

Федеральное государственное бюджетное
научное учреждение
«Федеральный исследовательский центр
вирусологии и микробиологии»
(ФГБНУ ФИЦВиМ)



Дайджест публикаций по гриппу птиц

Выпуск 1

Ухудшение эпизоотической ситуации по высокопатогенному гриппу птиц на территории Российской Федерации, опасность заноса подтипов вируса с сезонными миграциями птиц и возможность появления новых реассортантов повышают риск возникновения новых вспышек ВПГП в промышленном птицеводстве.

Грипп птиц в последние годы привлекает все большее внимание международного сообщества ввиду разрушительных, в том числе экономических, и долгосрочных последствий для птицеводства, международной торговли и здоровья популяций диких птиц.

Снижению рисков поможет своевременное получение актуальной информации и учёт международного опыта борьбы с вирусом гриппа птиц. В связи с этим ФИЦВиМ начинает подготовку серии дайджестов, посвящённых этой проблематике и содержащих краткую информацию об исследованиях в области гриппа птиц, опубликованных в высокорейтинговых журналах.

Дайджест предназначен для ветеринарных специалистов государственной и производственной ветеринарной службы, руководителей и специалистов птицеводческих хозяйств, студентов учебных заведений ветеринарного и биологического профилей.

Для перехода на сайт с полнотекстовыми вариантами статей необходимо нажать на заголовок публикации в тексте дайджеста.

Содержание

<u>Сокращения и термины</u>	5
<u>Патобиологическое происхождение и эволюционная история вирусов высокопатогенного гриппа птиц</u>	6
<u>Возникновение вируса высокопатогенного гриппа птиц из низкопатогенного предшественника</u>	7
<u>Применение регионализации для безопасной торговли птицей и продуктами птицеводства во время вспышек высокопатогенного гриппа птиц в США</u>	8
<u>Надзор за вирусом высокопатогенного гриппа птиц у диких птиц во время вспышек среди домашней птицы, Миннесота, 2015г.</u>	9
<u>Вирусы высокопатогенного гриппа птиц на границе среды диких и домашних птиц в Европе: будущие направления исследований и надзора</u>	10
<u>Изучение альтернативных подходов к борьбе с гриппом птиц среди домашней птицы с акцентом на высокопатогенный H5N1</u>	11
<u>Динамика внутрихозяйственной передачи высокопатогенного гриппа птиц H5N6 с учетом перемещений транспортных средств и филогенетической информации</u>	12

Исландия как ступень для распространения вируса высокопатогенного гриппа птиц между Европой и Северной Америкой.....13

Смертность среди диких птиц во время вспышки высокопатогенного вируса гриппа птиц A(H5N8), Нидерланды.....14

Высокопатогенный грипп птиц H5N8 в Германии: исследование вспышки.....15

Новый реассортант ВПГП H5N8 (клада 2.3.4.4b) обнаружен в Германии.....16

Патогенность трех генетически различных вирусов высокопатогенного египетского гриппа птиц H5N8 у кур.....17

Патогенность вируса высокопатогенного гриппа птиц подтипа H5N8 для серебристых чаек (*Larus argentatus*): влияние гомо- и гетеросубтипического иммунитета на исход инфекции.....18

Оценка потенциальной патогенности новых высокопатогенных вирусов гриппа птиц (H5N6), выделенных из фекалий диких уток в Монголии, с использованием мышинной модели.....19

Обнаружение вируса высокопатогенного гриппа птиц H5N1 клады 2.3.4.4b у больших поморников: вид, вызывающий озабоченность по сохранению в Великобритании.....20



Сокращения и термины:

Высокопатогенный грипп птиц (Highly Pathogenic Avian Influenza Virus) - ВПГП (HPAI)

Низкопатогенный грипп птиц (Low Pathogenic Avian Influenza) - НПГП (LPAI)

Гемагглютинин (H, HA) - белок, являющийся структурным компонентом вириона

Нейраминидаза (N) – фермент, находящийся на поверхности вируса, позволяющий вирусу высвободиться из клетки-хозяина

Реассортация — смешение генетического материала вида, приводящее к появлению совершенно новых комбинаций у дочерних особей

Клада вируса (Clade) – монофилетическая, естественная группа, состоящая из общего предка и всех его прямых потомков

Генотип - совокупность генов у конкретного организма



Патобиологическое происхождение и эволюционная история вирусов высокопатогенного гриппа птиц

Lee DH, Criado MF, Swayne DE. *Pathobiological Origins and Evolutionary History of Highly Pathogenic Avian Influenza Viruses*. Cold Spring Harb Perspect Med. 2021 Feb 1;11(2):a038679. doi: 10.1101/cshperspect.a038679

В этом обзоре обсуждаются механизмы и генетические изменения в гене гемагглютинаина, ответственные за переход от вирусов низкопатогенного гриппа птиц к высокопатогенному. Анализ генетической информации демонстрирует, что вирусы ВПГП принадлежат к разным линиям.

Вирусы ВПГП произошли от вирусов НПГП посредством изменений в сайте протеолитического расщепления гемагглютинаина. В период с 1959 по 2019 год в Европе, Северной Америке, Океании произошло в общей сложности 42 естественных, независимых случая конверсии вируса H5 и H7 НПГП в ВПГП.

Большинство вирусов гриппа птиц H1–H16 вызывают легкие респираторные, кишечные или репродуктивные заболевания (например, НПГП), в то время как некоторые вирусы гриппа птиц H5 и H7 вызывают смертельные системные заболевания (ВПГП).

Исторически вирус ВПГП, названный вирусом чумы птиц, был первоначально идентифицирован в Северной Италии в 1880-х годах. Случаи чумы птиц с 1880-х по 1959 год были вызваны исключительно вирусами ВПГП H7N7 и H7N1, но в 1959 году первый вирус H5 ВПГП появился у кур в Шотландии, H5N1.

В 1996 г. возникла линия H5 A/goose/Guangdong/1/1996 (Gs/GD) и до настоящего времени она вызывает инфекции у домашней и дикой птицы, а также у людей в 84 странах Азии, Африки, Европы и Северной Америки.

Возникновение вируса высокопатогенного гриппа птиц из низкопатогенного предшественника

Monne I, Fusaro A, Nelson MI, Bonfanti L, Mulatti P, Hughes J, Murcia PR, Schivo A, Valastro V, Moreno A, Holmes EC, Cattoli G. *Emergence of a highly pathogenic avian influenza virus from a low-pathogenic progenitor*. J Virol. 2014 Apr;88(8):4375-88. doi: 10.1128/JVI.03181-13. Epub 2014 Feb 5

Недостаточное понимание генезиса и эволюции вирусов высокопатогенного гриппа птиц снижают эффективность усилий по борьбе с этими вспышками. В данной статье описаны разработанные подходы для проведения глубокого секвенирования и байесовского филогенеза для обеспечения наиболее полного эволюционного анализа вирусов с высокой и низкой патогенностью.

Вирусы гриппа А быстро эволюционируют из-за высокой частоты ошибок РНК-полимеразы, естественного отбора и способности сегментов генома к рекомбинации. Скорость эволюции в сочетании с растущей доступностью данных о последовательностях в масштабе генома и новыми вычислительными инструментами для филогенетического анализа облегчают выводы об истории эволюции и пространственном распространении гриппа птиц, что, в свою очередь, обеспечивает лучшее понимание закономерностей и процессов, лежащих в основе эпидемий.

ВПГП могут развиваться непосредственно из низкопатогенных предшественников вируса после заражения домашней птицы. Появление вирусов ВПГП происходит в результате вставки/замены основных аминокислот в сайте расщепления гемагглютинина или в результате негомологичной рекомбинации, приводящей к вставке чужеродной нуклеотидной последовательности.

Применение регионализации для безопасной торговли птицей и продуктами птицеводства во время вспышек высокопатогенного гриппа птиц в США

Swayne DE, Hill RE, Clifford J. *Safe application of regionalization for trade in poultry and poultry products during highly pathogenic avian influenza outbreaks in the USA*. Avian Pathol. 2017 Apr;46(2):125-130. doi: 10.1080/03079457.2016.1257775

В 2014–2015 годах в США произошла эпизоотия высокопатогенного гриппа птиц H5, которая затронула 211 птицеводческих предприятий и привела к гибели или выбраковке более 50,4 млн домашних птиц. Федеральное правительство израсходовало 850 миллионов долларов на борьбу со вспышками, в том числе более 200 миллионов долларов на возмещение убытков производителям и компаниям, а оставшуюся часть - на расходы по ликвидации. Эта беспрецедентная вспышка была вызвана вирусом H5Nx, который возник в Китае в 1996 г. и распространился, поражая домашнюю птицу, диких птиц и людей в более чем 70 странах Азии, Европы, Африки и Северной Америки. Североамериканская эпизоотия H5Nx затронула как Канаду, так и США и включала вирус ВПГП H5N8 со всеми восемью генными сегментами евразийского происхождения, а также реассортантные вирусы ВПГП H5N2, H5N1 и H5N8. Первоначальная интродукция и распространение происходили с дикими водоплавающими птицами через точечные источники на тихоокеанском пролетном пути. Более поздние случаи в штатах Среднего Запада были занесены в птицеводческие хозяйства по выращиванию индейки и кур-несушек и распространились между этими предприятиями в результате деятельности человека.

В будущем необходимо принятие принципов Кодекса МЭБ по безопасной торговле птицей и продуктами птицеводства, а также более широкой реализации национальных и субнациональных научно-обоснованных программ надзора в поддержку регионализации для свободы от гриппа птиц.

Надзор за вирусом высокопатогенного гриппа птиц у диких птиц во время вспышек среди домашней птицы, Миннесота, 2015 г.

Jennelle CS, Carstensen M, Hildebrand EC, Cornicelli L, Wolf P, Grear DA, Ip HS, Vandalen KK, Minicucci LA. *Surveillance for Highly Pathogenic Avian Influenza Virus in Wild Birds during Outbreaks in Domestic Poultry, Minnesota, 2015*. Emerg Infect Dis. 2016 Jul;22(7):1278-82. doi: 10.3201/eid2207.152032

В 2015 г. крупная вспышка вируса высокопатогенного гриппа птиц произошла на птицефабриках в Миннесоте, США. Учитывая, что дикие водоплавающие птицы являются резервуаром вируса гриппа и что их перемещение может способствовать распространению ВПГП, авторы провели эпиднадзор для обнаружения ВПГП в экскрементах диких водоплавающих птиц, отобранных от мертвых птиц и живых птиц с неврологическими нарушениями.

Для оценки распространенности выделения ВПГП брали мазки из ротоглотки и клоакальных полостей у живых птиц или трахеи и клоаки у недавно умерших птиц, поскольку ВПГП реплицируется и выделяется через пищеварительный тракт и верхние дыхательные пути. Большинство образцов (3139) было получено из фекалий водоплавающих птиц.

Особое внимание было уделено разработке программ эпиднадзора за гриппом птиц. При пространственном моделировании отмечено, что сохранение ВПГП в популяциях диких птиц опосредовано передачей инфекции из окружающей среды, и обнаружение вирусов низкопатогенного гриппа птиц в образцах фекалий водоплавающих птиц подтверждает этот вывод. ВПГП в фекалиях водоплавающих птиц обнаружен не был. Таким образом, во время вспышки ВПГП (H5N2) среди домашней птицы в Миннесоте в 2015 г. заражения вирусом ВПГП через фекалии диких водоплавающих птиц не происходило.

Вирусы высокопатогенного гриппа птиц на границе среды диких и домашних птиц в Европе: будущие направления исследований и надзора

Verhagen JH, Fouchier RAM, Lewis N. *Highly Pathogenic Avian Influenza Viruses at the Wild-Domestic Bird Interface in Europe: Future Directions for Research and Surveillance*. *Viruses*. 2021 Jan 30;13(2):212. doi: 10.3390/v13020212

Авторы представляют обзор эпидемиологии, экологии и эволюции вируса ВПГП Н5 на границе среды между домашней и дикой птицей на основе 15-летнего эпиднадзора за вирусом гриппа птиц в Европе, оценивают будущие направления исследований и эпиднадзора за вирусом ВПГП, включая внедрение полногеномного секвенирования, идентификацию хозяина и экологию птиц, а также анализ на основе рисков.

Вирусы НППП подтипов Н5 и Н7 могут эволюционировать в ВПГП при попадании в домашнюю птицу, вызывая тяжелое заболевание и смертность, в частности птиц отряда курообразных (главным образом кур, индеек).

Повторяющиеся вспышки вируса ВПГП Н5, происходящего из линии A/Goose/Guangdong/1/1996, в Европе (2005–2020 гг.) демонстрируют высокое генетическое разнообразие вируса и могут вызывать тяжелые заболевания как у домашних, так и у диких птиц. Массовый рост птицеводства во всем мире и продолжающаяся циркуляция вирусов ВПГП Н5, в сочетании с возвратом вирусов к перелетным птицам, создают постоянный риск появления новых вирусов и переноса их на большие расстояния дикими птицами.

Пассивный надзор за домашней птицей и дикой птицей должен быть объединен с активным надзором за дикими птицами с целью обнаружения вируса у целевых видов в приоритетных местах вдоль их миграционного пути, начиная с периода их размножения.

Изучение альтернативных подходов к борьбе с гриппом птиц среди домашней птицы с акцентом на высокопатогенный H5N1

Abdelwhab EM, Hafez HM. *Insight into alternative approaches for control of avian influenza in poultry, with emphasis on highly pathogenic H5N1*. Viruses. 2012 Nov 19;4(11):3179-208. doi: 10.3390/v4113179

Вирус высокопатогенного гриппа птиц подтипа H5N1 вызывает смертельное заболевание домашней птицы, а также при случайном заражении человека может привести к его смерти. Обычные стратегии борьбы с ВПГП у домашней птицы, основанные на надзоре, санитарном убое, ограничении перемещений и соблюдении мер биобезопасности, не предотвратили распространение вируса, особенно в развивающихся странах. Вакцинация может предотвратить клиническое заболевание, но не может предотвратить заражение вакцинированных птиц, таким образом, непрерывная «тихая» циркуляция вируса у вакцинированных птиц представляет потенциальный риск распространения вируса среди домашней птицы и передачи человеку.

Необходимо анализировать альтернативные и дополнительные подходы к снижению текущей нагрузки эпидемий H5N1 среди домашней птицы, а также применение противовирусной химиотерапии, природных соединений, цитокинов и РНК-интерференции.

Использование противовирусных препаратов в птицеводстве может быть дополнительным средством борьбы с инфекциями ВПГП у ценных птиц, но не в коммерческих секторах. Следует изучить совместимость с другими лекарствами, побочные эффекты и следы лекарств в яйцах, мясе и объектах окружающей среды.

Динамика внутрихозяйственной передачи высокопатогенного гриппа птиц H5N6 с учетом перемещений транспортных средств и филогенетической информации

Yoo DS, Chun BC, Kim Y, Lee KN, Moon OK. *Dynamics of inter-farm transmission of highly pathogenic avian influenza H5N6 integrating vehicle movements and phylogenetic information*. Sci Rep. 2021 Dec 17;11(1):24163. doi: 10.1038/s41598-021-03284-x

За последнее десятилетие наблюдалось быстрое распространение инфекционных болезней животных через промышленно развитые цепочки поставок между взаимосвязанными животноводческими производствами. Во всем мире на птицеводческих предприятиях регистрируется растущее число инфекций, вызванных вирусом ВПГП, несмотря на огромные усилия по устранению и предотвращению болезни.

Для эффективного предотвращения и контроля распространения вируса ВПГП важно понимать структуру контактов между различными птицеводческими хозяйствами, находящимися в зоне риска. Например, перевозка домашней птицы между фермами является потенциальным источником распространения вируса ВПГП. Кроме того, контакт с фомитами таких транспортных средств, как грузовики с кормом и транспортировщики яиц, может приводить к распространению инфекции между фермами.

В статье описаны результаты сетевого анализа с использованием данных о перемещении транспортных средств на основе глобальной системы определения местоположения, информации об изолятах, выделенных во время эпидемии ВПГП H5N6 2016–2017 гг. в Республике Корея, а также байесовского моделирования. По результатам анализа перемещение транспорта вносит вклад примерно в 30% инфекций ВПГП H5N6.

Исландия как ступень для распространения вируса высокопатогенного гриппа птиц между Европой и Северной Америкой

Günther A, Krone O, Svansson V, Pohlmann A, King J, Hallgrímsson G, et al. *Iceland as Stepping Stone for Spread of Highly Pathogenic Avian Influenza Virus between Europe and North America*. Emerg Infect Dis. 2022;28(12):2383-2388 doi.org/10.3201/eid2812.221086

Вирусы высокопатогенного гриппа птиц подтипа H5 и клады 2.3.4.4b широко распространились в северном полушарии с 2020 года и угрожают популяциям диких птиц, а также птицеводству. В данной статье представлены филогеографические доказательства того, что Исландия использовалась в качестве ступени для перемещения вируса ВПГП из Северной Европы в Северную Америку инфицированными перелетными дикими птицами. Летом-осенью 2021 г. и весной 2022 г. задокументировано не менее двух независимых вмешательств вируса ВПГП H5N1 клады 2.3.4.4b. Распространение вируса ВПГП H5N1 среди гнездящихся колоний птиц в Исландии привело к разрушительным последствиям.

Потенциально зоонозные высокопатогенные вирусы гриппа птиц подтипа H5 появились в стае домашних гусей на юге Китая в середине 1990-х годов. С тех пор потомки этой так называемой гусиной/гуандунской линии продолжали циркулировать, эволюционировали в различные клады и сформировали множество подгенотипов и генотипов, которые угрожают птицеводству во всем мире. Из-за неоднократных проникновений домашней птицы в популяции мигрирующих водных диких птиц в Азии, эти вирусы с 2005 года распространились несколькими волнами на запад и юг через Евразию, в Африку и на восток в Северную Америку. Зараженные, но подвижные перелетные птицы помогли связать географически удаленные друг от друга районы вдоль перекрывающихся пролетных путей; палеарктические районы размножения служили дополнительным связующим звеном между Евразией и Америкой в 2014 г.

Смертность среди диких птиц во время вспышки высокопатогенного вируса гриппа птиц А(Н5N8), Нидерланды

Kleyheeg E, Slaterus R, Bodewes R, Rijks JM, Spierenburg MAH, Beerens N, Kelder L, Poen MJ, Stegeman JA, Fouchier RAM, Kuiken T, van der Jeugd HP. *Deaths among Wild Birds during Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N8) Virus Outbreak, the Netherlands*. Emerg Infect Dis. 2017 Dec;23(12):2050-2054. doi: 10.3201/eid2312.171086

Осенью-зимой 2016–2017 гг. вирусы высокопатогенного гриппа птиц А(Н5N8) вызвали массовую гибель диких птиц в Нидерландах. Среди ≈13600 погибших птиц большинство составляли хохлатые утки (*Aythya fuligula*) и голуби (*Anas penelope*). С 1996 г. вирусы высокопатогенного гриппа птиц А линии А/goose/Guangdong/1/96 нанесли большой ущерб птицеводству во всем мире и привели к ≈800 подтвержденным случаям среди людей с летальностью ≈50%. Дикие водоплавающие птицы, естественный резервуар вирусов низкопатогенного гриппа птиц, вероятно, участвуют в распространении вирусов ВПГП на большие расстояния.

В мае-июне 2016 г. новый реассортант вируса ВПГП подтипа Н5N8 клады 2.3.4.4а был обнаружен у больных водоплавающих птиц в Китае и на границе между Россией и Монголией. В октябре 2016 г. аналогичный штамм Н5N8 был обнаружен у мертвого лебедя-шипунa (*Cygnus olor*) в Венгрии. Затем вирусы Н5N8 быстро распространились по Европе, вызывая массовую гибель диких водоплавающих птиц.

Результаты показывают, что вспышки Н5N8 в Нидерландах в 2016–2017 гг. характеризовались беспрецедентно высокими показателями смертности среди широкого круга видов диких птиц. Международные обязательства в отношении популяций мигрирующих птиц должны стимулировать национальные органы к предотвращению вспышек ВПГП не только среди домашних птиц и людей, но и среди диких птиц.

Высокопатогенный грипп птиц H5N8 в Германии: исследование вспышки

Conraths FJ, Sauter-Louis C, Globig A, Dietze K, Pannwitz G, Albrecht K, Höreth-Böntgen D, Beer M, Staubach C, Homeier-Bachmann T. Highly Pathogenic Avian Influenza H5N8 in Germany: Outbreak Investigations. *Transbound Emerg Dis.* 2016 Feb;63(1):10-3. doi: 10.1111/tbed.12443

В птицеводческих хозяйствах и зоопарке, пораженных вирусом высокопатогенного гриппа птиц подтипа H5N8, были проведены эпидемиологические исследования вспышек для выявления потенциальных путей проникновения возбудителя через воду, корма, животных, людей, подстилочный материал, другие fomиты (оборудование, транспортные средства и т. д.) и присутствие диких птиц вблизи затронутых хозяйств.

Хотя соблюдение мер биобезопасности в коммерческих хозяйствах было удовлетворительным, были выявлены некоторые пробелы, которые могли вызвать косвенное проникновение вируса через обувь, транспортные средства или подстилку, загрязненные фекалиями инфицированных диких птиц или паразитов. Интродукция в небольшие хозяйства на свободном выгуле в Анкламе и в Ростокском зоопарке, скорее всего, связана с возможным прямым контактом с инфицированными дикими птицами.

Филогенетические и мониторинговые исследования показывают, что штамм вируса ВПГП H5N8 попал из Азии в Европу с дикими птицами, возможно, через перекрывающиеся пролетные пути и общие места размножения в Сибири. Одновременно с описанными вспышками вирус ВПГП H5N8 несколько раз выявляли у практически здоровых диких водоплавающих птиц (уток, лебедей и чайки) в Германии, Нидерландах и Швеции с ноября 2014 г., что свидетельствует о наличии вируса в популяции диких водоплавающих птиц.

Новый реассортант ВПГП H5N8 (клада 2.3.4.4b) обнаружен в Германии

King J, Schulze C, Engelhardt A, Hlinak A, Lennermann S-L, Rigbers K, Skuballa J, Staubach C, Mettenleiter TC, Harder T, Beer M, Pohlmann A. *Novel HPAIV H5N8 Reassortant (Clade 2.3.4.4b) Detected in Germany*. *Viruses*. 2020; 12(3):281. doi.org/10.3390/v12030281

Новый вирус высокопатогенного гриппа птиц H5N8 был обнаружен у большого белолобого гуся в январе 2020 года в Бранденбурге, и в феврале 2020 года у домашних кур, принадлежащих небольшому хозяйству в Баден-Вюртемберге, Германия. Для филогенетического анализа было проведено полногеномное секвенирование. Обнаружение нового реассортанта Ger-01-20 подтипа H5N8, генетическая основа которого идет от клады 2.3.4.4b, свидетельствует о продолжающейся циркуляции этой клады и подчеркивает ее тенденцию к частым реассортациям и эффективной передаче на большие расстояния. Вирус клады 2.3.4.4b состоит из шести сегментов евразийского/азиатского/африканского реассортанта вируса ВПГП H5N8 и двух сегментов подтипа вируса НПГП H3N8, обнаруженного в центральной России.

Филогенетический анализ при обеих вспышках в Германии демонстрирует генетическое сходство с последовательностями, установленными при отборе проб с декабря 2019 по январь 2020 года в Польше и Чешской Республике. Результаты подчеркивают необходимость полногеномного секвенирования и непрерывного пассивного мониторинга для быстрого обнаружения и идентификации новых вирусов ВПГП, из-за беспрецедентного генетического разнообразия, которое влечет за собой эта клада.

Патогенность трех генетически различных вирусов высокопатогенного египетского гриппа птиц H5N8 у кур

Yehia N, Erfan AM, Adel A, El-Tayeb A, Hassan WMM, Samy A, Abd El-Hack ME, El-Saadony MT, El-Tarabily KA, Ahmed KA. *Pathogenicity of three genetically distinct and highly pathogenic Egyptian H5N8 avian influenza viruses in chickens*. Poult Sci. 2022 Mar;101(3):101662. doi: 10.1016/j.psj.2021.101662

В конце 2016 года в Египте было зарегистрировано несколько случаев заражения вирусом ВПГП подтипа H5N8. В предыдущем исследовании три различных генотипа, в том числе CA285, SS19 и F446, были выделены от диких птиц, из частного хозяйства и товарной фермы соответственно во время первой волны инфекции. В данном исследовании были рассмотрены различия в патогенности, репликации и трансмиссивности трех генотипов. В качестве контроля использовался изолят A/chicken/Egypt/15S75/2015 (H5N1) (S75). Внутривенный индекс патогенности составлял от 2,68 до 2,9. Значения LD₅₀ (летальной дозы 50%) для кур F446, SS19 и CA285 составили 10^{3,7}, 10^{3,7}, 10⁴ при естественном пути заражения соответственно. Этим штаммам потребовалось больше времени, чем S75, чтобы вызвать смерть, когда заражение осуществлялось естественным путем (ВПГП H5N1).

Основываясь на сравнительном анализе патогенеза, репликация и трансмиссивность трех штаммов ВПГП H5N8 убедительно показали, что F446-подобные штаммы относительно более патогенны и эффективны в репликации и трансмиссивности, чем другие изоляты H5N8. Кроме того, большее количество патологических изменений у цыплят было обусловлено низким уровнем LD₅₀, а также высокой смертностью и высоким титром вируса в смывах и образцах, полученных из инфицированных органов.

Патогенность вируса высокопатогенного гриппа птиц подтипа H5N8 для серебристых чаек (*Larus argentatus*): влияние гомо- и гетеросубтипического иммунитета на исход инфекции

Tarasiuk K, Kycko A, Knitter M, Świętoń E, Wyrostek K, Domańska-Blicharz K, Bocian Ł, Meissner W, Śmietanka K. *Pathogenicity of highly pathogenic avian influenza H5N8 subtype for herring gulls (*Larus argentatus*): impact of homo- and heterosubtypic immunity on the outcome of infection*. Vet Res. 2022 Dec 14;53(1):108. doi: 10.1186/s13567-022-01125-x

Дикие водоплавающие птицы отряда гусеобразных (утки, гуси, лебеди) наряду с отрядом ржанкообразных (чайки, крачки, кулики, гагарки) являются естественным резервуаром вируса ВПГП, и особенно вируса низкопатогенного гриппа птиц.

Все известные подтипы гемагглютинаина и нейраминидазы (т. е. H1–H16 и N1–N9) вируса гриппа птиц были обнаружены у птиц обоих отрядов, но с разной частотой и распределением между видами, в основном из-за высокой степени видоспецифичности, которая часто происходит в результате коэволюции хозяина и вируса. Вирус НПГП подтипов H5 и H7 может иногда мутировать в высокопатогенную форму.

Вклад диких птиц в распространение вируса ВПГП, оспаривавшийся до 2014 г., стал предметом консенсуса после распространения вируса в Евразии, Африке и Северной Америке в 2014–2022 гг. и его массового обнаружения в дикой природе. Роль диких птиц в эпидемиологии ВПГП сложна, они могут служить распространителями, резервуарами или «тупиковыми» хозяевами. С точки зрения эпиднадзора особенно важно знать, являются ли дикие птицы бессимптомными переносчиками или они погибают от инфекции; в последнем случае усиленный пассивный надзор за определенными видами птиц является важным элементом раннего обнаружения вируса.

Оценка потенциальной патогенности новых высокопатогенных вирусов гриппа птиц (H5N6), выделенных из фекалий диких уток в Монголии, с использованием мышиной модели

Duong BT, Than DD, Ankhanbaatar U, Gombo-Ochir D, Shura G, Tsolmon A, Pun Mok CK, Basan G, Yeo SJ, Park H. *Assessing potential pathogenicity of novel highly pathogenic avian influenza (H5N6) viruses isolated from Mongolian wild duck feces using a mouse model.* Emerg Microbes Infect. 2022 Dec;11(1):1425-1434. doi: 10.1080/22221751.2022.2069515

В 2020 г. в Монголии было зарегистрировано несколько новых высокопатогенных вирусов гриппа птиц А(Н5N6), некоторые из которых содержали специфичные для хозяина маркеры, связанные с инфекцией млекопитающих. В исследовании были оценены два новых генотипа подтипа А(Н5N6), выделенные в Монголии в 2018–2019 гг. (А/wildDuck/MN/H5N6/2018-19). Патогенность изолятов определяли на мышах. Также сравнивали их антигенность с предыдущими изолятами Н5 клады 2.3.4.4 от человека.

На сегодняшний день зарегистрировано 72 случая заражения людей вирусом гриппа А (Н5N6), включая 30 летальных исходов. Данные глобального эпиднадзора показывают, что в Азии, Европе и на Ближнем Востоке циркулируют две доминирующие клады Н5 ВПГП 2.3.4.4b и 2.3.4.4h. В 2021 г. в Российской Федерации и Китае у людей было зарегистрировано семь случаев Н5N8 и пять случаев Н5N6/2.3.4.4b. Вирусы клады 2.3.4.4h также были обнаружены у диких перелетных птиц и людей в Китае, Вьетнаме, Монголии и Бангладеш.

Изучение на мышиной модели животных и антигенная характеристика расширили понимание о субкладе ВПГП 2.3.4.4h, при этом данные свидетельствуют о том, что вирусы Н5N6, выделенные в 2018–2019 гг., обладают низкой патогенностью для мышей и что эти изоляты также антигенно отличаются от других вирусов.

Обнаружение вируса высокопатогенного гриппа птиц H5N1 клады 2.3.4.4b у больших поморников: вид, вызывающий озабоченность по сохранению в Великобритании

Banyard AC, Lean FZX, Robinson C, Howie F, Tyler G, Nisbet C, Seekings J, Meyer S, Whittard E, Ashpitel HF, Bas M, Byrne AMP, Lewis T, James J, Stephan L, Lewis NS, Brown IH, Hansen RDE, Reid SM. *Detection of Highly Pathogenic Avian Influenza Virus H5N1 Clade 2.3.4.4b in Great Skuas: A Species of Conservation Concern in Great Britain*. *Viruses*. 2022 Jan 21;14(2):212. doi: 10.3390/v14020212

Большие поморники в настоящее время считаются редкими гнездящимися птицами. Их массовая гибель произошла в июле 2021 г. в различных гнездящихся популяциях больших поморников и затронула несколько островов у материковой части Шотландии. Это побудило к расследованию заболевания, в ходе которого впоследствии был обнаружен вирус высокопатогенного гриппа птиц подтипа H5N1 клады 2.3.4.4b как причина смертности.

В данной статье описываются события, произошедшие в этот период, патологические данные, связанные с инфекцией, генетическая характеристика выявленного вируса и влияние на население.

Также отмечено, что обнаружение последовательных случаев массовой гибели на островах, на которых обитают колонии поморников, демонстрирует потенциальную угрозу инфекционных заболеваний для уязвимых групп популяций.