

В.Ю.Марченко, И.М.Суслопаров, В.Э.Игнатъев, Е.В.Гаврилова, Р.А.Максютов, А.Б.Рыжиков

ОБЗОР СИТУАЦИИ ПО ВЫСОКОПАТОГЕННОМУ ВИРУСУ ГРИППА ПТИЦ СУБТИПА Н5 В РОССИИ В 2016–2017 гг.

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

В 2016–2017 гг. на территории Российской Федерации зафиксировано несколько вспышек заболевания среди дикой и домашней птицы, вызванных высокопатогенным вирусом гриппа. После выделения А(Н5N8) на территории Республики Тыва в мае 2016 г., вирус занесен дикими птицами на запад, где вызвал масштабную эпизоотию. Гибель сельскохозяйственной птицы отмечалась в нескольких регионах европейской части России и продолжалась вплоть до конца 2017 г. В работе представлены данные по циркуляции высокопатогенного вируса гриппа за последние два года. Рассмотрено современное состояние по гриппу Н5 на территории Российской Федерации, где впервые с 2005 г. зафиксирована масштабная эпизоотия, вызванная вирусом гриппа субтипа А(Н5N8). Показано, что территория России играет важную географическую роль в распространении вируса гриппа, способствуя его переносу дикими птицами из Юго-Восточной Азии в Европу и Северную Америку. Сделано предположение о возможном продолжении циркуляции высокопатогенных вирусов на территории России.

Ключевые слова: вирус гриппа птиц, мониторинг, вспышки, Н5N1, Н5N8, Россия

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

V.Yu.Marchenko, I.M.Susloparov, V.E.Ignat'ev, G.E.Vavrilova, R.A.Maksyutov, A.B.Ryzhikov

Overview of the Situation on Highly Pathogenic Avian Influenza Virus H5 in Russia in 2016–2017

State Scientific Center of Virology and Biotechnology "Vector", Kol'tsovo, Russian Federation

In 2016–2017, several outbreaks among wild and domestic birds caused by highly pathogenic influenza virus were recorded in the territory of the Russian Federation. After isolation of the highly pathogenic influenza A (H5N8) virus in the territory of the Republic of Tyva in May 2016, the virus was introduced into the west by wild birds, where it caused a massive epizootic. The death of agricultural poultry was noted in several regions of the European part of Russia and epizootics continued until the end of 2017. This paper presents the data on circulation of highly pathogenic influenza virus over the past two years. The current status regarding H5 influenza in the territory of the Russian Federation is also considered, where for the first time since 2005 a large-scale epizooty caused by the influenza virus subtype A (H5N8) was recorded. It is shown that the territory of Russia plays an important geographical role in the spread of influenza virus by wild birds from Southeast Asia to Europe and North America, and the research also suggests the possible continuation of circulation of highly pathogenic viruses in the territory of Russia.

Keywords: avian influenza virus, surveillance, outbreaks, H5N1, H5N8, Russia.

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

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

Citation: 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; 1:30–35. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2018-1-30-35

Вирусы гриппа А (ВГА) способны инфицировать различные виды млекопитающих и птиц, но основным хозяином и природным резервуаром ВГА являются дикие, преимущественно водоплавающие птицы [5, 20]. Вирусы гриппа подразделяются на субтипы на основании антигенных различий в поверхностных гликопротеинах, на сегодняшний день известно 18 субтипов гемагглютинина и 11 субтипов нейраминидазы ВГА [17, 18]. Тем не менее, среди широкого разнообразия вариантов данного инфекционного агента, лишь определенные субтипы ВГА показали способность преодолевать межвидовой барьер и вызывать заболевание человека. Это обусловлено тем, что в процессе эволюции вируса гриппа возникают его новые, высокопатогенные для человека и животных, варианты. Циркуляция таких вариантов вируса в популяциях восприим-

чивых хозяев может вызывать заболевание, часто с летальным исходом. Подтверждением этому служат масштабные эпизоотии среди сельскохозяйственных животных, наносящие колоссальный экономический ущерб, а также документированные случаи инфицирования человека и домашних животных высокопатогенными вирусами гриппа Н5, Н7 и Н9-субтипов гемагглютинина. На сегодняшний день возможными прародителями будущей пандемии считаются субтипы А(Н5N1) и А(Н7N9), поскольку существует вероятность, что данные варианты вируса приобретут способность к передаче от человека к человеку. По данным Всемирной организации здравоохранения, на 7 декабря 2018 г. зафиксировано 860 случаев заражения человека вирусом гриппа А(Н5N1), 454 имели летальный исход. При этом зарегистрировано 1565 случаев заражения людей вирусом гриппа А(Н7N9),

из которых 612 имели летальный исход [22, 23].

Учитывая вышесказанное, становится 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 в мире за последние два года (2016–2017 гг.).

Ситуация по высокопатогенному вирусу гриппа в мире. В 2016–2017 гг. в мире отмечалась неблагоприятная эпидемиологическая ситуация по гриппу птиц. Продолжал фиксироваться рост числа случаев заражения людей A(H7N9), а также наблюдалось дальнейшее географическое распространение вируса. За два года зарегистрировано множество вспышек заболевания среди дикой и домашней птицы, преимущественно вызванных высокопатогенным вирусом гриппа A(H5N8), принадлежащим к кладе 2.3.4.4 [6, 24].

В целом, за указанный период в мире отмечена циркуляция вирусов гриппа H5-субтипа, принадлежащих четырем различным генетическим линиям – представители клад 2.2.1.2, 2.3.2.1a, 2.3.2.1c и 2.3.4.4 [21]. Распространения других клад вирусов, циркулировавших до 2016 г. [3] (таких как 1.1.2 или 2.2.1) не отмечалось. При этом, распространение вирусов гриппа A(H5N1), принадлежащих генетической кладе 2.2.1.2 зафиксировано только в Египте, где за указанный период произошло несколько вспышек среди сельскохозяйственной птицы, а также случаи инфицирования человека представителями данной клады. Не отмечено широкого географического распространения вирусов гриппа A(H5N1) генетической клады 2.3.2.1a, представители которой выделены во время вспышек среди дикой и домашней птицы в Индии, Бутане, Непале и Бангладеш, где также зарегистрирован случай заражения человека. В то же время вирусы гриппа клады 2.3.2.1c были географически представлены более широко. За указанный период вирусы A(H5N1) данной генетической линии выделены от диких и домашних птиц в нескольких странах Юго-Восточной Азии, Западной Африки и Ближнего Востока. При этом, по сравнению с 2016 г., в 2017 г. отмечено увеличение количества регионов, где детектировались вирусы гриппа клады 2.3.2.1c. Так, в Азии в 2017 г. вспышки среди диких и домашних птиц отмечены в Китае, Индонезии, Лаосе, Малайзии, Мьянме и Вьетнаме. На Африканском континенте вспышки вируса A(H5N1) клады 2.3.2.1c регистрировались в Камеруне, Нигерии, Нигере, Того, Гане и Кот-д'Ивуаре.

Следует отметить глобальное распространение в 2016–2017 гг. высокопатогенного вируса гриппа генетической клады 2.3.4.4, которое выделено в так называемую четвертую межконтинентальную волну распространения высокопатогенного гриппа [9]. По данным Всемирной Организации по охране здоровья животных, в эту волну вспышки регистрировались в 48 странах Азии, Африки, Северной Америки и Европы. Наибольшее количество вспышек гриппа A(H5N8) среди диких и домашних птиц зарегистрировано в Венгрии, Германии и Франции.

На данный момент выделено четыре волны межконтинентального распространения гриппа (2005–2006, 2009–2010, 2014–2015, 2016–2017 гг.), которые характеризовались распространением вируса гриппа H5 линии A/goose/Guangdong/1/96 [7, 16].

По сравнению с четвертой волной, во время которой до настоящего времени не сообщалось о случаях заболевания людей, множественные случаи инфицирования людей вирусом A(H5N1) регистрировались в Юго-Восточной Азии, на Ближнем Востоке и в Африке в ходе первой волны высокопатогенного гриппа птиц, вызванной вирусом клады 2.2. В то же время, большее количество случаев гибели дикой и домашней птицы зафиксировано во время четвертой межконтинентальной волны осенью и зимой 2016–2017 гг., чем за тот же промежуток времени в первой волне 2005–2006 гг. [14].

Вторая межконтинентальная волна 2009–2010 гг. обуславливалась циркуляцией высокопатогенного вируса гриппа субтипа H5N1 клады 2.3.2.1c в популяциях дикой и домашней птицы на территории России, Румынии, Болгарии, Непала, Японии и Кореи [15].

В третьей межконтинентальной волне 2014–2015 гг. участвовали две отдельные генетические линии вируса, для удобства ее разделили на волны 3A и 3B. В межконтинентальную волну 3A вспышки инфекции вызвал высокопатогенный вирус гриппа A(H5N8) клады 2.3.4.4, который циркулировал в Республике Корея на момент весенней миграции 2014 г. Вирус этой клады (штамм A/wigeon/Sakha/1/2014 (H5N8)) впоследствии выделен в северо-восточной части Российской Федерации на территории Республики Саха (Якутия), в октябре 2014 г. [1, 11]. В следующий зимний сезон (конец 2014 – начало 2015 г.) подобные штаммы неоднократно выделялись в Северной Европе: Германии, Нидерландах, Англии, Италии и Венгрии. Однако, благодаря таким превентивным мерам как соблюдение требований биобезопасности, раннее обнаружение и строгие меры контроля за циркулирующим инфекцией и ее распространением, риски для промышленного птицеводства были минимизированы [4]. Важной особенностью вирулентных штаммов волны 3A была очевидная бессимптомная инфекция у диких птиц, когда вирус редко выделялся от погибших птиц.

Межконтинентальная волна 3B характеризова-

лась распространением высокопатогенного вируса гриппа А(Н5N1) клады 2.3.2.1с, который отличался от штаммов, циркулирующих во вторую волну 2009 г. Циркуляция подобных вирусов зарегистрирована в Алтайском крае весной 2014 г., затем вирус А(Н5N1) клады 2.3.2.1с обнаружен на Ближнем Востоке и в Западной Африке, впоследствии вспышки регистрировались в Восточной Европе и Индии. Вирусы данной клады до сих пор вызывают вспышки заболевания на Ближнем Востоке и остаются эндемичными в нескольких западноафриканских странах [8].

Четвертая волна распространения высокопатогенного вируса гриппа началась с обнаружения вируса А(Н5N8) клады 2.3.4.4 у диких птиц на озере Убсу-Нур в Республике Тыва в конце мая 2016 г. [2, 12]. К октябрю 2016 г. филогенетически родственные вирусы обнаружены в Индии и Европе. Распространение вирусов данной клады продолжалось в течение осени, зимы и весны 2016–2017 гг. В конечном итоге к лету 2017 г. вспышки среди диких и сельскохозяйственных птиц зарегистрированы на территориях 48 стран, из которых 29 в Европе, а также Российская Федерация, Египет, Израиль, Индия, Иран, Китай, Корея, Тунис, Казахстан, Кувейт, Непал, Нигерия, Нигер, Камерун, Уганда, Демократическая Республика Конго, Зимбабве, Турция и ЮАР [15, 24]. В результате социркуляции в популяциях диких птиц высокопатогенных вирусов гриппа А(Н5N8) и других штаммов, обладающих низкой патогенностью и циркулирующих в дикой птице, произошла реассортация, которая привела к появлению и распространению в 2016–2017 гг. различных вариантов вирусов клады 2.3.4.4, включающих вирусы гриппа Н5N5 и Н5N6 [6]. В 2016 г. отмечено два случая выделения от птиц А(Н5N2) клады 2.3.4.4 в США [9].

К маю 2017 г. количество вновь зарегистрированных вспышек в Европе резко упало, но о некоторых случаях сообщалось до июля. Новые случаи регистрировались в Турции, вспышки отмечались в ЮАР и Зимбабве в конце мая и на нескольких фермах в Южной Африке в июне 2017 г. Вплоть до зимы этого же года вспышки вируса гриппа А(Н5N8) регистрировались в европейской части России [24].

Ситуация по высокопатогенному вирусу гриппа в России. На территории Российской Федерации вспышки, вызванные высокопатогенным вирусом гриппа Н5-субтипа, регистрировались в течение всех четырех межконтинентальных волн распространения вируса гриппа. Первая вспышка высокопатогенного вируса гриппа Н5N1 зафиксирована в 2005 г. [10], затем, в период 2005–2007 гг., зарегистрированы вспышки на территории Западной Сибири и в центрально-европейской части России. Эти вспышки были вызваны генетическим вариантом вируса Н5N1 клады 2.2. [10, 13]. В 2008 г. на территории Приморского края зафиксирована вспышка высокопатогенного вируса гриппа Н5N1 современной циркулирующей генетической группы – клады 2.3.2. В дальнейшем вирусы данной

клады выделялись в 2009 и 2010 гг. на территории оз. Убсу-Нур (Республика Тыва) [13]. Информация о циркуляции в России вируса Н5N1 в 2010–2013 гг. отсутствует. Однако, осенью 2014 г. на территории Алтайского края среди сельскохозяйственных птиц зафиксирована вспышка, вызванная штаммом вируса гриппа Н5N1.

Весной 2015 г. данный субтип вируса зафиксирован у диких птиц в Астраханской области, где была отмечена гибель пеликанов. От диких птиц вирус Н5N1 выделен в Забайкальском крае и Республике Тыва [24]. В мае 2015 г. в ходе мониторинга вируса гриппа Н5N1 выделено несколько изолятов от диких птиц на территории Новосибирской области. Исследования показали, что данные штаммы относятся к продолжающей циркулировать в то время кладе 2.3.2.1с.

В октябре 2014 г. в ходе мониторинга гриппа птиц на территории Республики Саха (Якутия) в районе п. Белая Гора от дикой утки выделен вирус гриппа А(Н5N8) [2, 10]. Филогенетический анализ гена НА выделенного штамма A/wigeon/Sakha/1/2014 (Н5N8) и штаммов других субтипов Н5 указал на его принадлежность к генетической кладе 2.3.4.4. Тогда мы предположили, что возможно повторное выделение вируса гриппа А(Н5N8) в некоторых регионах России [2, 10]. Наша гипотеза получила подтверждение, когда в мае 2016 г. А(Н5N8) появился на территории Республики Тыва, в ходе мониторинга вируса зафиксирована гибель диких птиц. Из биологического материала, взятого от погибших птиц, выделено несколько штаммов вируса гриппа. В результате типирования определена принадлежность данных штаммов к субтипу А(Н5N8) [2, 12]. Затем вирус гриппа А(Н5N8) распространился на запад, и в конце 2016 г. начали поступать сообщения о вспышках вируса в европейской части России. Мониторинг вируса гриппа птиц проводился и на территории Камчатского края. В 2016 г. из образцов помета тихоокеанской чайки нами выделен штамм A/environment/Kamchatka/18/2016 (Н5N5) – субтип, который позже был зафиксирован в Европе.

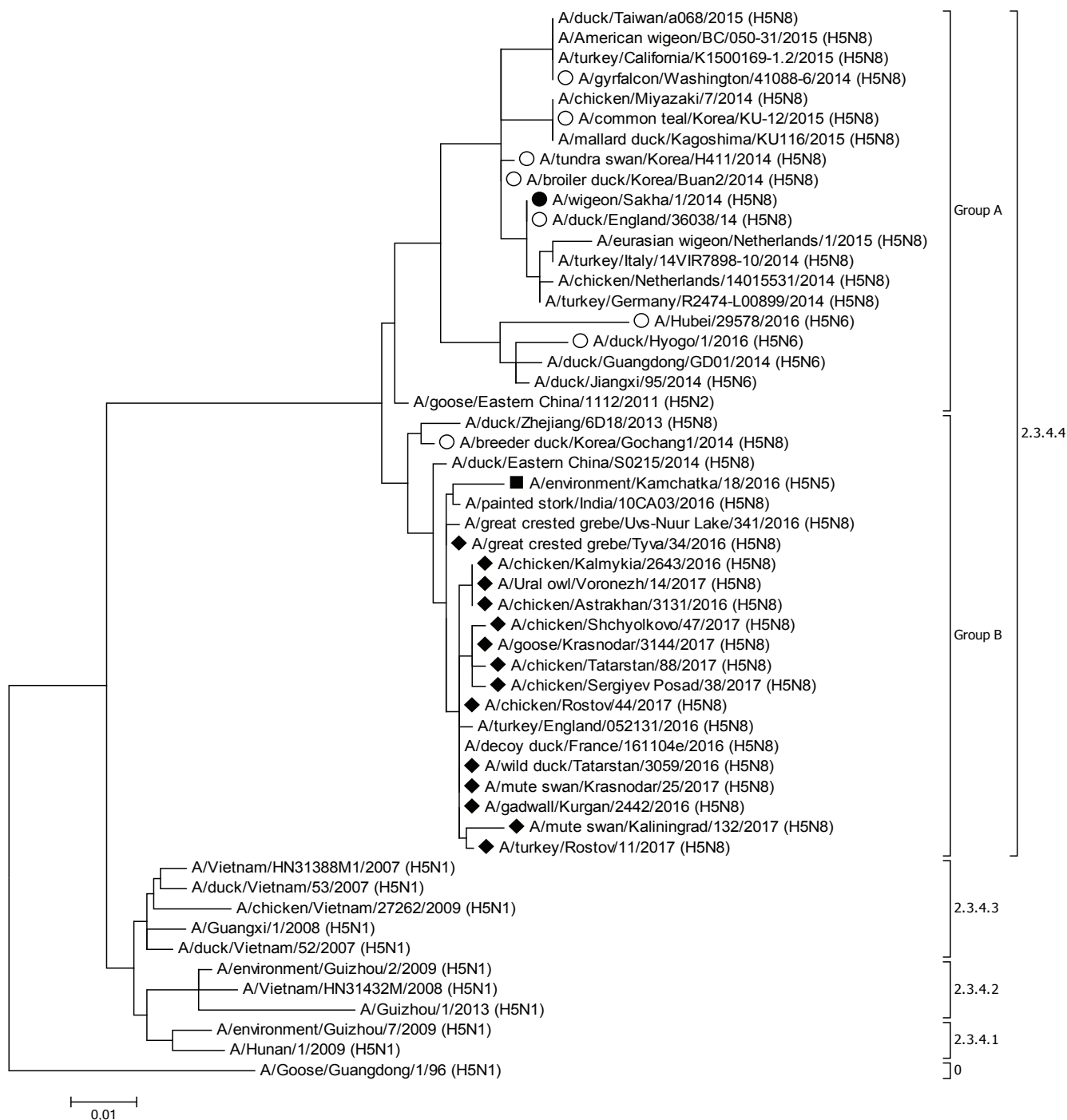
В октябре 2016 г. вирус гриппа А(Н5N8) выделен от дикой утки на территории Республики Татарстан, в ноябре – в Республике Калмыкия, где отмечалась гибель домашних кур на частных подворьях. В это же время зарегистрирована вспышка вируса гриппа на птицефабрике «Харабалинская» (г. Харабали, Астраханская область). Впоследствии вирус гриппа А(Н5N8) широко распространился в европейской части России [12]. С декабря 2016 по апрель 2017 г. вспышки регистрировались среди диких и домашних птиц в Краснодарском крае и Ростовской области. Следует отметить гибель птиц из коллекции зоопарка города Воронеж, которая произошла в январе 2017 г. В марте вспышки среди диких и домашних птиц отмечались в нескольких районах Московской и Калининградской областей. В мае этого же года гибель домашних птиц, вызванная вирусом гриппа

A(H5N8), повторно зарегистрирована в Ростовской области, а также в Республиках Татарстан и Марий-Эл, а также в Пермском крае. В летний период 2017 г. вспышек гриппа птиц не выявлено, однако в октябре и ноябре вирус A(H5N8) снова вызвал гибель домашних кур на частных подворьях.

Филогенетический анализ выделенных во время вышеперечисленных вспышек штаммов, включая выделенный в Камчатском крае вирус гриппа A(H5N5), определил их к генетической кладе 2.3.4.4

(рисунок). Однако, штаммы вируса гриппа H5N8, выделенные в 2016–2017 гг., находятся в генетической группе В, тогда как штамм A/wigeon/Sakha/1/2014 и референтный штамм A/Sichuan/26221/2014-RG42A формируют группу А, представители которой циркулировали до 2016 г.

Прогноз развития ситуации в России. Учитывая вышесказанное, становится очевидно, что текущая ситуация по распространению высокопатогенных вариантов вируса гриппа остается неблагоприятной.



Филогенетическое дерево гена HA штаммов вируса гриппа A(H5Nx). Штаммы вируса гриппа A(H5N8), выделенные в России в 2016–2017 гг., отмечены ромбами. Штамм вируса гриппа A(H5N5), выделенный в Камчатском крае, выделен квадратом. Штамм вируса гриппа A(H5N8), выделенный в России в 2014 г., выделен черным кругом. Референтные штаммы, использованные для определения генетических групп/подгрупп, отмечены белыми кругами. Филогенетическое дерево построено с помощью программного обеспечения MEGA версии 6.0 (www.megasoftware.net/) с использованием метода maximum likelihood (1,000 повторов)

гоприятной. Продолжающиеся вспышки высокопатогенного вируса гриппа в России и различных регионах мира представляют угрозу сельскому хозяйству и общественному здравоохранению, ввиду возможного распространения вариантов вируса в будущем. При прогнозировании ситуации по гриппу, необходимо учитывать пути распространения диких птиц как основных хозяев вируса гриппа [5, 20], усиливать противоэпизоотические и противоэпидемические мероприятия во время сезонных миграций в регионах, которые лежат на основных пролетных путях диких птиц [19].

В 2018 г. возможен занос вируса гриппа птиц А(Н5N1) на территорию Российской Федерации из эндемичных очагов, располагающихся в странах западной Африки, Египта и Юго-Восточной Азии, где за последние два года наблюдалась циркуляция вирусов гриппа (клады 2.3.2.1a и 2.3.2.1c). В связи с этим по Восточно-Африканскому или Черноморскому пролетному пути данные вирусы с дикими птицами могут проникнуть в европейскую часть России. По Восточно- или Центрально-Азиатскому пролетным путям вирусы гриппа А(Н5N1) могут проникнуть на территорию Сибири и Дальнего Востока.

Широко распространившиеся варианты вируса гриппа кланды 2.3.4.4, такие как А(Н5N8), А(Н5N6), А(Н5N5) также представляют серьезную угрозу для России. Данные вирусы могут быть повторно занесены из стран Африки, Европы и Ближнего Востока на территорию европейской части России, как это случилось в осенне-зимний период 2016–2017 гг., а также на территорию Дальнего Востока из стран Юго-Восточной Азии, как это показало выделение вируса гриппа А(Н5N5) в Камчатском крае в 2016 г. Особое внимание необходимо уделять наблюдениям в Республике Тыва (оз. Убсу-Нур), где уже более десяти лет регулярно регистрируются случаи гибели диких птиц, вызванные высокопатогенными вирусами гриппа.

Таким образом, необходимо усиливать мониторинговые исследования в вышеуказанных регионах для раннего обнаружения циркулирующих вариантов вируса гриппа птиц. В случае выявления вируса гриппа или вспышек среди дикой или домашней птицы, вызванных его высокопатогенными вариантами, необходимо укреплять межведомственные взаимодействия, а также принимать незамедлительные ответные противоэпизоотические и противоэпидемические меры, которые позволят не допустить повторение сценария 2016–2017 гг. и предотвратить распространение высокопатогенного гриппа птиц в России.

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

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Марченко В.Ю., Суслопаров И.М., Колосова Н.П., Гончарова Н.И., Шиповалов А.В., Дурманов А.Г., Ильичева Т.Н., Будацыренова Л.В., Иванова В.К., Игнатьев Г.А., Ершова

С.Н., Тюляхова В.С., Михеев В.Н., Рыжиков А.Б. Выделение высокопатогенного вируса гриппа А субтипа Н5N8 на территории республики Саха (Якутия). *Дальневост. журн. инфекцион. патол.* 2015, 28:38–43.

2. Марченко В.Ю., Суслопаров И.М., Сапронова Н.Ю., Гончарова Н.И., Колосова Н.П., Евсеенко В.А., Святченко С.В., Пьянкова О.Г., Зияждинов В.Б., Лиманская О.С., Джамбинов С.Д., Шендо Г.Л., Михеев В.Н., Максюттов Р.А., Рыжиков А.Б. Анализ штаммов гриппа, вызвавших вспышки в России в 2016–2017 гг. *Пробл. особо опасных инф.* 2017; 3:68–74. DOI: 10.21055/0370-1069-2017-3-68-74.

3. Марченко В.Ю., Суслопаров И.М., Шиповалов А.В., Михеев В.Н., Рыжиков А.Б. Циркуляция высокопатогенного вируса гриппа птиц в России в 2014–2015 гг. *Пробл. особо опасных инф.* 2016; 1:48–54. DOI: 10.21055/0370-1069-2016-1-48-54.

4. Adlhoc C., Gossner C., Koch G., Brown I., Bouwstra R., Verdonck F., Penttinen P., Harder T. Comparing introduction to Europe of highly pathogenic avian influenza viruses A(H5N8) in 2014 and A(H5N1) in 2005. *Euro Surveill.* 2014; 19(50):pii=20996.

5. Alexander D.J. A review of avian influenza in different bird species. *Vet. Microbiol.* 2000; 74(1–2):3–13.

6. Animal and Plant Health Agency (APHA), UK. Situation assessment following detection and spread of H5N8 HPAI in EU Member States since October 2016. 2017 [cited 19 Jul 2017]. Available from: <https://science.vla.gov.uk/flu-lab-net/docs/outbreak-hpai-h5n8-eu-rope.pdf>.

7. FAO. H5N8 highly pathogenic avian influenza (HPAI) of clade 2.3.4.4 detected through surveillance of wild migratory birds in the Tyva Republic, the Russian Federation – potential for international spread. Rome; 2016. Available from: <http://www.fao.org/3/a-i6113e.pdf>.

8. FAO. Highly pathogenic avian influenza (H5N1 HPAI) spread in the Middle East: risk assessment. Rome; 2016. Available from: <http://www.fao.org/3/a-i6115e.pdf>.

9. Lee D.H., Torchetti M.K., Killian M.L., DeLiberto T.J., Swayne D.E. Reoccurrence of avian influenza A(H5N2) virus clade 2.3.4.4 in wild birds, Alaska, USA, 2016. *Emerg. Infect. Dis.* 2017; 23(2):365–7. DOI: 10.3201/eid2302.161616.

10. Lvov D.K., Shchelkanov M.Y., Prilipov A.G., Vlasov N.A., Fedyakina I.T., Deryabin P.G., Alkhovskiy S.V., Grebennikova T.V., Zaberezhny A.D., Suarez D.L. Evolution of highly pathogenic avian influenza H5N1 virus in natural ecosystems of northern Eurasia (2005–08). *Avian Dis.* 2010; 54(1 Suppl):483–95.

11. Marchenko V.Y., Susloparov I.M., Kolosova N.P., Goncharova N.I., Shipovalov A.V., Durymanov A.G., Ilyicheva T.N., Budatsirenova L.V., Ivanova V.K., Ignatyev G.A., Ershova S.N., Tulyahova V.S., Mikheev V.N., Ryzhikov A.B. Influenza A(H5N8) virus isolation in Russia, 2014. *Arch. Virol.* 2015; 160(11):2857–60. DOI: 10.1007/s00705-015-2570-4.

12. Marchenko V.Y., Susloparov I.M., Komissarov A.B., Fadeev A., Goncharova N.I., Shipovalov A.V., Svyatchenko S.V., Durymanov A.G., Ilyicheva T.N., Salchak L.K., Svintitskaya E.P., Mikheev V.N., Ryzhikov A.B. Reintroduction of highly pathogenic avian influenza A(H5N8) virus of clade 2.3.4.4. in Russia. *Arch. Virol.* 2017; 162:1381–5. DOI: 10.1007/s00705-017-3246-z.

13. Sharshov K., Romanovskaya A., Uzhachenko R., Durymanov A., Zaykovskaya A., Kurskaya O., Ilinykh P., Silko N., Kulak M., Alekseev A., Zolotykh S., Shestopalov A., Drozdov I. Genetic and biological characterization of avian influenza H5N1 viruses isolated from wild birds and poultry in Western Siberia. *Arch. Virol.* 2010; 155(7):1145–50. DOI: 10.1007/s00705-010-0676-2.

14. Sims L.D., Brown I.H. Multi-continental panzootic of H5 highly pathogenic avian influenza (1996–2015). In: Swayne D.E., editor. *Animal Influenza*. Wiley-Blackwell; 2016. P. 202–47.

15. Sims L., Harder T., Brown I., Nicolas G., Belot G., von Dobschuetz S., Kamata A., Kivaria F., Palamara E., Bruni M., Dauphin G., Raizman E., Lubroth J. Highly pathogenic H5 avian influenza in 2016 and 2017 – observations and future perspectives. *FOCUS ON*. Rome; 2017. No. 11, Nov 2017. Available from: <http://www.fao.org/3/a-i8068e.pdf>.

16. Smith G.J., Donis R.O. World Health Organization/World Organisation for Animal Health/Food and Agriculture Organization of the United Nations (WHO/OIE/FAO) H5 Evolution Working Group. Nomenclature updates resulting from the evolution of avian influenza A(H5) virus clades 2.1.3.2a, 2.2.1, and 2.3.4 during 2013–2014. *Influenza Other Respir. Viruses.* 2015; 9(5):271–6. DOI: 10.1111/irv.12324.

17. Tong S., Li Y., Rivallier 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.* 2012; 109:4269–74.

18. 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:e1003657.

19. 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. 60 p. Available from: http://gull-research.org/barabensis/imagesross1/atlas_SE_siberinan_waterbirds_2.pdf.

20. Webster R.G., Bean W.J., Gorman O.T., Chambers T.M., Kawaoka Y. Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiol. Rev.* 1992; 56:152–79.

21. World Health Organization (WHO). Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza viruses and candidate vaccine viruses developed for potential use in human vaccines. (Cited 21.09.2017). Available from: http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/characteristics_virus_vaccines/en/.

22. World Health Organization (WHO). Cumulative number of confirmed human cases of avian influenza A(H5N1) reported to WHO. (Cited 07.12.2017). Available from: http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/H5N1_cumulative_table_archives/en/.

23. World Health Organization (WHO). WHO risk assessments of human infection with avian influenza A(H7N9) virus. (Cited 07.12.2017). Available from: http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/HAI_Risk_Assessment/en/.

24. World organization for animal health (OIE). Update on highly pathogenic avian influenza in animals (type h5 and h7). Paris: OIE; 2018 (cited 11.01.2018). Available from: <http://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/update-on-avian-influenza/2018/>.

References

1. Marchenko V.Yu., Susloparov I.M., Kolosova N.P., Goncharova N.I., Shipovalov A.V., Durymanov A.G., Ilyicheva T.N., Budatsyrenova L.V., Ivanova V.K., Ignat'ev G.A., Ershova S.N., Tyulyakhova V.S., Mikheev V.N., Ryzhikov A.B. [Isolation of highly pathogenic influenza A virus, H5N8 subtype, in the territory of the Republic of Sakha (Yakutia)]. *Dal'nevost. Zh. Infek. Patol.* 2015; 28: 38–43.

2. Marchenko V.Yu., Susloparov I.M., Saponova N.Yu., Goncharova N.I., Kolosova N.P., Evseenko V.A., Svyatchenko S.V., P'yankova O.G., Ziatdinov V.B., Limanskaya O.S., Dzhambinov S.D., Shendo G.L., Mikheev V.N., Maksyutov R.A., Ryzhikov A.B. [Characterization of avian influenza H5N8 virus strains that caused the outbreaks in the Russian Federation in 2016–2017]. *Probl. Osobo Opasnykh Infek.* 2017; 3:68–74. DOI: 10.21055/0370-1069-2017-3-68-74.

3. Marchenko V.Yu., Susloparov I.M., Shipovalov A.V., Mikheev V.N., Ryzhikov A.B. [Circulation of highly pathogenic avian influenza virus in the Russian Federation in 2014–2015]. *Probl. Osobo Opasnykh Infek.* 2016; 1:48–54. DOI: 10.21055/0370-1069-2016-1-48-54.

4. Adlhoec C., Gossner C., Koch G., Brown I., Bouwstra R., Verdonck F., Penttinen P., Harder T. Comparing introduction to Europe of highly pathogenic avian influenza viruses A(H5N8) in 2014 and A(H5N1) in 2005. *Euro Surveill.* 2014; 19(50):pii=20996.

5. Alexander D.J. A review of avian influenza in different bird species. *Vet. Microbiol.* 2000; 74(1–2):3–13.

6. Animal and Plant Health Agency (APHA), UK. Situation assessment following detection and spread of H5N8 HPAI in EU Member States since October 2016. 2017 [cited 19 Jul 2017]. Available from: <https://science.vla.gov.uk/flu-lab-net/docs/outbreak-hpai-h5n8-eu-rope.pdf>.

7. FAO. H5N8 highly pathogenic avian influenza (HPAI) of clade 2.3.4.4 detected through surveillance of wild migratory birds in the Tyva Republic, the Russian Federation – potential for international spread. Rome; 2016. Available from: <http://www.fao.org/3/a-i6113e.pdf>.

8. FAO. Highly pathogenic avian influenza (H5N1 HPAI) spread in the Middle East: risk assessment. Rome; 2016. Available from: <http://www.fao.org/3/a-i6155e.pdf>.

9. Lee D.H., Torchetti M.K., Killian M.L., DeLiberto T.J., Swayne D.E. Reoccurrence of avian influenza A(H5N2) virus clade 2.3.4.4 in wild birds, Alaska, USA, 2016. *Emerg. Infect. Dis.* 2017; 23(2):365–7. DOI: 10.3201/eid2302.161616.

10. Lvov D.K., Shchelkanov M.Y., Prilipov A.G., Vlasov N.A., Fedyakina I.T., Deryabin P.G., Alkhovsky S.V., Grebennikova T.V., Zaberezhny A.D., Suarez D.L. Evolution of highly pathogenic avian influenza H5N1 virus in natural ecosystems of northern Eurasia (2005–08). *Avian Dis.* 2010; 54(1 Suppl):483–95.

11. Marchenko V.Y., Susloparov I.M., Kolosova N.P., Goncharova N.I., Shipovalov A.V., Durymanov A.G., Ilyicheva T.N., Budatsyrenova L.V., Ivanova V.K., Ignatyev G.A., Ershova S.N., Tulyahova V.S., Mikheev V.N., Ryzhikov A.B. Influenza A(H5N8) virus isolation in Russia, 2014. *Arch. Virol.* 2015; 160(11):2857–60. DOI: 10.1007/s00705-015-2570-4.

12. Marchenko V.Y., Susloparov I.M., Komissarov A.B., Fadeev A., Goncharova N.I., Shipovalov A.V., Svyatchenko S.V., Durymanov A.G., Ilyicheva T.N., Salchak L.K., Svintitskaya E.P., Mikheev V.N., Ryzhikov A.B. Reintroduction of highly pathogenic avian influenza A/H5N8 virus of clade 2.3.4.4 in Russia. *Arch. Virol.* 2017; 162:1381–5. DOI: 10.1007/s00705-017-3246-z.

13. Sharshov K., Romanovskaya A., Uzhachenko R., Durymanov A., Zaykovskaya A., Kurskaya O., Ilyikh P., Silko N., Kulak M., Alekseev A., Zolotykh S., Shestopalov A., Drozdov I. Genetic and biological characterization of avian influenza H5N1 viruses isolated from wild birds and poultry in Western Siberia. *Arch. Virol.* 2010; 155(7):1145–50. DOI: 10.1007/s00705-010-0676-2.

14. Sims L.D., Brown I.H. Multi-continental panzootic of H5 highly pathogenic avian influenza (1996–2015). In: Swayne D.E., editor. *Animal Influenza*. Wiley-Blackwell; 2016. P. 202–47.

15. Sims L., Harder T., Brown I., Nicolas G., Belot G., von Dobschuetz S., Kamata A., Kivaria F., Palamara E., Bruni M., Dauphin G., Raizman E., Lubroth J. Highly pathogenic H5 avian influenza in 2016 and 2017 – observations and future perspectives. FOCUS ON. Rome; 2017. No. 11, Nov 2017. Available from: <http://www.fao.org/3/a-i8068e.pdf>.

16. Smith G.J., Donis R.O. World Health Organization/World Organisation for Animal Health/Food and Agriculture Organization of the United Nations (WHO/OIE/FAO) H5 Evolution Working Group. Nomenclature updates resulting from the evolution of avian influenza A(H5) virus clades 2.1.3.2a, 2.2.1, and 2.3.4 during 2013–2014. *Influenza Other Respir. Viruses.* 2015; 9(5):271–6. DOI: 10.1111/irv.12324.

17. Tong S., Li Y., Rivailler 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.* 2012; 109:4269–74.

18. 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:e1003657.

19. 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. 60 p. Available from: http://gull-research.org/barabensis/imagesross1/atlas_SE_siberinan_waterbirds_2.pdf.

20. Webster R.G., Bean W.J., Gorman O.T., Chambers T.M., Kawaoka Y. Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiol. Rev.* 1992; 56:152–79.

21. World Health Organization (WHO). Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza viruses and candidate vaccine viruses developed for potential use in human vaccines. (Cited 21.09.2017). Available from: http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/characteristics_virus_vaccines/en/.

22. World Health Organization (WHO). Cumulative number of confirmed human cases of avian influenza A(H5N1) reported to WHO. (Cited 07.12.2017). Available from: http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/H5N1_cumulative_table_archives/en/.

23. World Health Organization (WHO). WHO risk assessments of human infection with avian influenza A(H7N9) virus. (Cited 07.12.2017). Available from: http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/HAI_Risk_Assessment/en/.

24. World organization for animal health (OIE). Update on highly pathogenic avian influenza in animals (type h5 and h7). Paris: OIE; 2018 (cited 11.01.2018). Available from: <http://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/update-on-avian-influenza/2018/>.

Authors:

Marchenko V.Yu., Susloparov I.M., Ignat'ev V.E., 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., Сулопаров И.М., Игнат'ев В.Э., Гаврилова Е.В., Максютлов 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 14.02.18.

Принята к публ. 28.02.18.