

**В.Ю.Марченко, И.М.Суслопаров, А.В.Шиповалов, В.Н.Михеев, А.Б.Рыжиков**

## **ЦИРКУЛЯЦИЯ ВЫСОКОПАТОГЕННОГО ВИРУСА ГРИППА ПТИЦ В РОССИИ В 2014–2015 гг.**

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

Приведены данные по циркуляции высокопатогенного вируса гриппа А/Н5 за последние два года. Рассмотрено современное состояние по гриппу Н5 на территории Российской Федерации, где в 2014–2015 гг., впервые с 2010 г., было зафиксировано выделение высокопатогенного вируса гриппа субтипов Н5N1 и Н5N8. Показано, что территория России играет важную роль в трансконтинентальном переносе вирусов гриппа дикими птицами из Юго-Восточной Азии в Европу и Северную Америку, а также сделано предположение о возможном продолжении циркуляции высокопатогенных вирусов на территории России.

*Ключевые слова:* вирус гриппа птиц, Н5N1, Н5N8, Россия.

*Корреспондирующий автор:* Марченко Василий Юрьевич, e-mail: marchenko\_vyu@vector.nsc.ru

**V.Yu.Marchenko, I.M.Susloparov, A.V.Shipovalov, V.N.Mikheev, A.B.Ryzhikov**

## **Circulation of Highly Pathogenic Avian Flu Virus in the Russian Federation in 2014–2015**

*State Scientific Center of Virology and Biotechnology “Vector”, Kol'tsovo, Russian Federation*

Given are the data on the circulation of highly pathogenic flu virus, A/H5, within the last two years. Discussed is the current state of the situation on H5 flu in the territory of the Russian Federation, where during 2014–2015, for the first time since 2010, registered has been the isolation of highly pathogenic flu virus, H5N1 and H5N8 subtypes. It is demonstrated that the territory of Russia plays a significant role in trans-continent transfer of flu viruses by wild birds from South-Eastern Asia into Europe and North America. Moreover, an assumption is made that a continued circulation of highly pathogenic viruses in the territory of the country is quiet possible.

*Key words:* avian flu virus, H5N1, H5N8, Russia.

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

*Funding:* The study was financially supported by Russian Foundation for Basic Research, under scientific project No 16-34-60073 mol\_a\_dk.

*Corresponding author:* Vasily Yu. Marchenko, e-mail: marchenko\_vyu@vector.nsc.ru

*Citation:* Marchenko V.Yu., Susloparov I.M., Shipovalov A.V., Mikheev V.N., Ryzhikov A.B. Circulation of Highly Pathogenic Avian Flu Virus in the Russian Federation in 2014–2015. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2016; 1:48–54. (In Russ.). DOI: 10.21055/0370-1069-2016-1-48-54

Вирусы гриппа А (ВГА) способны инфицировать различные виды млекопитающих и птиц, но основным хозяином и природным резервуаром ВГА являются дикие, преимущественно водоплавающие птицы [4, 24]. Вирусы гриппа подразделяются на субтипы на основании антигенных различий в поверхностных гликопротеинах. На сегодняшний день известно 18 субтипов гемагглютинина и 11 субтипов нейраминидазы ВГА [18, 19]. Тем не менее среди широкого разнообразия вариантов данного инфекционного агента лишь определенные субтипы ВГА показали способность преодолевать межвидовой барьер и вызывать заболевание человека, и лидирующую позицию в этом вопросе занимает вирус гриппа Н5N1-субтипа, ввиду его высокой вирулентности и высокого процента летального исхода вызванного им заболевания.

С момента первого случая регистрации высокопатогенного вируса гриппа Н5N1 в Гонконге в 1996 г. данный инфекционный агент широко распространился по всему миру. Регулярно поступают сообщения о новых вспышках среди сельскохозяйственных животных, в основном в странах Африки и Юго-Восточной Азии [29], для которых вирус Н5N1 является эндемичным, а также регистрируются случаи за-

ражения и гибели людей. Так, по данным Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ), на 14 декабря 2015 г. зарегистрировано 844 случая заражения людей вирусом Н5N1, из которых 449 имели летальный исход, что составляет более 50 % [28].

Благодаря своим генетическим особенностям, вирус гриппа постоянно изменяется, приобретая уникальные мутации, которые способствуют распространению вируса гриппа, образованию генетических линий, клад и субклад Н5N1, а также формированию различных вариантов вируса гриппа Н5-субтипа гемагглютинина [25]. За последние два года в мире циркулировало несколько различных линий вируса Н5 (таблица), сменяя друг друга с течением времени или социркулируя в различных регионах мира. Так, по данным ВОЗ [27], генетическая клада 1.1.2 регистрировалась в Камбодже и Вьетнаме до сентября 2014 г., затем циркуляции вируса Н5N1 данной клады не выявлено. Клада 2.2.1 была зарегистрирована в первой половине 2014 г. на территории Ливии и Египта, вызвав вспышки среди сельскохозяйственной птицы, а также случаи заражения и гибели людей.

Затем вирус данной клады распространился в Израиль и Палестину, явившись причиной вспышки

среди сельскохозяйственной птицы. В 2015 г. вирус продолжил свою циркуляцию в вышеупомянутых странах, однако уже в качестве представителя субклады 2.2.1.2. В других регионах циркуляция вирусов данной кланды, которая считается эндемичной для Египта, или ее субклад не выявлены. Следует особо отметить циркуляцию в 2014–2015 гг. различных генетических вариантов вируса H5N1 кланды 2.3.2.1.

Впервые вирусы кланды 2.3.2.1 были выделены от белокрылой цапли в Гонконге [26]. Затем вирусы данной кланды широко распространились в Азии, и в 2011–2012 гг. была отмечена циркуляция новых генетических вариантов данной кланды – субклад 2.3.2.1a и 2.3.2.1b. В 2014–2015 гг. представители кланды 2.3.2.1a были выделены в Бангладеш, Бутане, Индии и Индонезии, выделения же кланды 2.3.2.1b не отме-

чено. Однако ранее социркуляция этих вариантов вируса H5N1 привела к их реассортации, появлению и распространению во Вьетнаме в 2012 г. кланды 2.3.2.1c, которая затем стала преобладающей [10]. Также выделение вируса H5N1 кланды 2.3.2.1c регистрировалось в 2010 г. в Европе, среди сельскохозяйственной и дикой птицы в Болгарии и Румынии, но данные случаи были спорадическими и развития не получили [16]. Глобальное распространение в 2014–2015 гг. получили вирусы гриппа кланды 2.3.2.1c, которые являются реассортантами между субтипами H5N1 и H9N2 по сегменту PB2 [15]. Выделение вирусов данной кланды было зарегистрировано во время вспышек среди сельскохозяйственной птицы в Нигерии и Западно-Африканских странах [14], а также в Центральной, Юго-Восточной Азии и Европе [29]. Помимо вспышек среди сельскохозяйственной и дикой птицы, была также отмечена межвидовая передача вируса H5N1 кланды 2.3.2.1c, которая характеризовалась заражением человека в Канаде (A/Alberta/01/2014) [15], а также других видов млекопитающих (A/tiger/Jiangsu/01/2013) [6]. Выделение вируса гриппа кланды 2.3.2.1c было отмечено и в России.

Надо сказать, что на территории России первая эпизоотия высокопатогенного вируса гриппа H5N1 была зафиксирована в 2005 г. [12], затем в период 2005–2007 гг. были зарегистрированы вспышки на территории Западной Сибири и в Центрально-Европейской части России. Эти вспышки были вызваны генетическим вариантом вируса H5N1 кланды 2.2. [12, 17]. В 2008 г. на территории Приморского края была зафиксирована эпизоотия высокопатогенного вируса гриппа H5N1 современной циркулирующей генетической группы – кланды 2.3.2. В дальнейшем вирусы данной кланды выделялись в 2009 и 2010 гг. на территории оз. Убсу-Нур в республике Тыва [17]. Информация о циркуляции в России вируса H5N1 в 2010–2013 гг. отсутствует. Однако осенью 2014 г. на территории Алтайского края среди сельскохозяйственных птиц была зафиксирована вспышка, вызванная штаммом вируса гриппа H5N1.

Весной 2015 г. данный субтип вируса также зафиксирован у диких птиц в Астраханской области, где была отмечена гибель диких пеликанов. От диких птиц вирус H5N1 был выделен в Забайкальском крае и республике Тыва [29]. В мае 2015 г. в ходе мониторинга вируса гриппа H5N1 несколько изолятов было выделено от диких птиц на территории Новосибирской области. Исследования показали, что данные штаммы относятся к продолжающей циркулировать кланде 2.3.2.1c (рис. 1). Филогенетический анализ данных штаммов показал их высокую степень идентичности со штаммами, выделенными в странах Африки и Европы, что позволило отнести их к Африканско-Европейской линии.

В 2014 г., наряду с циркуляцией вируса гриппа H5N1, широкое распространение вируса гриппа H5N8-субтипа в Европе и Азии поставило мировое сообщество перед вопросом о возникновении нового субтипа

Данные ВОЗ по циркуляции вируса гриппа H5 за 2014–2015 гг.

Страна	Хозяин	Генетическая линия вируса H5
Англия	С/х птица	2.3.4.4 (H5N8)
Бангладеш	С/х птица	2.3.2.1a
Болгария	Дикая птица	2.3.2.1c
Буркина-Фасо	С/х птица	2.3.2.1c
Бутан	С/х птица	2.3.2.1a
Вьетнам	С/х птица	1.1.2, 2.3.2.1c, 2.3.4.4 (H5N1/N6)
Гана	С/х птица	2.3.2.1c
Германия	С/х птица, дикая птица	2.3.4.4 (H5N8)
Гонконг	Дикая птица	2.3.4.4 (H5N6)
Египет	С/х птица, человек	2.2.1, 2.3.2.1c, 2.3.4.4 (H5N1/2/3/6/8/9)
Израиль	С/х птица	2.2.1, 2.2.1.2
Индия	С/х птица, дикая птица	2.3.2.1a, 2.3.2.1c
Индонезия	С/х птица, человек	2.1.3.2a, 2.3.2.1c
Иран	С/х птица	неизвестна
Италия	С/х птица	2.3.4.4 (H5N8)
Казахстан	Дикая птица	2.3.2.1c
Камбоджа	С/х птица, человек	1.1.2, 2.3.2.1, 2.3.2.1c
Канада	С/х птица, дикая птица	2.3.4.4 (H5N1/2/8)
КНДР	С/х птица	неизвестна
Китай	С/х птица, человек	2.3.2.1, 2.3.2.1c, 2.3.4.4 (H5N1/2/3/6/8/9)
Кот-д'Ивуар	С/х птица	2.3.2.1c
Лаос	С/х птица	2.3.2.1c, 2.3.4.4 (H5N8)
Ливия	С/х птица	2.2.1
Мьянма	С/х птица	2.3.4.2
Нигер	С/х птица	2.3.2.1c
Нигерия	С/х птица	2.3.2.1c
Нидерланды	С/х птица, дикая птица	2.3.4.4 (H5N8)
Палестина	С/х птица	2.2.1, 2.2.1.2
Россия	С/х птица, дикая птица	2.3.2.1c, 2.3.4.4 (H5N8)
Румыния	Дикая птица	2.3.2.1c
США	С/х птица, дикая птица	2.3.4.4 (H5N1/2/8)
Турция	С/х птица	2.3.2.1c
Южная Корея	С/х птица, дикая птица	2.3.4.4 (H5N8)
Япония	С/х птица, дикая птица	2.3.4.4 (H5N8)

вируса гриппа с пандемическим потенциалом.

Выделение высокопатогенного вируса гриппа А(Н5N8) регистрируется с 2010 г., когда в Китае впервые была зафиксирована изоляция вируса гриппа этого субтипа от домашней утки [30]. Широкое распространение данный субтип ВГА получил в 2014 г., когда стали поступать сообщения о гибели домашней

птицы на территории Юго-Восточной Азии, Европы и США. С начала 2014 г. в азиатской части были зафиксированы вспышки среди домашних и диких птиц на территории Южной Кореи, Китая и Японии [5, 8, 9, 11]. Был выделен и описан ряд штаммов Н5N8, которые представляли собой новый реассортант трех субтипов: H4N2 (A/duck/Hunan/8-19/2009),

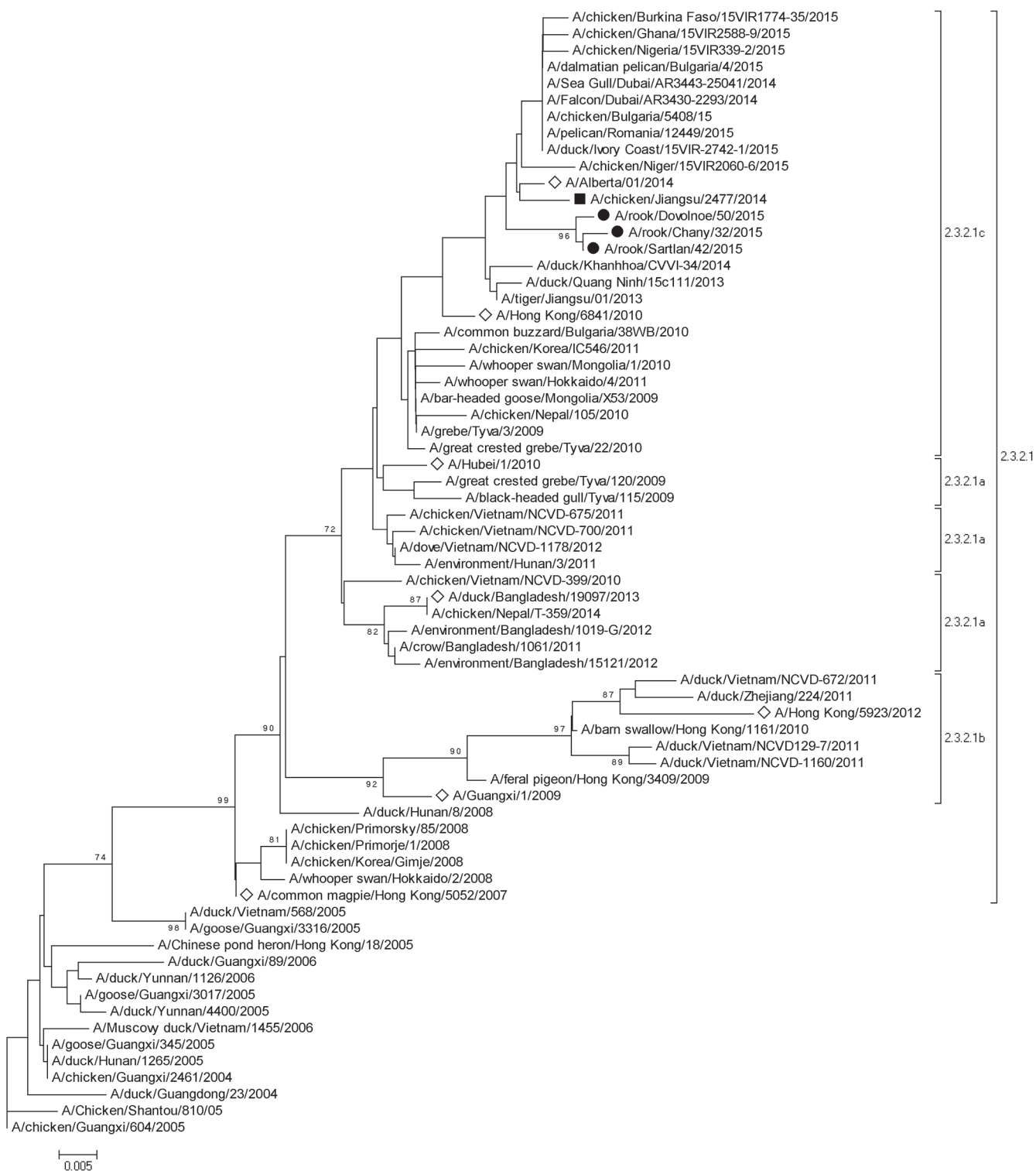


Рис. 1. Филогенетическое дерево гена HA штаммов вируса гриппа А(Н5N1). Штаммы, выделенные на территории Новосибирской области отмечены кругами. Референс-штаммы, использованные для определения генетических групп/подгрупп отмечены ромбами. Штамм реассортант (H5N1-H9N2 2014) отмечен квадратом. Филогенетическое дерево построено с помощью программного обеспечения MEGA версии 5.0 ([www.megasoftware.net/](http://www.megasoftware.net/)) с использованием метода neighbor-joining (1,000 повторов) с Kimura 2-parameter model

H5N8 (A/duck/Jiangsu/k1203/2010) и H11N9 (A/environment/Jiangxi/28/2009) [30]. В Европе с ноября 2014 г. высокопатогенный вирус гриппа H5N8 порастил фермы домашней птицы на территории Германии, Венгрии, Италии, в Нидерландах и Англии [29]. Предположительно, после первой вспышки в январе 2014 г. в Южной Корее вирус распространился в Европу перелетными птицами. Это подтверждается выделением штамма данного субтипа вируса от нескольких видов диких птиц [3, 22]. На этот факт также указывает выделение вируса гриппа H5N8-субтипа на территории Канады и США [7, 29].

На территории Российской Федерации вирус H5N8 был выделен от дикой утки в октябре 2014 г. в ходе мониторинга гриппа птиц на территории республики Саха (Якутия) в районе поселка Белая Гора [1, 13]. Исследования штамма A/wigeon/Sakha/1/2014 (H5N8) показали его высокую инфекционность и патогенность для некоторых видов лабораторных животных. Филогенетический анализ гена НА выделенного штамма и штаммов других субтипов H5 указывает на его принадлежность к генетической кладе 2.3.4.4 (линия Фуджиан-подобных вирусов клады 2.3.4), рис. 2. Таким образом, на территории России в 2014–2015 гг. циркулировали две генетические линии высокопатогенного вируса гриппа. Осенью 2014 г. на территории республики Саха (Якутия) был выделен высокопатогенный вирус гриппа H5N8 генетической клады 2.3.4.4, а весной 2015 г. был зарегистрирован ряд вспышек среди диких и сельскохозяйственных птиц, вызванных высокопатогенным вирусом гриппа

H5N1 клады 2.3.2.1.c.

Проблема распространения высокопатогенного вируса гриппа H5N1 не теряет своей актуальности. С момента своего появления H5N1 распространился по многим странам и континентам, вызывая вспышки среди сельскохозяйственных животных, а также случаи заболевания и гибели людей. В связи с этим особое внимание необходимо уделять вопросам экологии и эволюции этого вируса. С этой целью на территории России была сформирована комплексная система мониторинга ВГА. В данной программе участвуют ГНЦ ВБ «Вектор» и 37 региональных учреждений Роспотребнадзора. Региональные учреждения Роспотребнадзора организуют взаимодействие с местными лечебными учреждениями и ветеринарной службой, которые собирают биологический материал от птиц и животных и направляют его для дифференциальной диагностики в региональный Центр гигиены и эпидемиологии. Все пробы, в которых обнаруживается РНК вируса гриппа А, направляются в ГНЦ ВБ «Вектор» для изоляции вируса гриппа и углубленного изучения. Только за 2014–2015 гг. было собрано и исследовано около 13000 образцов биологического материала от диких и домашних птиц, свиней и морских млекопитающих. Данная система мониторинга позволила своевременно выявить циркуляцию на территории России высокопатогенного вируса гриппа H5N1 и H5N8-субтипов, продолжающих циркулировать в северном полушарии [29].

Выделение высокопатогенного вируса гриппа в отдельных регионах России указывает на несомнен-

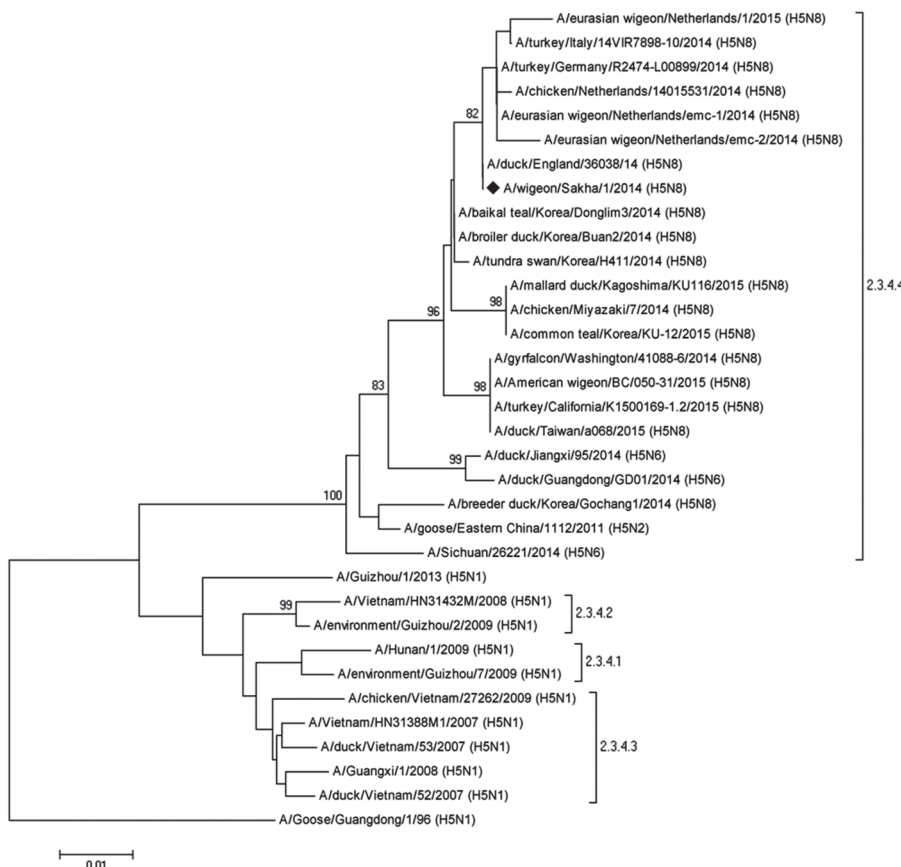


Рис. 2. Филогенетическое дерево гена гемагглютинина НА штамма A/wigeon/Sakha/1/2014 (H5N8). Филогенетическое дерево построено с помощью программного обеспечения MEGA версии 5.0 ([www.megasoftware.net/](http://www.megasoftware.net/)) с использованием метода neighbor-joining (1,000 повторов) с Kimura 2-parameter model

ную важность этих территорий в экологии вируса гриппа. Так, например, территория Республики Саха, где в 2014 г. был выделен вирус гриппа H5N8, располагается на пересечении нескольких пролетных путей диких птиц. На территории республики обитает более 300 видов диких птиц, из которых около 220 являются мигрирующими [23]. Это указывает на широкие территориальные связи различных видов птиц, в частности водоплавающих, которые являются основным резервуаром вируса гриппа птиц [24]. Выделение штамма A/wigeon/Sakha/1/2014 (H5N8) в России, очевидно, указывает на его распространение мигрирующими дикими птицами из Юго-Восточной Азии. Он, предположительно, был занесен в 2014–2015 гг. в Европу и Северную Америку [21, 22].

На территории Новосибирской области, где весной 2015 г. нами был выделен ряд штаммов вируса гриппа H5N1, также расположено огромное количество рек и озер, находящихся на путях миграции многих видов птиц и являющихся гнездовыми ареалами большого числа видов, экологически связанных с водоемами. Территориальные связи западно-сибирских птиц, формирующиеся в процессе сезонных миграций, весьма обширны. На юге Западной Сибири сходятся миграционные потоки птиц, зимующих в различных регионах мира – Европе, Африке, на Ближнем Востоке и в Средней Азии, Индостане и Юго-Восточной Азии. Таким образом, юг Западной Сибири представляет собой территорию, на которой гнездятся и останавливаются во время перелетов миллионы птиц [2]. Территорию юга Западной Сибири пересекают три перелетных пути, основным из которых является Центрально-Азиатский.

Хронология и характер вспышек высокопатогенного вируса H5N1 и H5N8 в Юго-Восточной Азии, Европе, Северной Америке и появление его на территории России в очередной раз указывает на ключевую роль диких перелетных птиц в переносе вируса гриппа. Представленные данные филогенетического анализа новых изолятов вируса гриппа птиц H5 с учетом путей миграции позволяют сделать предположение, что в районах Северной Азии происходит обмен вирусами гриппа между птицами, мигрирующими по различным пролетным путям.

Можно предположить, что вирус гриппа H5N8 клады 2.3.4.4 был перенесен дикими птицами из Кореи вместе с птицами, мигрирующими по Восточно-Азиатскому пути, проник в северные районы Республики Саха, затем по Восточно-Атлантическому пути распространился среди домашней птицы в странах Западной Европы и Северной Америки, используя приполярный путь миграции через Российское побережье Северного Ледовитого океана. Эта гипотеза также подтверждается проведенными ранее исследованиями [1, 7, 13, 21, 22]. При анализе имеющейся информации можно предположить, что вирусы гриппа H5N1 клады 2.3.2.1с распространяются в обоих направлениях между Юго-Восточной Азией, Европой и Африкой с ди-

кими птицами, которые используют миграционные маршруты, пересекающиеся и проходящие через территорию Западной Сибири [20], что, в свою очередь, также согласуется с предложенной ранее гипотезой. Вирус гриппа H5N1 на птицах, мигрирующих по Восточно- или Центрально-Азиатскому пути из стран Южной Азии (Вьетнам, Бангладеш) попадает в районы Сибири, откуда проникает с миграцией птиц по Восточно-Африканскому или Черноморскому пути на Аравийский полуостров и в страны Восточной Европы (Болгария, Румыния) и, в конечном итоге, обнаруживается в странах Центральной и Западной Африки (Нигерия, Кот-д'Ивуар, Буркина-Фасо). Таким образом, в 2015 г. сформировался Европейско-Африканский кластер вируса гриппа H5N1 клады 2.3.2.1с.

Информация о видах диких птиц, от которых были выделены изучаемые вирусы гриппа, указывает на возможное дальнейшее распространение этого вируса по территории России, а также в соседние государства, так как все эти виды являются мигрирующими. Важно отметить, что большинство вирусов H5N1 выделены в России от клинически здоровых грачей, следовательно, в организме птиц вирус H5N1 может сохраняться, не вызывая заболевания, что также способствует географическому распространению вируса гриппа, а равно сохранению угрозы возникновения новых вспышек.

На сегодняшний день в России не зарегистрировано ни одного случая заражения человека вирусом гриппа H5N8 или H5N1, но продолжающаяся циркуляция данных субтипов ВГА в мире и регулярно поступающие сообщения о заражении людей подчеркивают важность комплексного мониторинга ВГА с целью своевременного выявления его современных циркулирующих вариантов и принятия соответствующих мер по контролю над распространением вируса гриппа птиц на территории Российской Федерации.

**Прогноз.** Несомненно, мониторинг высокопатогенного вируса гриппа необходимо проводить в местах, наиболее важных в аспекте распространения вируса гриппа. Так, на территории России можно выделить несколько ключевых регионов, которые играют особую роль в экологии вируса гриппа. Выделение ВГА на территории Дальнего Востока показало, что она связана миграционными маршрутами диких птиц не только со странами Юго-Восточной Азии, но и с североамериканским континентом, и в 2016 г. во время весенней миграции диких птиц возможен повторный занос ВГА на территорию России. Среди высокопатогенных штаммов наиболее вероятно появление на Дальнем Востоке вируса H5N1 клады 2.3.2.1, так как представители данной генетической группы продолжают широко циркулировать в ряде стран Юго-Восточной Азии, хотя не исключен занос других вариантов вируса гриппа H5-субтипа, выделение которых отмечено в последние месяцы [29]. Так, до сих пор сохраняется возможность повторного выделения ВГА H5N8, однако в последнее

время регистрация данного субтипа в мире носит спорадический характер и занос его на территорию России менее вероятен.

Особое внимание необходимо обратить на территорию республики Тыва, где также сохраняется возможность возникновения повторной вспышки вируса гриппа H5N1 в весенний период. В данном регионе с 2005 г. неоднократно регистрировалась гибель диких птиц [17], вызванная высокопатогенным ВГА, что говорит о том, что физико-географические характеристики, а также особенности орнитофауны данной территории создают благоприятные условия для распространения вируса гриппа, таким образом, сохраняя угрозу возникновения в 2016 г. повторной вспышки.

Природные особенности Новосибирской области также создают предпосылки для сохранения и распространения высокопатогенного ВГА, переносимого дикими птицами. На данную территорию возможен занос вируса как с восточной части России, так и с западной, что и было отмечено в 2015 г., поэтому в 2016 г. возможны повторные вспышки H5N1 как в Новосибирской области, так и в регионах, расположенных на основных миграционных маршрутах диких птиц, проходящих через данную территорию, среди которых можно выделить Краснодарский край и Астраханскую область, где в 2015 г. была отмечена гибель диких птиц.

Таким образом, в 2016 г., особенно в весенний период, наиболее вероятны повторные вспышки вируса гриппа H5N1 клады 2.3.2.1 на территории Дальнего Востока, Республики Тыва, Новосибирской, Астраханской областей и в Краснодарском крае. Тем не менее возникновение вспышек высокопатогенного ВГА возможно и осенью 2016 г., когда во время миграций на зимовку на вышеуказанных территориях будут образовываться массовые скопления диких птиц в местах их обитания и создаваться благоприятные условия для распространения ВГА. Однако ситуация по гриппу в осенний период будет, отчасти, складываться из ситуации весной 2016 г., а также многих других факторов, участвующих в экологии высокопатогенного вируса гриппа птиц.

**Финансирование.** Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ в рамках научно-го проекта № 16-34-60073 мол\_а\_дк.

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

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Марченко В.Ю., Сулопаров И.М., Колосова Н.П., Гончарова Н.И., Шиповалов А.В., Дурьманов А.Г., Ильичева Т.Н., Будацыренова Л.В., Иванова В.К., Игнатъев Г.А., Ершова С.Н., Тюляхова В.С., Михеев В.Н., Рыжиков А.Б. Выделение высокопатогенного вируса гриппа А субтипа H5N8 на территории республики Саха (Якутия). *Дальневосточный журн. инф. патол.* 2015; 28:38–43.
2. Юрлов К.Т. Экология и биоценоотические связи перелетных птиц Западной Сибири. Новосибирск: Наука, 1981. 364 с.
3. Adlhoch 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. DOI: 10.2807/1560-7917.ES2014.19.50.20996.

4. Alexander D.J. A review of avian influenza in different bird species. *Vet. Microbiol.* 2000; 74(1–2):3–13. DOI: 10.1016/S0378-1135(00)00160-7.
5. Fan S., Zhou L., Wu D., Gao X., Pei E., Wang T., Gao Y., Xia X. A novel highly pathogenic H5N8 avian influenza virus isolated from a wild duck in China. *Influenza Other Respir. Viruses.* 2014; 8(6):646–53. DOI: 10.1111/iuv.12289.
6. He S., Shi J., Qi X., Huang G., Chen H., Lu C. Lethal infection by a novel reassortant H5N1 avian influenza A virus in a zoo-housed tiger. *Microbes Infect.* 2015; (1):54–61. DOI: 10.1016/j.micinf.2014.10.004.
7. Ip H.S., Torchetti M.K., Crespo R., Kohrs P., DeBruyn P., Mansfield K.G., Baszler T., Badcoe L., Bodenstein B., Shearn-Bochsler V., Killian M.L., Pedersen J.C., Hines N., Gidlewski T., Deliberto T.J., Sleeman J.M. Novel eurasian highly pathogenic avian influenza A H5 viruses in wild birds, Washington, USA, 2014. *Emerg. Infect. Dis.* 2015; 21(5):886–90. DOI: 10.3201/eid2105.142020.
8. Jeong J., Kang H.M., Lee E.K., Song B.M., Kwon Y.K., Kim H.R., Choi K.S., Kim J.Y., Lee H.J., Moon O.K., Jeong W., Choi J., Baek J.H., Joo Y.S., Park Y.H., Lee H.S., Lee Y.J. Highly pathogenic avian influenza virus (H5N8) in domestic poultry and its relationship with migratory birds in South Korea during 2014. *Vet. Microbiol.* 2014; 173(3–4):249–57. DOI: 10.1016/j.vetmic.2014.08.002.
9. Ku K.B., Park E.H., Yum J., Kim J.A., Oh S.K., Seo S.H. Highly pathogenic avian influenza A(H5N8) virus from waterfowl, South Korea, 2014. *Emerg. Infect. Dis.* 2014; 20(9):1587–8. DOI: 10.3201/eid2009.140390.
10. Lee E.K., Kang H.M., Kim K.I., Choi J.G., To T.L., Nguyen T.D., Song B.M., Jeong J., Choi K.S., Kim J.Y., Lee H.S., Lee Y.J., Kim J.H. Genetic evolution of H5 highly pathogenic avian influenza virus in domestic poultry in Vietnam between 2011 and 2013. *Poult. Sci.* 2015; 94:650–61. DOI: 10.3382/ps/pev036.
11. Lee Y.J., Kang H.M., Lee E.K., Song B.M., Jeong J., Kwon Y.K., Kim H.R., Lee K.J., Hong M.S., Jang I., Choi K.S., Kim J.E., Lee H.J., Kang M.S., Jeong O.M., Baek J.H., Joo Y.S., Park Y.H., Lee H.S. Novel reassortant influenza A(H5N8) viruses, South Korea, 2014. *Emerg. Infect. Dis.* 2014; 20(6):1087–9. DOI: 10.3201/eid2006.140233.
12. 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. DOI: 10.1637/8893-042509-Review.1.
13. 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.
14. Monne I., Meseko C., Joanniss T., Shittu I., Ahmed M., Tassoni L. (2015). Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus in poultry, Nigeria, 2015. *Emerg. Infect. Dis.* 2015; 21(7):1275–7. DOI: 10.3201/eid2107.150421.
15. Pabbaraju K., Tellier R., Wong S., Li Y., Bastien N., Tang J.W., Drews S.J., Jang Y., Davis C.T., Fonseca K.A., Tipples G.A. Full-genome analysis of avian influenza A(H5N1) virus from a human, North America. *Emerg. Infect. Dis.* 2013; 20:887–91. DOI: 10.3201/eid2005.140164.
16. Reid S.M., Shell W.M., Barboi G., Onita I., Turcitu M., Cioranu R., Marinova-Petkova A., Goujgoulova G., Webby R.J., Webster R.G., Russell C., Slomka M.J., Hanna A., Banks J., Alton B., Barrass L., Irvine R.M., Brown I.H. First reported incursion of highly pathogenic notifiable avian influenza A H5N1 viruses from clade 2.3.2 into European poultry. *Transbound. Emerg. Dis.* 2011; 58(1):76–8. DOI: 10.1111/j.1865-1682.2010.01175.x.
17. 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.
18. 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. USA.* 2012; 109:4269–74. DOI: 10.1073/pnas.1116200109.
19. 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.
20. 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://www.wetlands.org/Portals/0/publications/Analyses/West%20Siberia%20flyway.pdf>.

21. 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.

22. Verhagen J.H., van der Jeugd H.P., Nolet B.A., Slaters R., Kharitonov S.P., de Vries P.P., Vuong O., Majoer F., Kuiken T., Fouchier R.A. Wild bird surveillance around outbreaks of highly pathogenic avian influenza A(H5N8) virus in the Netherlands, 2014, within the context of global flyways. *Euro Surveill*. 2015; 20(12):pii=21069. DOI: 10.2807/1560-7917.ES2015.20.12.21069

23. Vladimirtseva M.V., Germogenov N.I. Birds of Yakutia: Fauna Diversity, Ecology, Role in Ecosystems and Human Life. *J. Biodivers. Endanger Species*. 2013; 1:114. DOI: 10.4172/2332-2543.1000114.

24. 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.

25. WHO, OIE, FAO, H5N1 Evolution Working Group. Toward a unified nomenclature system for highly pathogenic avian influenza virus (H5N1). *Emerg. Infect. Dis*. 2008; 14(7):e1. DOI: 10.3201/eid1407.071681.

26. WHO/OIE/FAO H5N1 Evolution Working Group. Continued evolution of highly pathogenic avian influenza A(H5N1): Updated nomenclature. *Influenza Other Respir. Viruses*. 2012; 6(1):1–5. DOI: 10.1111/j.1750-2659.2011.00298.x.

27. World Health Organization (WHO). Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza viruses and candidate vaccine viruses developed for potential use in human vaccines. September 2015 [cited 20.10.2015]. Available from: [http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/characteristics\\_virus\\_vaccines/en](http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/characteristics_virus_vaccines/en).

28. World Health Organization (WHO). Cumulative number of confirmed human cases of avian influenza A(H5N1) reported to WHO. [Cited 14.12.2015]. Available from: [http://www.who.int/influenza/human\\_animal\\_interface/H5N1\\_cumulative\\_table\\_archives/en/](http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/H5N1_cumulative_table_archives/en/).

29. World organization for animal health (OIE). Update on highly pathogenic avian influenza in animals (type h5 and h7). Paris: OIE; 2015 [cited 11.01.2016]. Available from: <http://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/update-on-avian-influenza/2016/>.

30. Wu H., Peng X., Xu L., Jin C., Cheng L., Lu X., Xie T., Yao H., Wu N. Novel reassortant influenza A(H5N8) viruses in domestic ducks, eastern China. *Emerg. Infect. Dis*. 2014; 20(8):1315–8. DOI: 10.3201/eid2008.140339.

## References

1. Marchenko V.Yu., Susloparov I.M., Kolosova N.P., Goncharova N.I., Shipovalov A.V., Durymanov A.G., Il'icheva 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 A flu virus, subtype H5N8, in the territory of the Republic of Sakha (Yakutia)]. *Dal'nevost. Zh. Infek. Patol*. 2015; 28:38–43.

2. Yurlov K.T. [Ecology and Biocoenotic Relations of Migrating Birds Habitant in West Siberia]. Novosibirsk: "Nauka"; 1981. 364 p.

3. 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. DOI: 10.2807/1560-7917.ES2014.19.50.20996.

4. Alexander D.J. A review of avian influenza in different bird species. *Vet. Microbiol*. 2000; 74(1–2):3–13. DOI: 10.1016/S0378-1135(00)0160-7.

5. Fan S., Zhou L., Wu D., Gao X., Pei E., Wang T., Gao Y., Xia X. A novel highly pathogenic H5N8 avian influenza virus isolated from a wild duck in China. *Influenza Other Respir. Viruses*. 2014; 8(6):646–53. DOI: 10.1111/iuv.12289.

6. He S., Shi J., Qi X., Huang G., Chen H., Lu C. Lethal infection by a novel reassortant H5N1 avian influenza A virus in a zoo-housed tiger. *Microbes Infect*. 2015; (1):54–61. DOI: 10.1016/j.micinf.2014.10.004.

7. Ip H.S., Torchetti M.K., Crespo R., Kohrs P., DeBruyn P., Mansfield K.G., Baszler T., Badcoe L., Bodenstern B., Shearn-Bochsler V., Killian M.L., Pedersen J.C., Hines N., Gidlewski T., Deliberto T.J., Sleeman J.M. Novel Eurasian highly pathogenic avian influenza A H5 viruses in wild birds, Washington, USA, 2014. *Emerg. Infect. Dis*. 2015; 21(5):886–90. DOI: 10.3201/eid2105.142020.

8. Jeong J., Kang H.M., Lee E.K., Song B.M., Kwon Y.K., Kim H.R., Choi K.S., Kim J.Y., Lee H.J., Moon O.K., Jeong W., Choi J., Baek J.H., Joo Y.S., Park Y.H., Lee H.S., Lee Y.J. Highly pathogenic avian influenza virus (H5N8) in domestic poultry and its relationship with migratory birds in South Korea during 2014. *Vet. Microbiol*. 2014; 173(3–4):249–57. DOI: 10.1016/j.vetmic.2014.08.002.

9. Ku K.B., Park E.H., Yum J., Kim J.A., Oh S.K., Seo S.H. Highly pathogenic avian influenza A(H5N8) virus from waterfowl, South Korea, 2014. *Emerg. Infect. Dis*. 2014; 20(9):1587–8. DOI: 10.3201/eid2009.140390.

10. Lee E.K., Kang H.M., Kim K.I., Choi J.G., To T.L., Nguyen T.D., Song B.M., Jeong J., Choi K.S., Kim J.Y., Lee H.S., Lee Y.J., Kim J.H. Genetic evolution of H5 highly pathogenic avian influenza virus in domestic poultry in Vietnam between 2011 and 2013. *Poult. Sci*. 2015; 94:650–61. DOI: 10.3382/ps/pev036.

11. Lee Y.J., Kang H.M., Lee E.K., Song B.M., Jeong J., Kwon Y.K., Kim H.R., Lee K.J., Hong M.S., Jang I., Choi K.S., Kim J.E., Lee H.J., Kang M.S., Jeong O.M., Baek J.H., Joo Y.S., Park Y.H., Lee H.S. Novel reassortant influenza A(H5N8) viruses, South Korea, 2014. *Emerg. Infect. Dis*. 2014; 20(6):1087–9. DOI: 10.3201/eid2006.140233.

12. 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. DOI: 10.1637/8893-042509-Review.1.

13. Marchenko V.Y., Susloparov I.M., Kolosova N.P., Goncharova N.I., Shipovalov A.V., Durymanov A.G., Il'icheva T.N., Budatsyrenova L.V., Ivanova V.K., Ignatyev G.A., Ershova S.N., Tulyakhova 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.

14. Monne I., Meseko C., Joannis T., Shittu I., Ahmed M., Tassoni L. (2015). Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus in poultry, Nigeria, 2015. *Emerg. Infect. Dis*. 2015; 21(7):1275–7. DOI: 10.3201/eid2107.150421.

15. Pabbaraju K., Tellier R., Wong S., Li Y., Bastien N., Tang J. W., Drews S.J., Jang Y., Davis C.T., Fonseca K., Tipples G.A. Full-genome analysis of avian influenza A(H5N1) virus from a human, North America. *Emerg. Infect. Dis*. 2013; 20:887–91. DOI: 10.3201/eid2005.140164.

16. Reid S.M., Shell W.M., Barboi G., Onita I., Turcitu M., Cioranu R., Marinova-Petkova A., Goujgoulova G., Webby R.J., Webster R.G., Russell C., Sloamka M.J., Hanna A., Banks J., Alton B., Barrass L., Irvine R.M., Brown I.H. First reported incursion of highly pathogenic notifiable avian influenza A H5N1 viruses from clade 2.3.2 into European poultry. *Transbound. Emerg. Dis*. 2011; 58(1):76–8. DOI: 10.1111/j.1865-1682.2010.01175.x.

17. 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.

18. 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. USA*. 2012; 109:4269–74. DOI: 10.1073/pnas.1116200109.

19. 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.

20. 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://www.wetlands.org/Portals/0/publications/Analyses/West%20Siberia%20flyway.pdf>.

21. 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.

22. Verhagen J.H., van der Jeugd H.P., Nolet B.A., Slaters R., Kharitonov S.P., de Vries P.P., Vuong O., Majoer F., Kuiken T., Fouchier R.A. Wild bird surveillance around outbreaks of highly pathogenic avian influenza A(H5N8) virus in the Netherlands, 2014, within the context of global flyways. *Euro Surveill*. 2015; 20(12):pii=21069. DOI: 10.2807/1560-7917.ES2015.20.12.21069

23. Vladimirtseva M.V., Germogenov N.I. Birds of Yakutia: Fauna Diversity, Ecology, Role in Ecosystems and Human Life. *J. Biodivers. Endanger Species*. 2013; 1:114. DOI: 10.4172/2332-2543.1000114.

24. 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.

25. WHO, OIE, FAO, H5N1 Evolution Working Group. Toward a unified nomenclature system for highly pathogenic avian influenza virus (H5N1). *Emerg. Infect. Dis*. 2008; 14(7):e1. DOI: 10.3201/eid1407.071681.

26. WHO/OIE/FAO H5N1 Evolution Working Group. Continued evolution of highly pathogenic avian influenza A(H5N1): Updated nomenclature. *Influenza Other Respir. Viruses*. 2012; 6(1):1–5. DOI: 10.1111/j.1750-2659.2011.00298.x.

27. World Health Organization (WHO). Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza viruses and candidate vaccine viruses developed for potential use in human vaccines. September 2015 [cited 20.10.2015]. Available from: [http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/characteristics\\_virus\\_vaccines/en](http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/characteristics_virus_vaccines/en).

28. World Health Organization (WHO). Cumulative number of confirmed human cases of avian influenza A(H5N1) reported to WHO. [Cited 14.12.2015]. Available from: [http://www.who.int/influenza/human\\_animal\\_interface/H5N1\\_cumulative\\_table\\_archives/en/](http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/H5N1_cumulative_table_archives/en/).

29. World organization for animal health (OIE). Update on highly pathogenic avian influenza in animals (type h5 and h7). Paris: OIE; 2015 [cited 11.01.2016]. Available from: <http://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/update-on-avian-influenza/2016/>.

30. Wu H., Peng X., Xu L., Jin C., Cheng L., Lu X., Xie T., Yao H., Wu N. Novel reassortant influenza A(H5N8) viruses in domestic ducks, eastern China. *Emerg. Infect. Dis*. 2014; 20(8):1315–8. DOI: 10.3201/eid2008.140339.

## Authors:

Marchenko V.Yu., Susloparov I.M., Shipovalov A.V., Mikheev V.N., Ryzhikov A.B. State Research Centre of Virology and Biotechnology "Vector". Kol'tsovo, Novosibirsk Region, 630559, Russian Federation. E-mail: vector@vector.nsc.ru

## Об авторах:

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

Поступила 18.01.16.