – от красноногого нырка в 2013 году [41]. В Китае образцы Avian Avulavirus-6 были выделены от диких крякв в 2001, 2011 и 2015 годах [41]. В Южной Корее – от диких уток в 2010, 2011, 2013, 2014 годах [42]. Инфекционные свойства Avian Avulavirus-6 слабо изучены. Известно, что Avian Avulavirus-6 авирулентен для цыплят, но вызывает заболевания респираторной системы средней степени тяжести и снижение яйценоскости у индеек.

Экологические аспекты циркуляции Avian Avulavirus-8 в популяции диких птиц

Avian Avulavirus-8 впервые был выделен от канадской казарки в 1976 году среди водоплавающих птиц Атлантического пролетного пути, затем от дикой утки-шилохвосты в 1978 году в Японии. На территории Евразии изоляты Avian Avulavirus-8 были выделены в Монголии от диких водоплавающих птиц в 2012 году

[37] и в Казахстане от диких водоплавающих птиц (куликов, лебедей-кликунов, белолобого гуся) в 2013 году [36]. Чаще всего изоляты Avian Avulavirus-8 выделялись у водоплавающих птиц, но отмечен случай обнаружения АТ к Avian Avulavirus-8 у цыплят, а также способность к репликации у млекопитающих (хомяки, мыши, макаки-резус).

Экологические аспекты циркуляции Avian Avulavirus-9 в популяции диких птиц

Случаи выделения Avian Avulavirus-9 были зарегистрированы в Италии в 2004, 2007, 2008 годах у диких водоплавающих птиц семейства утиные (шилохвость, кряква, свиязь) [5]. В Дании в 2016 году отмечен случай инфицирования Avian Avulavirus-9 крякв, содержащихся на ферме. Avian Avulavirus-9 способен инфицировать животных других видов (мыши, хомяки, макаки) с проявлением признаков заболевания.

Экологические аспекты циркуляции Avian Avulavirus-11 в популяции диких птиц

В 2010 году во Франции был выделен изолят Avian Avulavirus-11 от бекаса, средой обитания этих птиц являются топкие берега водоемов, болотистая местность. Филогенетически наиболее близким к нему видом является Avian Avulavirus-2. Образец Avian Avulavirus-11 был выделен от птицы без клинических признаков заболевания, патогенный потенциал и вирулентные свойства этого вида еще не изучены [5].

Экологические аспекты циркуляции Avian Avulavirus-12 в популяции диких птиц

В Италии в 2005 году в рамках программы эпиднадзора по вирусу гриппа был получен изолят Avian Avulavirus из клоакальных смывов свиязи (отряд гусеобразные), который был охарактеризован как новый вид Avian Avulavirus-12. При серологических исследованиях с антителами Avian Avulavirus-1-9 было показано генетическое родство изолята Avian Avulavirus-12 с Avian Avulavirus-1 и менее выраженное с Avian Avulavirus-9. В тестах вирулентности на суточных цыплятах была показана низкая вирулентность Avian Avulavirus-12 для цыплят (ICPI 0,45) [5].

Экологические аспекты циркуляции Avian Avulavirus-13 в популяции диких птиц

Avulavirus-13 был выделен во время ежегодного вирусного надзора за популяциями диких птиц в Казахстане в 2013 году от белолобого гуся. Филогенетически Avian Avulavirus-13 наиболее близок к Avian Avulavirus-12, а также к Avian Avulavirus-1 и Avian Avulavirus-9 [43].

Экологические аспекты циркуляции Avian Avulavirus-16 в популяции диких птиц

В 2014 году в рамках программы эпиднадзора за гриппом птиц в юго-восточной части Южной Кореи был выделен новый образец парамиксовируса из фекалий диких птиц, обитающих в водно-болотной

местности. Морфологически вирусные частицы имели плеоморфную форму с типичным для парамиксовирусов расположением поверхностных гликопротеидов. Серологические тесты показали, что данный образец парамиксовируса представляет собой новый вид Avian Avulavirus-16. Филогенетически он наиболее тесно связан с Avian Avulavirus-1, затем Avian Avulavirus-9, -12 и в меньшей степени -13. При серологических исследованиях проб от различных видов диких птиц Avian Avulavirus-16 был найден только у диких птиц отряда гусеобразные (евразийский чирок, европейская свистуха, кряква и пестроносая кряква) [10].

Экологические аспекты циркуляции Avian Avulavirus-20 в популяции диких птиц

На территории Казахстана в 2013, 2014 годах из образцов носоглоточных и клоакальных смывов дикой чайки-черноголового хохотуна (отряд ржанкообразные) был выделен новый парамиксовирус птиц, охарактеризованный как Avian Avulavirus-20. При морфологическом исследовании было показано, что вирионы имеют строение, характерное для парамиксовирусов. Вирусологические исследования показали отсутствие патогенных свойств Avian Avulavirus-20 при инфицировании цыплят. Важно отметить тот факт, что Avian Avulavirus-20 был выделен от птиц только семейства чайковые, тогда как большинство видов авулавирусов характерны для птиц семейства утиные. Можно предположить, что птицы отряда ржанкообразные обладают большей чувствительностью к Avian Avulavirus-20 [13].

Экологические аспекты циркуляции Avian Avulavirus-21 в популяции диких птиц

В 2015 году новый парамиксовирус птиц Avian Avulavirus-21 был выделен из фекалий диких перелетных птиц в Южной Корее (залив Чонсу, западный регион Южной Кореи). Среди диких птиц, встречающихся на этой территории, обитает много водоплавающих птиц, таких как белолобый гусь, гуменник, черный журавль, огарь, белохвостый песочник, фифи, поручейник, желтоклювая цапля, обыкновенная колпица, а также встречаются японский канюк, чеглок, седоголовая овсянка, японский сорокопуд [14].

Проблемы вакцинации

В настоящее время для вакцинации от ВБН домашней и коммерческой птицы используются низкопатогенные штаммы, такие как LaSota. Но остается под вопросом их способность обеспечить достаточно эффективный иммунный ответ против новых диких штаммов, филогенетически далеких от вакцинных [19, 44]. Еще одна проблема вакцинации птиц на сегодняшний день связана с межвидовой передачей вакцинных штаммов вирусов от домашней птицы к дикой. Так, различные вспышки заболеваний, вызванных вакцинными штаммами среди диких птиц, были выявлены в Мексике, Японии, Финляндии [44, 45]. В связи с данной ситуацией следует пересмотреть стратегию и критерии выбора вакцинных штаммов. Также необходим

непрерывный мониторинг диких и синантропных видов птиц на наличие вирусных инфекций.

Практическое применение авулавирусов

У ряда представителей парамиксовирусов (ВБН) был обнаружен онколитический эффект, что позволяет использовать их в разработке средств противоопухолевой терапии [46].

Особенности репликации и консервативные свойства генома делают их подходящими и безопасными для создания векторных вакцин. На данный момент остро стоит проблема создания эффективных вакцин против высоковирулентных штаммов ВБН. В качестве живых ослабленных вакцин против ВБН в настоящее время применяют природные штаммы ВБН с низкой вирулентностью. Но в результате плановых вакцинаций домашняя птица в ряде случаев становится менее чувствительна к применяемым в настоящее время вакцинам. Виды авулавирусов, не вызывающих клинических признаков заболевания, могут быть использованы в качестве материала для создания рекомбинантных вакцин от ВБН [47].

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Из приведенных данных видно, что основными носителями авулавирусов среди диких птиц являются водоплавающие птицы. Самым распространенным и наиболее изученным является Avian Avulavirus-1, известный как вирус болезни Ньюкасла. Его резервуаром и переносчиком в дикой природе чаще всего являются птицы отрядов гусеобразные и голубинообразные. Зафиксированы случаи выявления Avian Avulavirus-1 у птиц отрядов воробьинообразные, курообразные, гагарообразные, совообразные и ястребообразные, что свидетельствует о большом разнообразии потенциальных хозяев и переносчиков данного вируса. Особое внимание к данному варианту авулавирусов объясняется тем, что он вызывает массовые эпизоотии среди домашних птиц, прежде всего у курей.

Avian Avulavirus-3 был выделен только один раз (Бельгия) от попугаевых в неволе на европейской территории континентальной Евразии.

Avian Avulavirus-4 чаще всего регистрировался на азиатской территории Евразии (Китай, Южная Корея). Avian Avulavirus-4 выделялся от водоплавающих птиц отряда гусеобразные, но также был выделен от воробьинообразных и ржанкообразных.

Avian Avulavirus-6 был зарегистрирован на всей территории Евразии у птиц отряда гусеобразные и аистообразные.

Avian Avulavirus-8 был выделен в центральной Евразии на территории Казахстана и Монголии от птиц отрядов гусеобразных и воробьинообразных.

Avian Avulavirus-9 был зарегистрирован только в европейской части Евразии у гусеобразных.

Avian Avulavirus-11 был выделен только один раз – во Франции от бекаса (отряд ржанкообразных).

Avian Avulavirus-12 был выделен от птиц семейства утиные в европейской части Евразии (Италия). Avian Avulavirus-13 (от птиц отряда гусеобразных) и Avian Avulavirus-20 (от птиц отряда ржанкообразных) были выделены в центральной части Евразии (Казахстан). Avian Avulavirus-16 был выделен от птиц семейства утиные в Южной Корее в азиатской части континентальной Евразии. Avian Avulavirus-21 был выделен от диких перелетных птиц в Южной Корее.

Проведённый анализ имеющихся литературных данных показал, что авулавирусы широко распространены в популяциях диких птиц на всей территории Евразии. Эпидемический и эпизоотический потенциал этих вирусов, за исключением Avian Avulavirus-1 (вирус болезни Ньюкасла), в настоящее время слабо изучен и возможно эти вирусы несут потенциальную опасность для человека и особенно для птицеводства, что указывает на необходимость мониторинга за ними в дикой природе.

Финансирование

Аналитические работы, связанные с Avian Avulavirus-1 (вирус болезни Ньюкасла), выполнены в рамках гранта Российского научного фонда № 25-44-02015. Аналитические работы, связанные с другими вариантами Avian Avulavirus выполнены в рамках Государственного задания 125031903984-1.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

- MacLachlan NJ, Dubovi JE. *Paramyxoviridae and Pneumoviridae. Fenner's Veterinary Virology*. NY: Elsevier; 2017.
- Kaleta EF, Broden M. Detection, significance and control of paramyxoviruses in birds. *Tierarztl Prax*. 1994; 22(4): 329–33.
- Korotetskiĭ IS, Bogoiavlenskii AP, Prilipov AG, Usachev EV, Usacheva OV, Turgambetova AS. Molecular genetic characteristics of the newcastle disease virus velogenic strains isolated in Russia, Ukraine, Kazakhstan, and Kirghizia. *Vopr Virusol*. 2010; 55(4): 29–32.
- Ellakany HF, Elbestawy AR, Abd El-Hamid HS, Zedan RE, Gado AR, Taha AE, et al. Role of Pigeons in the Transmission of Avian Avulavirus (Newcastle Disease-Genotype VIId) to Chickens. *Animals (Basel)*. 2019; 9(6): 338. doi: 10.3390/ani9060338
- Alexander DJ. Newcastle disease and other avian paramyxoviruses. *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz.* 2000; 19(2): 443–462. doi: 10.20506/rst.19.2.1231 Experimental infection of mice with avian paramyxovirus serotypes 1 to 9.
- Khattar SK, Palaniyandi S, Samal S, LaBranche CC, Montefiori DC, Zhu X, et al. Evaluation of humoral, mucosal, and cellular immune responses following co-immunization of HIV-1 Gag and Env proteins expressed by Newcastle disease virus. *Hum Vaccin Immunother*. 2015; 11(2): 504–15. doi: 10.4161/21645515.2014.987006
- Rima BK, Collins PL, Easton AJ, et al. *Implementation of taxon-wide non-Latinized binomial species names in the family Paramyxoviridae*. Report number: ICTV [International Committee for Taxonomy of Viruses] Proposal (Taxoprop). 2016; No. 2016.011a M.
- Thampaisarn R, Bui VN, Trinh DQ, Nagai M, Mizutani T, Omatsu T, et al. Characterization of avian paramyxovirus serotype 14, a novel serotype, isolated from a duck fecal sample in Japan. *Virus Res*. 2017; 228: 46–57. doi: 10.1016/j.virusres.2016.11.018
- Thomazelli LM, de Araujo J, Fabrizio T, Walker D, Reischak D, Ometto T, et al. Novel avian paramyxovirus (APMV-15) isolated from a migratory bird in South America. *PLoS One*. 2017; 12(5): e0177214. doi: 10.1371/journal.pone.0177214
- Lee HJ, Kim JY, Lee YJ, Lee EK, Song BM, Lee HS, et al. A Novel Avian Paramyxovirus (Putative Serotype 15) Isolated from Wild Birds. *Front Microbiol*. 2017; 8: 786. doi: 10.3389/fmicb.2017.00786
- Amarasinghe GK, Arechiga NG, Ceballos A, Banyard C, Basler CF, Bavari S, et al. Taxonomy of the order Mononegavirales: update 2018. *Archives of Virology*. 2018; 163(8): 2283–2294. doi: 10.1007/s00705-018-3814-x
- Wille M, Aban M, Wang J, Moore N, Shan S, Marshall J, et al. Antarctic penguins as reservoirs of diversity for avian avulaviruses. *J Virol*. 2019; 93(11): e00271-19. doi: 10.1128/JVI.00271-19
- Карамендин К.О., Саятов М.К., Кыдырма-нов А.И., Касымбеков И др., Асанова С.Е., Даулбаева К.Д. и др. Молекулярно-генетическая характеристика штаммов птичьего авулавируса -20, выделенных от диких птиц. *Вопросы вирусологии*. 2019; 64(4): 185–192. doi: 10.36233/0507-4088-2019-64-4-185-192
- Jeong J, Kim Y, An I, Wang SJ, Kim Y, Lee HJ, et al. Complete genome sequence of a novel avian paramyxovirus isolated from wild birds in South Korea. *Arch. Virol*. 2018; 163(1): 223–227. doi: 10.1007/s00705-017-3588-6
- Liu YP, Kuo ST, Chiou CJ, Terregino C, Tsai HJ. Novel avian metaavulavirus isolated from birds of the family Columbidae in Taiwan. *Vet Microbiol*. 2019; 236: 108377. doi: 10.1016/j.vetmic.2019.07.029
- Veen J, Yurlov AK, Delany SN, Mihantiev AI, Selivanova MA Boere GC. *An atlas of movements of Southwest Siberian waterbirds*. Wetlands International; 2005.
- Rahman AU, Munir M, Shabbir MZ. A comparative genomic and evolutionary analysis of circulating strains of Avian Avulavirus 1 in Pakistan. *Mol Genet Genomics*. 2019; 294(5): 1289–1309. doi: 10.1007/s00438-019-01580-w
- Hussain A, Wajid A, Ather S, Alyas K, Awais M, Khan MR, et al. Isolation and genetic characterization of virulent strains of avian paramyxovirus-1 from multiple avian species in Azad Jammu and Kashmir 2017–2018. *Braz J Microbiol*. 2020; 51(1): 385–394. doi: 10.1007/s42770-019-00193-0
- Alexander DJ. Newcastle disease in the European Union 2000–2009. *Avian Pathology*. 2011; 40 (6): 547–558. doi: 10.1080/03079457.2011.618823
- Fan S, Wang T, Gao X, Ying Y, Li X, Li Y, et al. Phylogenetic analysis of Newcastle disease viruses isolated from wild birds in the Poyang Lake region of China. *J Vet Med Sci*. 2015; 77(9): 1143–9. doi: 10.1292/jvms.14-0080

21. Wille M, Eden JS, Shi M, Klaassen M, Hurt AC, Holmes EC. Virus-virus interactions and host ecology are associated with RNA virome structure in wild birds. *Mol Ecol*. 2018; 27(24): 5263–5278. doi: 10.1111/mec.14918
22. GOV. UK. *Newcastle disease in Europe*. <https://www.gov.uk/government/publications/newcastle-disease-in-europe> [Date of access: April 20, 2024].
23. Napp S, Alba A, Rocha AI, Sánchez A, Rivas R, Majón N, et al. Six-year surveillance of Newcastle disease virus in wild birds in north-eastern Spain (Catalonia). *Avian Pathol*. 2017; 46(1): 59–67. doi: 10.1080/03079457.2016.1206177
24. Paştıu AI, Pap PL, Vágási CI, Niculae M, Páll E, Domşa C, et al. Wild Birds in Romania Are More Exposed to West Nile Virus Than to Newcastle Disease Virus. *Vector Borne Zoonotic Dis*. 2016; 16(3): 176–80. doi: 10.1089/vbz.2015.1805
25. Murashkina T, Sharshov K, Gadzhiev A, Petherbridge G, Derko A, et al. Avian Influenza Virus and Avian Paramyxoviruses in Wild Waterfowl of the Western Coast of the Caspian Sea (2017–2020). *Viruses*. 2024; 16(4): 598. doi: 10.3390/v16040598
26. Kabilov MR, Alikina TY, Yurchenko KS, Glushchenko AV, Gunbin KV, Shestopalov AM, et al. Complete Genome Sequences of Two Newcastle Disease Virus Strains Isolated from a Wild Duck and a Pigeon in Russia. *Genome Announc*. 2016; 4(6): e01348–16. doi: 10.1128/genomeA.01348-16
27. Yurchenko KS, Sobolev IA, Glushchenko AV, Shestopalov AM. Complete Genome Sequence of Genotype Ib Newcastle Disease Virus Isolated from a Mallard (*Anas platyrhynchos*) in Russia. *Genome Announc*. 2015; 3(6): e01414-15. doi: 10.1128/genomeA.01414-15
28. Orynbayev MB, Fereidouni S, Sansyzbai AR, Seidakhmetova BA, Strochkov VM, Nametov AM, et al. Genetic diversity of avian avulavirus 1 (Newcastle disease virus genotypes VIg and VIb) circulating in wild birds in Kazakhstan. *Arch Virol*. 2018; 163(7): 1949–1954. doi: 10.1007/s00705-018-3815-9
29. Kim BY, Lee DH, Kim MS, Jang JH, Lee YN, Park JK, et al. Exchange of Newcastle disease viruses in Korea: The relatedness of isolates between wild birds, live bird markets, poultry farms and neighboring countries. *Infection, Genetics and Evolution*. 2012; 12(12): 478–482. doi: 10.1016/j.meegid.2011.12.004
30. Wang JY, Liu WH, Ren JJ, Tang P, Wu N, Wu HY, et al. Characterization of emerging Newcastle disease virus isolates in China. *Virology J*. 2015; 12: 119. doi: 10.1186/s12985-015-0351-z
31. Desingu PA, Singh SD, Dhama K, Vinodh Kumar OR, Barathidasan R, Malik YS, et al. Molecular characterization, isolation, pathology and pathotyping of peafowl (*Pavo cristatus*) origin Newcastle disease virus isolates recovered from disease outbreaks in three states of India. *Avian Pathol*. 2016; 45(6): 674–682. doi: 10.1080/03079457.2016.1198005
32. Shihmanter E, Weisman Y, Manwell R, Alexander D, Lipkind M. Mixed paramyxovirus infection of wild and domestic birds in Israel. *Vet Microbiol*. 1997; 58: 73–78. doi: 10.1016/s0378-1135(97)00147-8
33. Gogoi P, Ganar K, Kumar S. Avian Paramyxovirus: A Brief Review. *Transbound Emerg Dis*. 2017; 64(1): 53–67. doi: 10.1111/tbed.12355
34. Aziz-Ul-Rahman, Munir M, Shabbir MZ. Comparative evolutionary and phylogenomic analysis of Avian avulaviruses 1–20. *Mol Phylogenet Evol*. 2018; 127: 931–951. doi: 10.1016/j.ympev.2018.06.040
35. Reeves AB, Poulson RL, Muzyka D, Ogawa H, Imai K, Bui VN, et al. Limited evidence of intercontinental dispersal of avian paramyxovirus serotype 4 by migratory birds. *Infect Genet Evol*. 2016; 40: 104–108. doi: 10.1016/j.meegid.2016.02.031
36. Karamendin K, Kydyrmanov A, Seidalina A, Asanova S, Daulbayeva K, Kasymbekov Y, et al. Circulation of avian paramyxoviruses in wild birds of Kazakhstan in 2002–2013. *Virology Journal*. 2016; 13: 23. doi: 10.1186/s12985-016-0476-8
37. Tseren-Ochir EO, Yuk SS, Khishgee B, Kwon JH, Noh JY, Hong WT, et al. Molecular Characterization of Avian Paramyxovirus Types 4 and 8 Isolated from Wild Migratory Waterfowl in Mongolia. *J Wildl Dis*. 2018; 54(2): 342–346. doi: 10.7589/2017-03-067
38. Yin R, Zhang P, Liu X, Chen Y, Tao Z, Ai L, et al. Dispersal and Transmission of Avian Paramyxovirus Serotype 4 among Wild Birds and Domestic Poultry. *Front Cell Infect Microbiol*. 2017; 7: 212. doi: 10.3389/fcimb.2017.00212
39. Tseren-Ochir EO, Kwon JH, Noh JY, Jeong JH, Jeong S, Kim KJ, et al. Molecular characterization and genetic diversity of avian paramyxovirus type 4 isolated in South Korea from 2013 to 2017. *Infect Genet Evol*. 2018; 61: 127–133. doi: 10.1016/j.meegid.2018.03.025
40. Sobolev IA, Sharshov K, Yurchenko K, Korneev D, Glushchenko A, Alikina T, et al. Characterization of avian paramyxovirus type 6 isolated from a Eurasian teal in the intersection of migratory flyways in Russia. *Archives of Virology*. 2016; 161(11): 3275–9. doi: 10.1007/s00705-016-3029-y
41. Chen Y, Ding Z, Liu X, Chen J, Li J, Fei Y, et al. Biological and phylogenetic characterization of a novel hemagglutination-negative avian avulavirus 6 isolated from wild waterfowl in China. *Transbound Emerg Dis*. 2018; 65(6): 1421–1428. doi: 10.1111/tbed.13005
42. Choi KS, Kim JY, Lee HJ, Jang MJ, Kwon HM, Sung HW. Genetic Diversity of Avian Paramyxovirus Type 6 Isolated from Wild Ducks in the Republic of Korea. *J Wildl Dis*. 2018; 54(3): 558–563. doi: 10.7589/2017-07-158
43. Karamendin K, Kydyrmanov A, Seidalina A, Asanova S, Sayatov M, Kasymbekov E, et al. Complete Genome Sequence of a Novel Avian Paramyxovirus (APMV-13) Isolated from a Wild Bird in Kazakhstan. *Genome Announc*. 2016; 4(3): e00167–16. doi: 10.1128/genomeA.00167-16
44. Hicks JT, Dimitrov KM, Afonso CL, Ramey AM, Bahl J. Global phylodynamic analysis of avian paramyxovirus-1 provides evidence of inter-host transmission and intercontinental spatial diffusion. *BMC Evol Biol*. 2019; 19(1): 108. doi: 10.1186/s12862-019-1431-2
45. Ayala AJ, Dimitrov KM, Becker CR, Goraichuk IV, Arns CW, Bolotin VI, et al. Presence of Vaccine-Derived Newcastle Disease Viruses in Wild Birds. *PLoS One*. 2016; 11(9): e0162484. doi: 10.1371/journal.pone.0162484

46. Матвеева О.В., Кочнева Г.В., Нетесов С.В., Онищенко С.Б., Чумаков П.М. Механизмы онколитического действия парамиксовируса Сендай. *Acta Naturae*. 2015; 25: 6–17. [Matveeva OV, Kochneva GV, Netesov SV, Onischenko SB, Chumakov PM. Mechanisms of oncolytic action of paramyxovirus Sendai. *Acta Naturae*. 2015; 25: 6–17. (In Russ.)].

47. Yoshida A, Samal SK. Avian Paramyxovirus Type-3 as a Vaccine Vector: Identification of a Genome Location for High Level Expression of a Foreign Gene. *Front Microbiol*. 2017; 8: 693. doi: 10.3389/fmicb.2017.00693

Сведения об авторах

Соломатина Мария Владимировна – кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной эпидемиологии и биоразнообразия вирусов института вирусологии ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины»; e-mail: mvsolomatina@frcftm.ru, <https://orcid.org/0000-0003-0736-0271>

Казачкова Евгения Александровна – младший научный сотрудник лаборатории экспериментальной биологии патогенных микроорганизмов института вирусологии ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины»; e-mail: kazachkova.evgeniya@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-3794-1018>

Шаршов Кирилл Александрович – кандидат биологических наук, руководитель лаборатории молекулярной эпидемиологии и биоразнообразия вирусов института вирусологии ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины»; e-mail: kasharshov@centercem.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3946-9872>

Глуценко Александра Владимировна – кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории экспериментальной онкологии и испытания фармакологических средств института вирусологии ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины»; e-mail: rimmaaltai2017@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-5784-0073>

Шестопалов Александр Михайлович – доктор биологических наук, профессор, заслуженный деятель науки РФ, директор института ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины»; e-mail: amshestopalov@frcftm.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9734-0620>

Information about the authors

Mariya V. Solomatina – Cand. Sc. (Biol.), Senior Research Officer at the Laboratory of molecular epidemiology and virus biodiversity of The Institute of Virology, Federal Research Center for Fundamental and Translational Medicine; e-mail: mvsolomatina@frcftm.ru, <https://orcid.org/0000-0003-0736-0271>

Evgeniya A. Kazachkova – junior researcher at the Laboratory of Experimental Biology of Pathogenic Microorganisms of The Institute of Virology, Federal Research Center for Fundamental and Translational Medicine; e-mail: kazachkova.evgeniya@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-3794-1018>

Kirill A. Sharshov – Cand. Sc. (Biol.), head of the Laboratory of Molecular Epidemiology and Virus Biodiversity at the Institute of Virology of The Institute of Virology, Federal Research Center for Fundamental and Translational Medicine; e-mail: kasharshov@centercem.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3946-9872>

Alexandra V. Glushchenko – Cand. Sc. (Biol.), researcher at the Laboratory of Experimental Oncology and Pharmacological Drug Testing at the Institute of Virology, Federal Research Center for Fundamental and Translational Medicine; e-mail: rimmaaltai2017@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-5784-0073>

Alexander M. Shestopalov – Dr. Sc. (Biol.), professor, honored scientist of the Russian Federation, Director of the Research Institute of Virology, Federal Research Center of Fundamental and Translational Medicine; e-mail: amshestopalov@frcftm.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9734-0620>