

DOI: 10.21055/0370-1069-2019-1-42-49

УДК 616.921.5(470)

В.Ю. Марченко, Н.И. Гончарова, В.А. Евсеенко, И.М. Суслопаров, Е.В. Гаврилова, Р.А. Максютков,
А.Б. Рыжиков

ОБЗОР ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОЙ СИТУАЦИИ ПО ВЫСОКОПАТОГЕННОМУ ВИРУСУ ГРИППА ПТИЦ В РОССИИ В 2018 г.

ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор», п. Кольцово, Российская Федерация

Рассмотрена современная эпидемиологическая ситуация по высокопатогенному вирусу гриппа птиц в 2018 г. и сделан прогноз возможного дальнейшего распространения вирусов на территории России. В 2018 г. в России складывалась неблагоприятная эпидемиологическая ситуация по высокопатогенному гриппу птиц. Это связано с распространением вирусов клады 2.3.4.4, которые продолжили вызывать множественные вспышки гриппа среди сельскохозяйственной птицы в Европейской части России. Помимо этого, в ходе мониторинга вируса на территории Саратовской области впервые в России зарегистрирована циркуляция вируса гриппа А/Н5N6 клады 2.3.4.4. Весной 2018 г. в Приморском крае и Амурской области впервые также зарегистрирована циркуляция двух различных генетических линий вируса гриппа А/Н9N2, которые выделены во время вспышек на территории нескольких птицефабрик. Впоследствии данный субтип вируса продолжил распространяться в России, что зафиксировано детекцией вируса гриппа А/Н9N2 у диких птиц на территории Хабаровского края и Томской области. Таким образом, в очередной раз показано, что территория России играет важную географическую роль в распространении вируса гриппа птиц.

Ключевые слова: вирус гриппа птиц, мониторинг, вспышки, H5N8, H5N6, H9N2, Россия.

Корреспондирующий автор: Марченко Василий Юрьевич, e-mail: marchenko_vyu@vector.nsc.ru.

Для цитирования: Марченко В.Ю., Гончарова Н.И., Евсеенко В.А., Суслопаров И.М., Гаврилова Е.В., Максютков Р.А., Рыжиков А.Б. Обзор эпидемиологической ситуации по высокопатогенному вирусу гриппа птиц в России в 2018 г. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2019; 1:42–49. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-1-42-49

V.Yu. Marchenko, N.I. Goncharova, V.A. Evseenko, I.M. Susloparov, E.V. Gavrilova, R.A. Maksyutov,
A.B. Ryzhikov

Overview of the Epidemiological Situation on Highly Pathogenic Avian Influenza Virus in Russia in 2018

State Scientific Center of Virology and Biotechnology “Vector” of the Rospotrebnadzor, Novosibirsk Region, Kol'tsovo, Russian Federation

Abstract. Analyzed was modern epidemiological situation on highly pathogenic avian flu in 2018. Prognosis for possible further distribution of viruses in the territory of Russia was made. In 2018, the situation on highly pathogenic avian flu in Russia was challenging. This was due to the spread of the viruses clade 2.3.4.4, which caused multiple outbreaks among wild birds and poultry in European part of Russia. In addition, A/H5N6 avian influenza virus circulation was for the first time detected in the Saratov Region during routine avian influenza virus surveillance. In May, 2018 two different lineages of avian influenza A/H9N2 were isolated during the outbreaks that occurred at several poultry plants in Primorsk Territory and Amur Region of Russia. Subsequently, that virus subtype continued spreading in Russia, which was recorded by detection of the A/H9N2 influenza virus in wild birds in the Khabarovsk and Tomsk Regions of Russia. Thus, it is shown yet again that the territory of Russia plays an important geographical role in the spread of avian influenza viruses.

Keywords: avian influenza virus, surveillance, outbreaks, H5N6, H5N8, H9N2, Russia

Conflict of interest: The authors declare no conflict of interest.

Funding: The research was carried out within the frames of the State target implementation ST-4/16 (ГЗ-4/16).

Corresponding author: Vasily Yu. Marchenko, e-mail: marchenko_vyu@vector.nsc.ru.

Citation: Marchenko V.Yu., Goncharova N.I., Evseenko V.A., Susloparov I.M., Gavrilova E.V., Maksyutov R.A., Ryzhikov A.B. Overview of the Epidemiological Situation on Highly Pathogenic Avian Influenza Virus in Russia in 2018. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections].* 2019; 1:42–49. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2019-1-42-49

Received 04.02.19. Revised 14.03.19. Accepted 18.03.19.

Вирусы гриппа относятся к семейству *Orthomyxoviridae*, которое включает четыре вида вирусов гриппа – А, В, С и D [1]. При этом, только вирусы гриппа А способны инфицировать широкий круг восприимчивых хозяев и представляют серьезную угрозу сельскому хозяйству и общественному здравоохранению. Вирусы гриппа А подразделяются

на субтипы на основании антигенных различий в поверхностных гликопротеинах. На сегодняшний день известно 18 субтипов гемагглютинина и 11 субтипов нейраминидазы. Большинство известных комбинаций сохраняется в популяциях диких птиц, которые, как известно, считаются основным природным резервуаром вируса гриппа А [2, 3]. Основную роль в

циркуляции вируса гриппа в природе играют птицы отрядов гусеобразные (*Anseriformes*) и ржанкообразные (*Charadriiformes*) [4, 5]. Большинство видов птиц, принадлежащих к этим отрядам, являются дальними мигрантами, способными преодолевать значительные расстояния, и если учесть, что длительная адаптация вируса гриппа А к естественным хозяевам привела к возможности бессимптомного носительства, это создает предпосылки для глобального распространения данного инфекционного агента [6]. При этом, благодаря своим генетическим особенностям, вирус гриппа постоянно изменяется, приобретая уникальные мутации, которые способствуют не только распространению вируса, но и образованию генетических линий, клад и субклад, а также формированию различных вариантов вируса гриппа А [7]. Так, в середине 90-х годов в Юго-Восточной Азии начали формироваться очаги заболевания птиц, вызванного вирусом гриппа А/Н5N1, который обладал высокопатогенными свойствами. Штамм А/goose/Guangdong/1/1996 (H5N1) принято считать первым штаммом высокопатогенного вируса гриппа А/Н5 субтипа [8]. Впоследствии, эволюция данного штамма привела к появлению и распространению различных его вариантов, таких как А/Н5N1, А/Н5N2, А/Н5N3, А/Н5N5, А/Н5N6, А/Н5N8, которые по сей день вызывают вспышки среди диких и домашних птиц, заболевания человека и животных.

На сегодняшний день Всемирной организацией здравоохранения зарегистрировано 860 случаев инфицирования человека вирусом гриппа А/Н5N1, 454 из которых закончились летальным исходом [9]. При этом, за 2018 г. случаев заражения человека вирусами А/Н5N1 не выявлено, однако регистрировались новые случаи заражения людей вирусами гриппа А/Н5N6. На сегодняшний день известно о 24 лабораторно подтвержденных случаях, 7 из которых имели летальный исход. Стоит также отметить, что продолжают регистрировать случаи заражения человека вирусами гриппа А/Н7N9, которых на сегодняшний день насчитывается 1567, а также вирусами гриппа А/Н9N2. За 2018 г. зарегистрировано шесть новых случаев заражения людей и один случай в 2019 г. [10].

Учитывая вышесказанное, очевидно, что в борьбе с данным инфекционным агентом необходим комплексный подход. В частности, важным является сбор и анализ информации о циркулирующих в настоящее время и зарегистрированных ранее вариантах вируса гриппа. Полученные данные позволят спрогнозировать эпидемиологическую и эпизоотологическую ситуацию, оценив возможные пути распространения высокопатогенных вариантов вируса гриппа.

В данной работе представлен анализ циркуляции наиболее важных в эпидемиологическом аспекте высокопатогенных вариантов вируса гриппа птиц в России и мире за 2018 г.

Ситуация по высокопатогенному гриппу в мире. В 2018 г. вспышки различных вариантов высокопатогенного гриппа субтипа Н5 линии А/goose/Guangdong/1/96 регистрировались более чем в 30 странах Азии, Европы и Африки. За истекший год отмечена циркуляция трех клад вируса гриппа А/Н5 субтипа – 2.3.2.1a, 2.3.2.1c и 2.3.4.4 [11]. Так, вирусы гриппа А/Н5N1 клады 2.3.2.1a зарегистрированы во время вспышек среди дикой и сельскохозяйственной птицы на территории Индии, Бутана, Непала и Бангладеш (таблица). Следует отметить, что ранее, в 2016–2017 гг., вирусы гриппа А/Н5N1 клады 2.3.2.1a

Данные ВОЗ по циркуляции вируса гриппа Н5 в 2018 г.
WHO data on H5 avian influenza virus circulation in 2018

Страна	Хозяин	Генетическая линия вируса Н5
Англия	дикая птица	2.3.4.4 (H5N6)
Бангладеш	дикая птица с/х птица	2.3.2.1a (H5N1) 2.3.2.1a (H5N1/N2)
Болгария	с/х птица	2.3.4.4 (H5N8)
Бутан	с/х птица	2.3.2.1a
Вьетнам	с/х птица	2.3.2.1c (H5N1), 2.3.4.4 (H5N6)
Германия	дикая птица с/х птица	2.3.4.4 (H5N6) 2.3.4.4 (H5N6)
Гонконг	дикая птица	2.3.4.4 (H5N6)
Дания	дикая птица	2.3.4.4 (H5N6)
Египет	с/х птица	2.3.4.4 (H5N6)
Индия	дикая птица с/х птица	2.3.2.1a (H5N1) 2.3.2.1a (H5N1)
Индонезия	с/х птица	2.3.2.1c (H5N1)
Иран	дикая птица с/х птица	2.3.4.4 (H5N8) 2.3.4.4 (H5N6/N8)
Ирак	с/х птица	2.3.4.4 (H5N8)
Ирландия	дикая птица	2.3.4.4 (H5N6)
Италия	с/х птица	2.3.4.4 (H5N8)
Камбоджа	с/х птица	2.3.2.1c (H5N1)
Китай	Человек, с/х птица	неизв. клада (H5N6) 2.3.4.4 (H5N6), неизв. клада (H5N1)
Малайзия	с/х птица	неизв. клада (H5)
Мьянма	с/х птица	2.3.2.1c (H5N1), 2.3.4.4 (H5N6)
Непал	с/х птица	2.3.2.1a (H5N1)
Нигерия	с/х птица	2.3.2.1c (H5N1)
Нидерланды	дикая птица с/х птица	2.3.4.4 (H5N6) 2.3.4.4 (H5N6)
Саудовская Аравия	с/х птица	2.3.4.4 (H5N8)
Словакия	дикая птица	2.3.4.4 (H5N6)
Того	с/х птица	2.3.2.1c (H5N1)
Россия	с/х птица	2.3.4.4 (H5N2/N8)
Тайвань	дикая птица	2.3.4.4 (H5N2)
Финляндия	дикая птица	2.3.4.4 (H5N6)
Швеция	дикая птица с/х птица	2.3.4.4 (H5N6) 2.3.4.4 (H5N6)
ЮАР	дикая птица с/х птица	2.3.4.4 (H5N8) 2.3.4.4 (H5N8)
Южная Корея	с/х птица	2.3.4.4 (H5N6)
Япония	дикая птица с/х птица	2.3.4.4 (H5N6) 2.3.4.4 (H5N6)

также регистрировались среди дикой и сельскохозяйственной птицы только на территории этих стран [12].

Вирусы гриппа А/Н5N1 клады 2.3.2.1с в 2018 г. зарегистрированы во время вспышек гриппа среди дикой и сельскохозяйственной птицы на территории Камбоджи, Индонезии, Мьянмы и Вьетнама, а также Нигерии и Того. География распространения вирусов гриппа А/Н5N1 клады 2.3.2.1с по сравнению с предыдущими годами уменьшилась, однако данные о вспышках 2018 г. говорят о том, что природные очаги вирусов гриппа А/Н5N1 сохраняются на территориях Юго-Восточной Азии и Западной Африки.

Более широкую географию распространения, а также большее разнообразие циркулирующих субтипов показали вирусы гриппа А/Н5 клады 2.3.4.4. В 2018 г. более чем в 20 странах Азии, Европы и Ближнего Востока зарегистрировано множество вспышек среди диких и сельскохозяйственных птиц, вызванных вирусами гриппа клады 2.3.4.4 субтипов А/Н5N6, А/Н5N8 и А/Н5N2 [13]. Надо отметить, что за прошедший год более широкое распространение показал вирус гриппа А/Н5N6, тогда как доминирующий в предыдущие два года субтип А/Н5N8 продолжил циркулировать лишь в нескольких странах Европы, Ближнего Востока и ЮАР. Вирус гриппа А/Н5N2 был зарегистрирован в Бангладеш, Тайване и России. Как и в предыдущие годы, случаев заражения людей вирусом гриппа субтипа А/Н5N8 в 2018 г. не отмечено, однако зарегистрирован новый случай заражения человека вирусами гриппа А/Н5N6. При этом все случаи заражения и гибели людей до сегодняшнего дня регистрировались только в Китае.

В 2018 г., также как и ранее, случаи вспышек среди сельскохозяйственной птицы, вызванные вирусами гриппа А/Н7N9, а также выделение вируса из окружающей среды отмечены только в Китае, за исключением одного случая в Японии, где вирус выделили из мяса уток [11, 14]. Стоит также отметить, что вирус гриппа А/Н7N9 продолжил распространяться к границам России. В 2018 г. зарегистрирована вспышка высокопатогенного варианта вируса гриппа А/Н7N9 недалеко от российско-китайской границы в районе Приморского края. При этом инфицирование людей отмечено только в первой половине 2018 г. и на сегодняшний день зарегистрировано в общей сложности 1567 случаев заражения, из которых 39 % имели летальный исход [15].

В Китае также зарегистрировано несколько новых случаев инфицирования человека вирусом гриппа А/Н9N2. В одном из последних случаев инфицирования 24-летней женщины показано, что заболевание при инфекции протекает в легкой форме, и в настоящее время нет особых предпосылок для передачи вируса от человека к человеку. С 1998 г. в мире зафиксировано менее 50 случаев инфицирования людей вирусом гриппа А/Н9N2, из которых один закончился летально [10]. Эти случаи встречались

в Китае, Египте и Бангладеш. Однако вирус гриппа А/Н9N2 продолжает циркулировать в природе и среди птиц. Так, генетическая линия Y280/G9 вирусов гриппа А/Н9N2 в 2018 г. зарегистрирована среди диких и домашних птиц в Мьянме, Вьетнаме и России. Вирусы А/Н9N2 генетической линии G1 также циркулировали в некоторых странах Азии и Африки.

Ситуация по высокопатогенному гриппу в России. В России в 2018 г. сохранилась неблагоприятная ситуация по высокопатогенному гриппу. Как и в предыдущие годы, на территории России зарегистрировано несколько вспышек среди птиц [13].

В мае 2018 г. на территории Приморского края и Амурской области на нескольких птицефабриках отмечена гибель сельскохозяйственной птицы. Из материала от погибших птиц выделен вирус гриппа А/Н9N2. Филогенетический анализ показал, что штаммы на Дальнем Востоке России относятся к двум различным генетическим линиям (рис. 1). Так, штаммы A/chicken/Primorsky_Krai/03/2018 и A/chicken/Primorsky_Krai/05/2018 относились к кладе Y280/G9 вирусов гриппа А/Н9N2, тогда как штамм A/chicken/Amur_Russia/17/2018 (по данным GISAID, штамм выделен К.А. Шаршовым и др.) относится к кладе G1 вирусов гриппа А/Н9N2. Затем, в сентябре и октябре 2018 г., вирус гриппа А/Н9N2 детектировался методом ПЦР в биоматериале от диких птиц на территории Томской области и Хабаровского края соответственно, однако выделить вирус в этих случаях не удалось. В середине декабря очередная гибель птицы зафиксирована на территории Приморского края. Из биоматериала от забитых кур также выделен вирус гриппа А/Н9N2. В настоящее время исследования данного штамма продолжаются. Так или иначе, можно сказать, что выделение вируса гриппа А/Н9N2 на территории Дальнего Востока является первым описанным случаем выделения данного субтипа в России.

В 2018 г. отмечен ряд вспышек среди сельскохозяйственных птиц на территории европейской части России, вызванных высокопатогенными вирусами гриппа Н5. Так, в июне 2018 г. гибель домашней птицы отмечена на частных подворьях Курской, Пензенской, Самарской и Орловской областей. В июле также зарегистрирована гибель птицы на частных подворьях Курской, Самарской, Орловской областей, Чувашской Республики, а также на птицефабрике в Ростовской области. В августе гибель птицы на частных подворьях зафиксирована на территории республик Татарстан и Марий Эл и Чувашии. В октябре 2018 г. гибель птиц отмечена на птицефабрике в Ростовской области. Затем, в ноябре 2018 г. был падеж на территории птицефабрики в Воронежской области. Филогенетический анализ штаммов вируса гриппа, выделенных с вышеуказанных вспышек, показал, что они относятся к субтипу А/Н5N8 клады 2.3.4.4 (рис. 2). По данным Всемирной организации по охране здоровья животных (ОИЕ), в 2018 г. вспышки вируса гриппа субтипа А/Н5N8

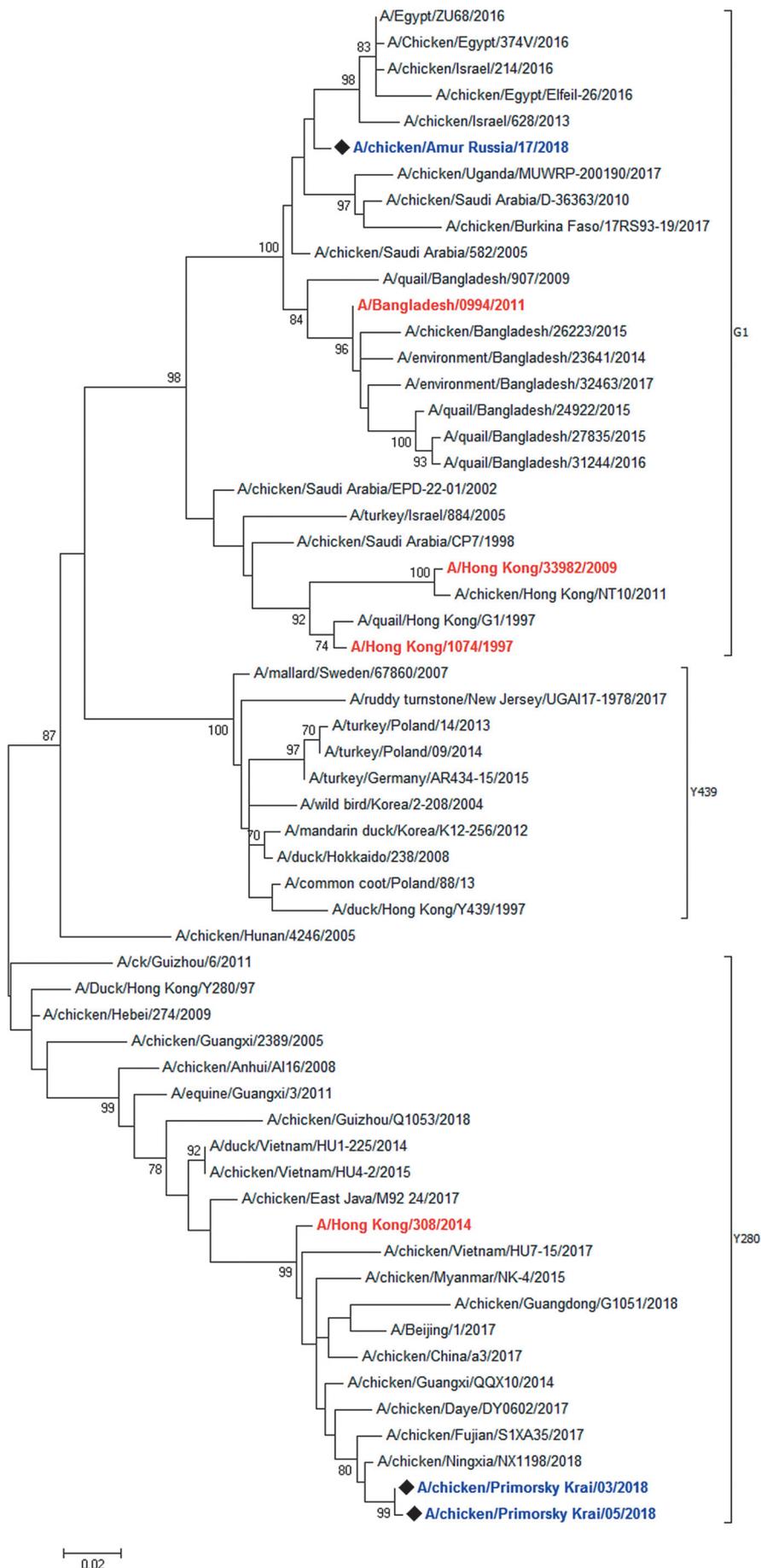


Рис. 1 Филогенетическое дерево гена HA штаммов вируса гриппа A/H9N2. Штаммы, выделенные в России в 2018 г., выделены синим. Кандидатные вакцинные штаммы, использованные для определения генетических групп/подгрупп, выделены красным. Филогенетическое дерево построено с помощью программного обеспечения MEGA версии 6.0 (www.megasoftware.net/) с использованием метода neighbor-joining (1,000 повторов) с Kimura 2-parameter model

Fig. 1. Phylogenetic tree of HA gene in the strains of influenza virus A/H9N2. Strains isolated in Russia in 2018 are indicated in blue color. Candidate vaccine strains utilized for identification of genetic groups/sub-groups are shown in red. Phylogenetic tree diagram was constructed using software package MEGA 6.0 (www.megasoftware.net/) applying neighbor-joining technique (1.000 repeats) with Kimura 2-parameter model

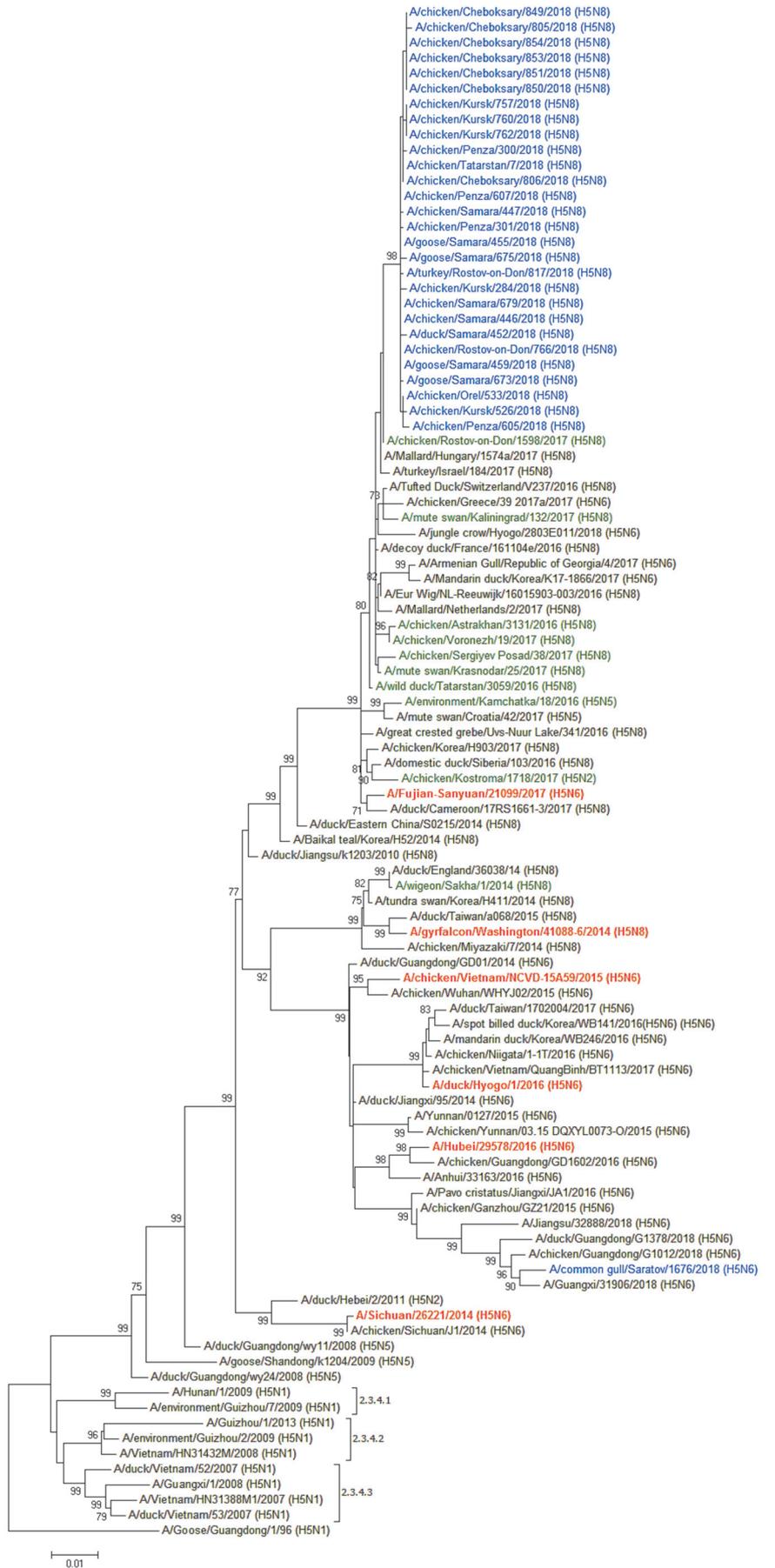


Рис. 2 Филогенетическое дерево гена НА штаммов вируса гриппа А/Н5Nх. Штаммы, выделенные в России в 2018 г., выделены синим. Штаммы, выделенные в России до 2018 г., выделены зеленым. Кандидатные вакцинные штаммы, использованные для определения генетических групп/подгрупп, выделены красным. Филогенетическое дерево построено с помощью программного обеспечения MEGA версии 6.0 (www.megasoftware.net/) с использованием метода neighbor-joining (1,000 повторов) с Kimura 2-parameter model

Fig. 2. Phylogenetic tree of HA gene in the strains of influenza virus A/H5Nx. Strains isolated in Russia in 2018 are indicated in blue color. Strains isolated in Russia before 2018 – labeled in green. Candidate vaccine strains utilized for identification of genetic groups/ sub-groups are shown in red. Phylogenetic tree diagram was constructed using software package MEGA 6.0 (www.megasoftware.net/) applying neighbor-joining technique (1,000 repeats) with Kimura 2-parameter model

клады 2.3.4.4 также регистрировались на территории Смоленской, Ульяновской, Нижегородской областей и в Республике Удмуртия [13]. Следует обратить внимание, что по данным OIE, в августе 2018 г. на территории Костромской области зарегистрирована вспышка среди домашних птиц, вызванная высокопатогенным вирусом гриппа A/H5N2 клады 2.3.4.4. Надо отметить, что ранее на территории Костромской области уже регистрировалась гибель птиц, вызванная высокопатогенным вирусом гриппа A/H5N2. Результаты исследований штамма A/chicken/Kostroma/1718/2017 (H5N2), выделенного в 2017 г., показали, что он обладает уникальными характеристиками, потенциально влияющими на его вирулентность, которая в сравнении оказалась выше, чем вирулентность штаммов вируса гриппа A/H5N8, выделенных в то же время [16].

Помимо этого, в ходе мониторинга вируса гриппа на территории Саратовской области от сизой чайки (*Larus canus*) в ноябре 2018 г. выделен вирус гриппа A/H5N6. Анализ штамма A/common gull/Saratov/1676/2018 (H5N6) выявил его принадлежность к кладе 2.3.4.4 вирусов гриппа H5. Таким образом, можно сказать, что это первый описанный случай выделения вируса гриппа A/H5N6 клады 2.3.4.4 в России.

Прогноз развития эпидемиологической ситуации по высокопатогенному вирусу гриппа в России.

Учитывая вышесказанное, становится очевидным, что в 2018 г. эпидемиологическая ситуация по высокопатогенному вирусу гриппа в России сохранялась неблагоприятной. Множественные вспышки среди сельскохозяйственной птицы, вызванные вирусами гриппа A/H5N8 клады 2.3.4.4 в европейской части России, которые продолжаются с 2016 г., свидетельствуют о том, что, вероятно, проведенных в 2016–2017 гг., противоэпизоотических мероприятий [17], направленных на разрыв эпизоотической цепи и прекращение эпизоотического процесса недостаточно. Об этом, например, свидетельствуют зарегистрированные вспышки на птицефабриках Ростовской области, которые продолжаются с января 2017 г. и до сих пор поступают сообщения о новых случаях массовой гибели сельскохозяйственной птицы в этом регионе. Необходимо также учесть, что в 2018 г. значительная часть случаев гибели птиц от вируса гриппа зарегистрирована на частных подворьях, что представляет дополнительную угрозу для распространения вируса ввиду возможности контакта домашней птицы с дикой. В связи с этим, при отсутствии должного комплексного подхода к решению проблем распространения высокопатогенного гриппа, вспышки могут и в дальнейшем регистрироваться на территории европейской части России, а также не исключено расширение географии распространения вируса гриппа A/H5N8. При этом, появление на территории России вируса гриппа A/H5N6 клады 2.3.4.4, который в 2018 г. был более широко распространен в странах Европы и Азии с регистрацией случаев за-

ражения человека, ставит вопрос о распространении на территории страны нового варианта вируса гриппа, обладающего пандемическим потенциалом.

В настоящее время уже имеются данные о зарегистрированных в январе 2019 г. вспышках высокопатогенного вируса гриппа в странах Африки и Юго-Восточной Азии в местах зимовки диких перелетных птиц [18]. Учитывая высокую возможность вирусов A/H5N8, A/H5N6 распространяться с дикими перелетными птицами, можно предположить повторный занос вируса вдоль Черноморско-Средиземноморского пролетного пути, который охватывает густонаселенные промышленные регионы европейской части России, на которых сосредоточены крупные птицеводческие предприятия. Традиционным началом миграции птиц в эти районы является март, затем птицы перемещаются к местам гнездования в полярных широтах России [19]. Поэтому, в весенний период 2019 г. можно ожидать заноса вируса H5N8 дикими птицами в регионы Южного федерального округа.

Помимо этого, с учетом локальной циркуляции вирусов гриппа A/H5N6, A/H5N5, A/H5N2, A/H5N9, A/H7N9, A/H9N2 в странах Юго-Восточной Азии, возможен занос этих вариантов вируса на территорию Дальнего Востока России. Так, первый случай выделения в Приморском крае и Амурской области в мае 2018 г. двух различных генетических линий вируса гриппа A/H9N2 в очередной раз подтверждает то, что территория Дальнего Востока имеет важнейшее значение в распространении вируса гриппа [20]. Анализ выделенных штаммов показывает, насколько широки территориальные связи данного региона в аспекте циркуляции вируса. Об этом также свидетельствует регистрация вируса гриппа A/H9N2 на территории Томской области. Очевидно, что данные вирусы распространились из стран Юго-Восточной Азии с дикими птицами. В связи с этим, не исключено дальнейшее распространение в России данного субтипа вируса гриппа.

Можно предположить, что дальнейшее развитие эпидемиологической ситуации по высокопатогенному вирусу гриппа во многом будет зависеть от комплекса своевременно принятых соответствующими службами противоэпизоотических и противоэпидемических мер, которые должны быть направлены на недопущение дальнейшего распространения и снижение риска инфицирования людей. В целом, можно отметить, что с момента выявления вирусов высокопатогенного гриппа на территории Российской Федерации в 2005 г. не зафиксировано ни одного случая заболевания или гибели человека от них. Это позволяет сделать предположение о том, что в 2019 г. известные в настоящий момент варианты вируса гриппа птиц не окажут влияния на заболеваемость и при соблюдении противоэпизоотических правил в местах вспышек ожидать случаев заболевания человека не приходится.

Таким образом, в 2019 г. возможен повторный

занос различных вариантов вируса гриппа на территорию России через территорию Дальнего Востока, как это случилось весной 2018 г., а также в европейскую часть России из очагов высокопатогенного вируса гриппа А/Н5 клды 2.3.4.4, которые регистрируются в странах Европы, Африки и на Ближнем Востоке. Кроме этого, учитывая основные миграционные маршруты диких перелетных птиц, в весенний период 2019 г. можно ожидать заноса вируса по Центрально-Азиатскому пролетному пути, который проходит через Центральную и Западную Сибирь [21]. В связи с этим, необходимо усилить мониторинговые исследования в данных ключевых точках распространения вируса гриппа птиц для раннего обнаружения его циркулирующих вариантов. В случае выявления вируса гриппа или вспышек среди дикой или домашней птицы, вызванных его высокопатогенными вариантами, необходимо принимать незамедлительные ответные противоэпизоотические и противоэпидемические меры, которые позволят не допустить повторение сценария 2016–2017 гг. и предотвратить распространение высокопатогенного гриппа птиц в России.

Финансирование. Исследование проводилось в рамках выполнения государственного задания ГЗ-4/16.

Конфликт интересов. Авторы подтверждают отсутствие конфликта финансовых/нефинансовых интересов, связанных с написанием статьи.

Список литературы

- Krammer F., Smith G.J.D., Fouchier R.A.M., Peiris M., Kedzierska K., Doherty P.C., Palese P., Shaw M.L., Treanor J., Webster R.G., Garcia-Sastre A. Influenza. *Nat. Rev. Dis. Primers*. 2018; 4(1):3. DOI: 10.1038/s41572-018-0002-y.
- Tong S., Li Y., Rivailier P., Conrardy C., Castillo D.A., Chen L.-M., Recuenco S., Ellison J.A., Davis C.T., York I.A., Turmelle A.S., Moran D., Rogers S., Shi M., Tao Y., Weil M.R., Tang K., Rowe L.A., Sammons S., Xu X., Frace M., Lindblade K.A., Cox N.J., Anderson L.J., Rupprecht C.E., Donis R.O. A distinct lineage of influenza A virus from bats. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2012; 109(11):4269–74. DOI: 10.1073/pnas.1116200109.
- Tong S., Zhu X., Li Y., Shi M., Zhang J., Bourgeois M., Yang H., Chen X., Recuenco S., Gomez J., Chen L.-M., Johnson A., Tao Y., Dreyfus C., Yu W., McBride R., Carney P.J., Gilbert A.T., Chang J., Guo Z., Davis C.T., Paulson J.C., Stevens J., Rupprecht C.E., Holmes E.C., Wilson I.A., Donis R.O. New World Bats Harbor Diverse Influenza A Viruses. *PLoS Pathog*. 2013; 9(10):e1003657. DOI: 10.1371/journal.ppat.1003657.
- Olsen B., Munster V.J., Wallensten A., Waldenström J., Osterhaus A.D., Fouchier R.A. Global patterns of influenza a virus in wild birds. *Science*. 2006; 312(5772):384–8. DOI: 10.1126/science.1122438.
- Webster R.G., Bean W.J., Gorman O.T., Chambers T.M., Kawaoka Y. Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiol Rev*. 1992; 56(1):152–79. PMID: 1579108. PMID: PMC372859.
- Yoon S.W., Webby R.J., Webster R.G. Evolution and ecology of influenza A viruses. *Curr. Top. Microbiol. Immunol*. 2014; 385:359–75. DOI: 10.1007/82_2014_396.
- Toward a Unified Nomenclature System for Highly Pathogenic Avian Influenza Virus (H5N1). WHO, OIE, FAO, H5N1 Evolution Working Group. *Emerg. Infect. Dis*. 2008; 14(7):e1. DOI: 10.3201/eid1407.071681.
- Xu X., Subbarao K., Cox N.J., Guo Y. Genetic characterization of the pathogenic influenza A/Guangdong/1/96 (H5N1) virus: similarity of its hemagglutinin gene to those of H5N1 viruses from the 1997 outbreaks in Hong Kong. *Virology* 1999; 261(1):15–9. DOI: 10.1006/viro.1999.9820.
- Cumulative number of confirmed human cases of avian influenza A(H5N1) reported to WHO. World Health Organization (WHO). [Электронный ресурс]. URL: https://www.who.int/influenza/human_animal_interface/H5N1_cumulative_table_archives/

(дата обращения: 21.01.2019 г.).

10. Adlhoeh C., Brouwer A., Kuiken T., Miteva A., Mulatti P., Smietanka K., Staubach C., Gogin A., Muñoz Guajardo I., Baldinelli F. Avian influenza overview August–November 2018. *EFSA Journal*. 16(12):e05573. DOI: 10.2903/j.efsa.2018.5573.

11. Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza viruses and candidate vaccine viruses developed for potential use in human vaccines. World Health Organization (WHO). [Электронный ресурс]. URL: https://www.who.int/influenza/vaccines/virus/201809_zoonotic_vaccinevirusupdate.pdf?ua=1 (дата обращения: 21.01.2019 г.).

12. Марченко В.Ю., Суслопаров И.М., Игнатъев В.Э., Гаврилова Е.В., Максютов Р.А., Рыжиков А.Б. Обзор ситуации по высокопатогенному вирусу гриппа птиц субтипа Н5 в России в 2016–2017 гг. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2018; 1:30–35. DOI: 10.21055/0370-1069-2018-1-30-35.

13. Update on highly pathogenic avian influenza in animals (types h5 and h7). World organization for animal health (OIE). Paris: OIE; 2018. [Электронный ресурс]. URL: <http://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/update-on-avian-influenza/2018/> (дата обращения: 21.01.2019 г.).

14. H7N9 situation update. Food and Agriculture Organization of the United Nation (FAO). [Электронный ресурс] URL: http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/empres/H7N9/situation_update.html (дата обращения: 21.01.2019 г.).

15. Human infection with avian influenza A(H7N9) virus – China: Update. World Health Organization (WHO). [Электронный ресурс]. URL: <https://www.who.int/csr/don/05-september-2018-ah7n9-china/en/> (дата обращения: 21.01.2019 г.).

16. Marchenko V., Goncharova N., Susloparov I., Kolosova N., Gudymo A., Svyatchenko S., Danilenko A., Durymanov A., Gavrilo E., Maksyutov R., Ryzhikov A. Isolation and characterization of H5Nx highly pathogenic avian influenza viruses of clade 2.3.4.4 in Russia. *Virology*. 2018; 525:216–23. DOI: 10.1016/j.virol.2018.09.024.

17. Волков М.С., Ирза В.Н., Варкентин А.В. Опыт ликвидации высокопатогенного гриппа птиц на территории Российской Федерации в 2016–2017 гг. *Ветеринария сегодня*. 2018; 1:3–10. DOI: 10.29326/2304-196X-2018-1-24-3-7.

18. Update on highly pathogenic avian influenza in animals (types h5 and h7). World organization for animal health (OIE). Paris: OIE; 2019. [Электронный ресурс]. URL: <http://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/update-on-avian-influenza/2019/> (дата обращения: 21.01.2019 г.).

19. Whitworth D., Newman S.H., Mundkur T., Harris P. Wild Birds and Avian Influenza: an introduction to applied field research and disease sampling techniques. FAO Animal Production and Health Manual. Rome; 2007. No. 5. 120 p.

20. Verhagen J.H., Herfst S., Fouchier R.A.M. How a virus travels the world. *Science*. 2015; 347(6222):616–7. DOI: 10.1126/science.aaa6724.

21. Vejn J., Yurlov A.K., Delany S.N., Mihantiev A.I., Selivanova M.A., Boere G.C. An atlas of movements of Southwest Siberian waterbirds. Wetlands International; 2005. P. 60. [Электронный ресурс]. URL: http://gull-research.org/barabensis/imagesross1/atlas_SE_siberian_waterbirds_2.pdf (дата обращения: 21.01.2019 г.).

References

- Krammer F., Smith G.J.D., Fouchier R.A.M., Peiris M., Kedzierska K., Doherty P.C., Palese P., Shaw M.L., Treanor J., Webster R.G., Garcia-Sastre A. Influenza. *Nat. Rev. Dis. Primers*. 2018; 4(1):3. DOI: 10.1038/s41572-018-0002-y.
- Tong S., Li Y., Rivailier P., Conrardy C., Castillo D.A., Chen L.-M., Recuenco S., Ellison J.A., Davis C.T., York I.A., Turmelle A.S., Moran D., Rogers S., Shi M., Tao Y., Weil M.R., Tang K., Rowe L.A., Sammons S., Xu X., Frace M., Lindblade K.A., Cox N.J., Anderson L.J., Rupprecht C.E., Donis R.O. A distinct lineage of influenza A virus from bats. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2012; 109(11):4269–74. DOI: 10.1073/pnas.1116200109.
- Tong S., Zhu X., Li Y., Shi M., Zhang J., Bourgeois M., Yang H., Chen X., Recuenco S., Gomez J., Chen L.-M., Johnson A., Tao Y., Dreyfus C., Yu W., McBride R., Carney P.J., Gilbert A.T., Chang J., Guo Z., Davis C.T., Paulson J.C., Stevens J., Rupprecht C.E., Holmes E.C., Wilson I.A., Donis R.O. New World Bats Harbor Diverse Influenza A Viruses. *PLoS Pathog*. 2013; 9(10):e1003657. DOI: 10.1371/journal.ppat.1003657.
- Olsen B., Munster V.J., Wallensten A., Waldenström J., Osterhaus A.D., Fouchier R.A. Global patterns of influenza a virus in wild birds. *Science*. 2006; 312(5772):384–8. DOI: 10.1126/science.1122438.
- Webster R.G., Bean W.J., Gorman O.T., Chambers T.M., Kawaoka Y. Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiol Rev*. 1992; 56(1):152–79. PMID: 1579108. PMID: PMC372859.
- Yoon S.W., Webby R.J., Webster R.G. Evolution and ecology of influenza A viruses. *Curr. Top. Microbiol. Immunol*. 2014; 385:359–75. DOI: 10.1007/82_2014_396.

385:359–75. DOI: 10.1007/82_2014_396.

7. Toward a Unified Nomenclature System for Highly Pathogenic Avian Influenza Virus (H5N1). WHO, OIE, FAO, H5N1 Evolution Working Group. *Emerg. Infect. Dis.* 2008; 14(7):e1. DOI: 10.3201/eid1407.071681.

8. Xu X., Subbarao K., Cox N.J., Guo Y. Genetic characterization of the pathogenic influenza A/Goose/Guangdong/1/96 (H5N1) virus: similarity of its hemagglutinin gene to those of H5N1 viruses from the 1997 outbreaks in Hong Kong. *Virology* 1999; 261(1):15–9. DOI: 10.1006/viro.1999.9820.

9. Cumulative number of confirmed human cases of avian influenza A(H5N1) reported to WHO. World Health Organization (WHO). [Internet]. (Cited 21 Jan 2019). Available from: https://www.who.int/influenza/human_animal_interface/H5N1_cumulative_table_archives/en/.

10. Adlhoch C., Brouwer A., Kuiken T., Miteva A., Mulatti P., Smietanka K., Staubach C., Gogin A., Muñoz Guajardo I., Baldinelli F. Avian influenza overview August–November 2018. *EFSA Journal*. 16(12):e05573. DOI: 10.2903/j.efsa.2018.5573.

11. Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza viruses and candidate vaccine viruses developed for potential use in human vaccines. World Health Organization (WHO). [Internet]. (Cited 21 Jan 2019). Available from: https://www.who.int/influenza/vaccines/virus/201809_zoonotic_vaccinevirusupdate.pdf?ua=1.

12. Marchenko V.Yu., Susloparov I.M., Ignat'ev V.E., Gavrilova E.V., Maksyutov R.A., Ryzhikov A.B. [Overview of the situation on highly pathogenic avian influenza virus H5 in Russia in 2016–2017]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2018; 1:30–5. DOI: 10.21055/0370-1069-2018-1-30-35.

13. Update on highly pathogenic avian influenza in animals (types h5 and h7). World organization for animal health (OIE). Paris: OIE; 2018. [Internet]. (Cited 21 Jan 2019). Available from: <http://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/update-on-avian-influenza/2018/>.

14. H7N9 situation update. Food and Agriculture Organization of the United Nation (FAO). [Internet]. (Cited 21 Jan 2019). Available from: http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/empres/H7N9/situation_update.html.

15. Human infection with avian influenza A(H7N9) virus – China: Update. World Health Organization (WHO). [Internet]. (Cited 21 Jan 2019). Available from: <https://www.who.int/csr/don/05-september-2018-ah7n9-china/en/>.

16. Marchenko V., Goncharova N., Susloparov I., Kolosova N., Gudymo A., Svyatchenko S., Danilenko A., Durymanov A.,

Gavrilova E., Maksyutov R., Ryzhikov A. Isolation and characterization of H5Nx highly pathogenic avian influenza viruses of clade 2.3.4.4 in Russia. *Virology*. 2018; 525:216–23. DOI: 10.1016/j.virol.2018.09.024.

17. Volkov M.S., Irza V.N., Varkentin A.V. [History of Highly Pathogenic Avian Influenza Eradication in the Russian Federation in 2016–2017]. *Veterinariya Segodnya. (Veterinary Science Today)*. 2018; (1):3–10. (In Russ.). DOI: 10.29326/2304-196X-2018-1-24-3-7.

18. Update on highly pathogenic avian influenza in animals (types h5 and h7). World organization for animal health (OIE). Paris: OIE; 2019. [Internet]. (Cited 21 Jan 2019). Available from: <http://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/update-on-avian-influenza/2019/>.

19. Whitworth D., Newman S.H., Mundkur T., Harris P. Wild Birds and Avian Influenza: an introduction to applied field research and disease sampling techniques. FAO Animal Production and Health Manual. Rome; 2007. No. 5. 120 p.

20. Verhagen J.H., Herfst S., Fouchier R.A.M. How a virus travels the world. *Science*. 2015; 347(6222):616–7. DOI: 10.1126/science.aaa6724.

21. Veen J., Yurlov A.K., Delany S.N., Mihantiev A.I., Selivanova M.A., Boere G.C. An atlas of movements of Southwest Siberian waterbirds. *Wetlands International*; 2005. P. 60. [Internet]. (Cited 21 Jan 2019). Available from: http://gull-research.org/barabensis/imagesross1/atlas_SE_siberinan_waterbirds_2.pdf.

Authors:

Marchenko V.Yu., Goncharova N.I., Evseenko V.A., Susloparov I.M., Gavrilova E.V., Maksyutov R.A., Ryzhikov A.B. State Scientific Centre of Virology and Biotechnology “Vector”. Kol'tsovo, Novosibirsk Region, 630559, Russian Federation. E-mail: vector@vector.nsc.ru

Об авторах:

Марченко В.Ю., Гончарова Н.И., Евсеенко В.А., Суслопаров И.М., Гаврилова Е.В., Максюттов Р.А., Рыжиков А.Б. Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор». Российская Федерация, 630559, Новосибирская обл., п. Кольцово. E-mail: vector@vector.nsc.ru

Поступила 04.02.19.

Отправлена на доработку 14.03.19.

Принята к публ. 18.03.19.