

DOI: 10.21055/0370-1069-2020-2-31-37

УДК 616.921.5(470)

В.Ю. Марченко<sup>1</sup>, Н.И. Гончарова<sup>1</sup>, Tran Thi Nhai<sup>2</sup>, Trinh Khac Sau<sup>2</sup>, Nguyen Ngoc Quyen<sup>3</sup>,  
Е.В. Гаврилова<sup>1</sup>, Р.А. Максютлов<sup>1</sup>, А.Б. Рыжиков<sup>1</sup>

## ОБЗОР ЭПИЗООТОЛОГИЧЕСКОЙ СИТУАЦИИ ПО ВЫСОКОПАТОГЕННОМУ ВИРУСУ ГРИППА ПТИЦ В РОССИИ В 2019 г.

<sup>1</sup>ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор», р.п. Кольцово, Новосибирская область, Российская Федерация; <sup>2</sup>Российско-Вьетнамский Тропический научно-исследовательский и технологический центр, Ханой, Социалистическая Республика Вьетнам; <sup>3</sup>Региональное управление по охране здоровья животных № 3, Винь, Социалистическая Республика Вьетнам

В данной статье рассмотрена современная ситуация по высокопатогенному вирусу гриппа птиц в 2019 г. и сделан прогноз возможного дальнейшего распространения вирусов на территории России. В 2019 г. в мире отмечена циркуляция различных вариантов вируса, имеющих важное эпизоотологическое и эпидемиологическое значение. Зарегистрированы вспышки среди диких и домашних птиц, а также случаи заражения человека вирусами гриппа подтипов А/Н5Nx, А/Н7N9 и А/Н9N2. В России в 2019 г. зарегистрировано только две вспышки, вызванные высокопатогенным вариантом вируса гриппа А/Н5N8. Обе вспышки зафиксированы в первой и второй половине января на птицефабрике в Ростовской области. Помимо этого, в ходе мониторинга вируса гриппа птиц на территории Томской области в мае 2019 г. от дикой птицы выделен штамм вируса гриппа А/Н14N7. В июне на территории Камчатского края выделен штамм подтипа А/Н13N2, затем в августе 2019 г. вирус гриппа подтипа А/Н13N6 выделен на территории Саратовской области. Выявлено, что некоторые штаммы вируса гриппа, выделяемые в России, имеют высокую степень идентичности со штаммами, циркулирующими в Юго-Восточной Азии. Это показано на примере филогенетического анализа вирусов гриппа А/Н5Nx, выделенных ранее на территории Саратовской области и Социалистической Республики Вьетнам. Таким образом, в очередной раз доказано, что территория России играет важную географическую роль в глобальном распространении вируса гриппа птиц.

**Ключевые слова:** вирус гриппа птиц, мониторинг, вспышки, H5N8, H14N7, H13Nx, Россия.

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

Для цитирования: Марченко В.Ю., Гончарова Н.И., Tran Thi Nhai, Trinh Khac Sau, Nguyen Ngoc Quyen, Гаврилова Е.В., Максютлов Р.А., Рыжиков А.Б. Обзор эпизоотологической ситуации по высокопатогенному вирусу гриппа птиц в России в 2019 г. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2020; 2:31–37. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-2-31-37

Поступила 03.02.20. Отправлена на доработку 20.02.20. Принята к публ. 11.02.20.

V.Yu. Marchenko<sup>1</sup>, N.I. Goncharova<sup>1</sup>, Tran Thi Nhai<sup>2</sup>, Trinh Khac Sau<sup>2</sup>, Nguyen Ngoc Quyen<sup>3</sup>,  
E.V. Gavrilova<sup>1</sup>, R.A. Maksyutov<sup>1</sup>, A.B. Ryzhikov<sup>1</sup>

## Overview of the Epizootiological Situation on Highly Pathogenic Avian Influenza Virus in Russia in 2019

<sup>1</sup>State Scientific Center of Virology and Biotechnology "Vector", Kol'tsovo, Russian Federation;

<sup>2</sup>Russian-Vietnamese Tropical Research and Technology Center, Hanoi, Socialist Republic of Vietnam;

<sup>3</sup>Regional Animal Health Office No 3, Vinh, Socialist Republic of Vietnam

**Abstract.** This review describes the current situation on highly pathogenic avian influenza virus in 2019 and predicts the possible further spread of avian influenza in Russia. In 2019 outbreaks were reported among wild birds and poultry, as well as human infections with influenza viruses of the subtypes H5Nx, H7N9 and H9N2 in several countries. In 2019, only two outbreaks of highly pathogenic avian influenza H5N8 in Russia occurred. Both outbreaks were recorded in January at poultry farm in the Rostov Region. In addition, in May 2019 avian influenza virus of H14N7 subtype was isolated from a wild bird during the avian influenza virus surveillance in Tomsk Region. In June 2019, a strain of H13N2 subtype was isolated in the territory of Kamchatka Region, then, in August 2019, an influenza virus of H13N6 subtype was isolated in the Saratov Region. It was revealed that some strains of avian influenza virus isolated in Russia have a high degree of identity with strains circulating in South-East Asia. This was shown by the phylogenetic analysis of A/H5Nx influenza viruses previously isolated in the Saratov Region and the Socialist Republic of Vietnam during the avian influenza virus surveillance. Thus, it was demonstrated again that the territory of Russia plays a key geographical role in the global spread of avian influenza virus.

**Keywords:** Avian influenza virus, surveillance, outbreaks, H5N8, H14N7, H13Nx, 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., Goncharova N.I., Tran Thi Nhai, Trinh Khac Sau, Nguyen Ngoc Quyen, Gavrilova E.V., Maksyutov R.A., Ryzhikov A.B. Overview of the Epizootiological Situation on Highly Pathogenic Avian Influenza Virus in Russia in 2019. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2020; 2:31–37. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2020-2-31-37

Received 03.02.20. Revised 20.02.20. Accepted 11.02.20.

Проблема распространения высокопатогенных вирусов гриппа не теряет своей актуальности. Вирусы гриппа А (ВГА), которые в настоящее время распространены повсеместно, представляют серьезную угрозу сельскому хозяйству и общественному здравоохранению. Вид *Influenza A virus* принадлежит к семейству сегментированных РНК-вирусов *Orthomyxoviridae*, которое в настоящее время включает семь различных родов, принятых Международным комитетом по таксономии вирусов. Данное семейство включает роды *Alphainfluenzavirus*, *Betainfluenzavirus*, *Deltainfluenzavirus*, *Gammainfluenzavirus*, *Isavirus*, *Thogotovirus* и *Quarantivirus* [1]. Вирусы гриппа А, которые принадлежат роду *Alphainfluenzavirus*, являются наиболее распространенными и опасными в своей таксономической группе благодаря способности инфицировать значительное количество различных видов птиц и млекопитающих.

Вирусы гриппа А имеют два основных механизма, обеспечивающих разнообразие в популяции вирусов, а именно высокий уровень мутаций и способность к реассортации сегментов генома [2, 3]. Оба этих механизма дают возможность вирусу быстро изменяться и адаптироваться, что способствует развитию инфекции у новых видов хозяев. При этом естественным хозяином и природным резервуаром всех субтипов вируса гриппа А являются дикие птицы, преимущественно водоплавающие или околоводные [4, 5]. В естественном организме-хозяине эволюция вируса протекает медленно, сохраняя на аминокислотном уровне высокую консервативность большинства внутренних генов [6]. Тем не менее поверхностные гликопротеины (НА и NA) гораздо более изменчивы и демонстрируют большее разнообразие этих генов. На сегодняшний день известно 18 субтипов гемагглютинина и 11 субтипов нейраминидазы и большинство известных комбинаций сохраняется в популяциях диких птиц, за исключением вирусов гриппа подтипов А/Н17N10 и А/Н18N11, выделенных от летучих мышей, которые до настоящего времени от других видов хозяев не выделялись [7, 8].

Как известно, естественным резервуаром ВГА в основном считаются водоплавающие птицы отрядов гусеобразные (*Anseriformes*) и ржанкообразные (*Charadriiformes*) [9, 10]. Заболевание у этих видов-хозяев характеризуется не только низкой патогенностью, но также может протекать бессимптомно [9, 11, 12]. Показано, что такое течение инфекции у перелетных птиц способствует распространению как высокопатогенных, так и низкопатогенных вариантов вируса гриппа на большие расстояния [10, 13, 14]. При этом распространение различных линий вирусов гриппа птиц (ВГП) отмечено по определенным миграционным маршрутам [15–17]. Тем не менее, даже если мигрирующие дикие птицы считаются основными переносчиками ВГП, ряд исследований указывает на то, что циркуляция ВГП частично поддерживается за счет торговли инфицированными домашними птицами [18–20]. Например, установ-

лено, что распространение высокопатогенного вируса гриппа подтипа H5N1 на большие расстояния в 2004 г. вызвано перемещениями домашней птицы [20], а также то, что циркуляция некоторых вариантов вируса в Китае обусловлена деятельностью человека [21]. Очевидно, что распространение вируса птиц во всем мире является результатом синергии между торговлей инфицированными домашними птицами и миграций диких птиц по пролетным путям [18, 22].

Таким образом, 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, выявленных как в популяциях диких птиц, так и штаммах, которые вызывали вспышки заболевания среди домашних птиц. Полученные данные позволяют спрогнозировать эпидемиологическую и эпизоотологическую ситуацию, оценив возможные пути распространения высокопатогенных вариантов вируса гриппа.

В данной работе представлен анализ циркуляции наиболее важных в эпизоотологическом аспекте высокопатогенных вариантов вируса гриппа птиц в России и мире за 2019 г.

**Ситуация по высокопатогенному гриппу в мире.** В 2019 г. в мире зарегистрирована циркуляция нескольких эпизоотологически значимых вариантов вируса гриппа. Так, в ряде стран зафиксированы вспышки среди диких и домашних птиц, а также случаи инфицирования человека, вызванные различными вариантами вируса гриппа подтипа А/Н5 линии А/goose/Guangdong/1/96. За прошлый год около 20 стран заявили о вспышках среди дикой и домашней птицы (таблица) [23]. Вирусы гриппа подтипа А/Н5N1 клады 2.3.2.1a зарегистрированы среди дикой и домашней птицы в Бангладеш, Бутане, Индии и Непале. Также в марте 2019 г. в Непале зафиксирован летальный случай заражения человека вирусом гриппа А/Н5N1 клады 2.3.2.1a [24], который стал первым зарегистрированным случаем инфицирования человека высокопатогенным вирусом гриппа в этой стране. 19 марта 2019 г. 21-летний житель Катманду попал в госпиталь с клиническими признаками заболевания, смерть наступила 29 марта.

Вирусы клады 2.3.2.1c, как и в предыдущий период 2018 г., зарегистрированы в Лаосе и Вьетнаме. Представители клады 2.3.2.1d выделены от птиц и из окружающей среды в Китае. Показано, что штаммы вышеперечисленных субклад антигенно близки предложенным ВОЗ вакцинным штаммам [23]. Более широкое разнообразие циркулирующих вариантов показано для представителей клады 2.3.4.4, среди которых наиболее распространенными являлись вирусы гриппа подтипов А/Н5N6 и А/Н5N8. Так, вирусы клады 2.3.4.4b зарегистрированы во время вспышек среди дикой и домашней птицы в Болгарии, Египте, Иране, Ираке, Израиле, Намибии, Нигерии,

ЮАР, а в январе 2019 г. в России (таблица) [25]. Следует отметить, что в феврале 2019 г. в Намибии продолжалась вспышка, вызванная вирусом гриппа A/H5N8, среди очковых пингвинов (*Spheniscus demersus*). Зарегистрировано более 350 случаев гибели птиц. Филогенетический анализ штаммов, вызвавших вспышку, показал, что вирусы схожи, но не идентичны штаммам вируса гриппа A/H5N8, которые циркулировали среди африканских пингвинов ранее с января по октябрь 2018 г. Появление этих вирусов в Намибии остается неясным, но авторы данной работы предполагают, что вирус мог быть занесен в популяцию пингвинов другими видами диких птиц из ЮАР, где в 2017 и 2018 гг. регистрировались вспышки, вызванные вирусом гриппа A/H5N8 клады 2.3.4.4.b [26]. Помимо этого, в июне 2019 г. в Нигерии впервые зарегистрировано выделение вируса гриппа A/H5N6. Анализ нуклеотидных последовательностей штамма выявил его высокую степень идентичности со штаммами A/H5N6 клады

2.3.4.4b, которые циркулировали среди диких птиц в Европе в 2016–2018 гг. [27].

Циркуляция вирусов подтипа A/H5N2 клады 2.3.4.4c отмечена среди диких и домашних птиц на Тайване. Помимо этого, в 2019 г. на Тайване зарегистрирован первый случай выявления вируса гриппа подтипа A/H5N5, который вызвал вспышки на нескольких небольших фермах по выращиванию домашних уток и кур. В настоящее время нет информации о последовательностях геномов данных вирусов, поэтому принадлежность к определенной генетической группе установить пока невозможно [28].

Во Вьетнаме в 2019 г. вспышки среди сельскохозяйственной птицы в различных провинциях вызваны двумя субкладами – 2.3.4.4g и 2.3.4.4h. Вирус гриппа A/H5N6 клады 2.3.4.4h впервые зарегистрирован в Камбодже в апреле 2019 г. – штамм выделен от курицы на рынке живой птицы в юго-восточной провинции Такео. В Китае зарегистрированы вспышки вируса гриппа птиц A/H5N6 клады 2.3.4.4h среди домашней птицы, а также случай заражения человека. Стоит сказать, что все случаи заражения и гибели людей от вируса гриппа A/H5N6 к настоящему времени зарегистрированы только в Китае (25 случаев, из которых 15 имели летальный исход). Всемирной организацией здравоохранения в 17 странах зарегистрирован 861 случай заражения человека вирусами гриппа подтипа A/H5N1, из которых 455 имели летальный исход [24, 27, 29].

Помимо вирусов гриппа подтипа A/H5 в мире зарегистрированы случаи выявления других подтипов высокопатогенного вируса гриппа А. Так, в марте 2019 г. в Китае от обыкновенного павлина (*Pavo cristatus*) из зоопарка города Цзиньчжоу, провинция Ляонинь, выделен вирус гриппа A/H7N9. Надо сказать, что это был первый случай выделения вируса A/H7N9 от птиц с июня 2018 г. [27]. При этом в марте 2019 г. зарегистрирован один случай заражения человека вирусом гриппа A/H7N9 – инфицирован 82-летний мужчина, проживающий в провинции Ганьсу. По предварительным данным, заражение человека произошло в районе Внутренней Монголии на севере Китая. Данный случай был единственным зарегистрированным случаем заражения человека в 2019 г. [30]. Всего, с момента вспышки в марте 2013 г. вируса гриппа A/H7N9, в мире отмечено 1568 случаев заболевания человека, из которых как минимум 615 имели летальный исход, что составляет около 39 % [31]. Помимо этого, следует отметить появление в Китае в мае 2019 г. нового реассортанта вируса гриппа A/H7N2, который выделили от вакцинированной сельскохозяйственной птицы. Молекулярно-генетические исследования этого штамма показали, что он появился в результате реассортации вируса гриппа A/H7N9 по сегментам PB2, PB1, PA, HA, M и NS, а также вируса A/H9N2 по сегментам NP и NA. Также для этого штамма определен внутривенный индекс патогенности (IVPI), который составил 2.26, что указывает на его высокую степень патогенности для кур [32].

Данные ВОЗ по циркуляции вируса гриппа H5 в 2019 г.

WHO data on avian influenza H5 circulation in 2019

Страна Country	Хозяин Host	Генетическая линия вируса H5 Genetic line of H5 virus
Бангладеш Bangladesh	с/х птица poultry	2.3.2.1a (H5N1)
Болгария Bolgaria	с/х птица poultry	2.3.4.4 (H5N8)
Бутан Bhutan	с/х птица poultry	2.3.2.1a (H5N1)
Вьетнам Vietnam	с/х птица poultry	2.3.2.1c (H5N1), 2.3.4.4g, 2.3.4.4h (H5N6)
Египет Egypt	с/х птица poultry	2.3.4.4b (H5N8)
Израиль Israel	с/х птица poultry	2.3.4.4b (H5N8)
Индия India	с/х птица poultry	2.3.2.1a (H5N1)
Иран Iran	с/х птица poultry	2.3.4.4b (H5N8)
Ирак Iraq	с/х птица poultry	2.3.4.4b (H5N8)
Камбоджа Cambodia	с/х птица poultry	2.3.4.4h (H5N6)
Китай China	человек human с/х птица poultry	2.3.4.4h (H5N6) 2.3.2.1d (H5N1), 2.3.4.4h (H5N6)
Лаос Laos	с/х птица poultry	2.3.2.1c (H5N1)
Намибия Namibia	дикая птица wild bird	2.3.4.4b (H5N8)
Непал Nepal	человек, с/х птица, ди- кая птица human, poultry, wild bird	2.3.2.1a (H5N1)
Нигерия Nigeria	с/х птица poultry	2.3.2.1b (H5N1)
Россия Russia	с/х птица poultry	2.3.4.4b (H5N8)
Тайвань Taiwan	с/х птица, дикая птица poultry, wild bird	2.3.4.4c (H5N2)



Что касается А/Н9N2, то данный вирус широко распространен в странах Азии, Среднего Востока и Африки; на сегодняшний день в этих регионах сохраняется эндемичный статус по гриппу А/Н9N2. Преобладающими генетическими линиями этого вируса считаются клады G1 и Y280/G9 [28]. При анализе штаммов вируса гриппа А/Н9N2 клады Y280, выделенных от сельскохозяйственной птицы в Китае в 2017–2018 гг., выявлено, что внутренние гены этих штаммов имеют высокую степень идентичности со штаммами вируса А/Н7N9, циркулировавшего в Китае. Исследованные штаммы имели множественные мутации в геноме, которые отвечают за связывание с человеческими рецепторами и адаптацию к млекопитающим [33]. В связи с этим вирусы гриппа А/Н9N2 имеют важное эпидемиологическое значение. В 2019 г. в мире зарегистрировано шесть новых случаев заражения человека. Четыре случая зарегистрировано в Китае, по одному в Омане (в апреле) и Индии (в феврале). Оба эти случая были первыми зарегистрированными случаями инфицирования человека вирусом А/Н9N2 в этих странах. Таким образом, на сегодняшний день известно о 60 лабораторно подтвержденных случаях заражения человека, из которых один имел летальный исход. В общей сложности за весь период наблюдений к концу 2019 г. инфицирование человека вирусами гриппа А/Н9N2 зарегистрировано в шести странах: Китай (n=50), Египет (n=4), Бангладеш (n=3), Индия (n=1), Оман (n=1) и Пакистан (n=1) [28, 31].

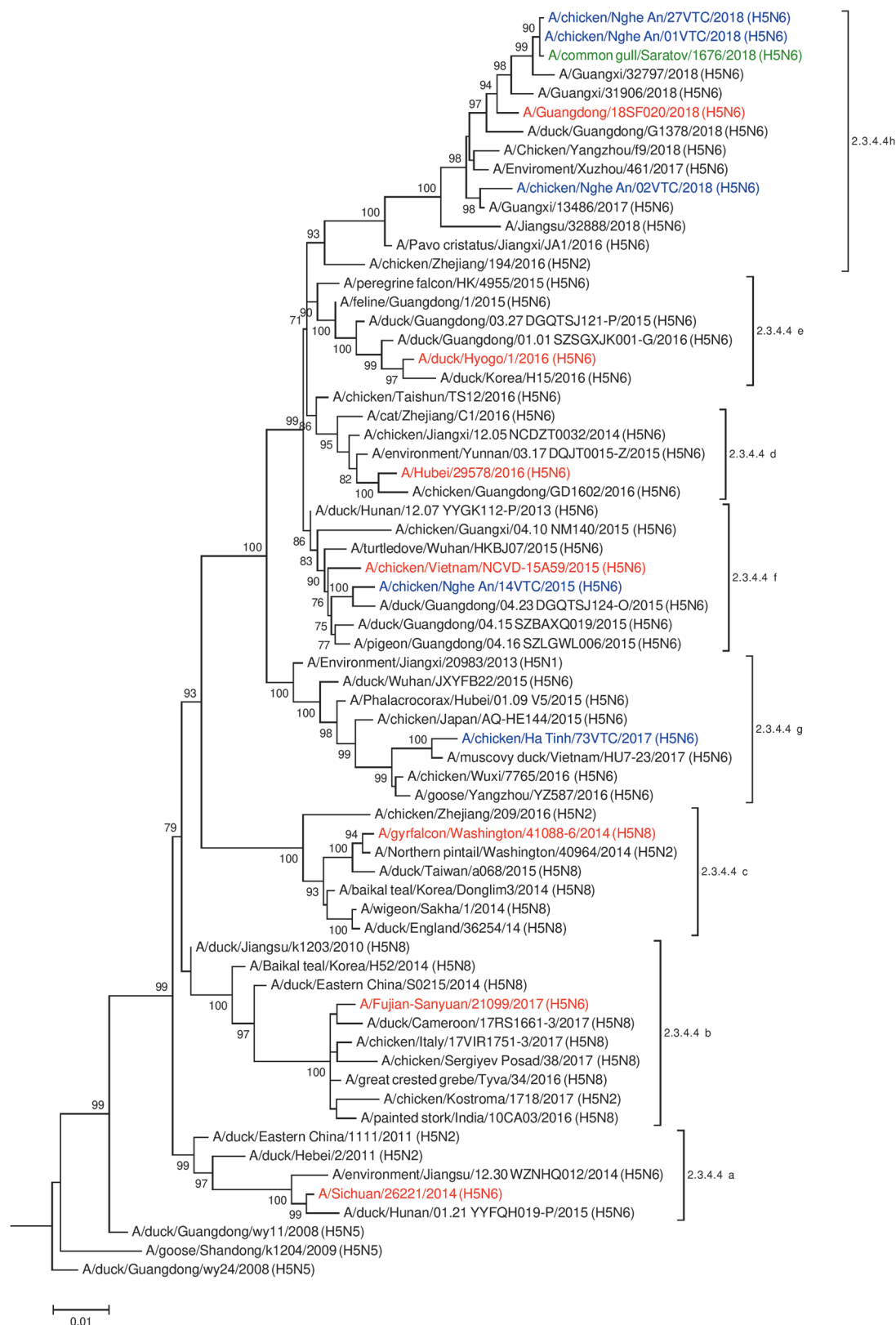
**Ситуация по высокопатогенному гриппу в России.** В настоящее время в России действует комплексная система мониторинга высокопатогенного вируса гриппа птиц. Данная система мониторинга регламентируется Приказом Руководителя Роспотребнадзора от 30.09.2013 г. № 714 «Об организации мониторинга за циркуляцией вирусов гриппа птиц», а также Приказом от 04.08.2016 г. № 842 «Об организации опорных баз по мониторингу за вирусом гриппа с пандемическим потенциалом». На сегодняшний день в данной программе мониторинга участвуют 48 региональных учреждений Роспотребнадзора – Центры гигиены и эпидемиологии, деятельность которых регулируют три опорные базы, которыми являются Управление Роспотребнадзора по Хабаровскому краю, Новосибирской области и Краснодарскому краю. Региональные учреждения Роспотребнадзора организуют взаимодействие с местными лечебными учреждениями и ветеринарной службой, которые обеспечивают сбор образцов первичного материала от людей и животных и направляют его для дифференциальной диагностики в региональные ЦГиЭ. Все пробы, в которых обнаруживается РНК вируса гриппа А, направляются в ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» для изоляции вируса гриппа, углубленного изучения и оценки его пандемического потенциала. В 2019 г. в рамках данной программы мониторинга вируса гриппа птиц совместно с региональными учрежде-

ниями Роспотребнадзора собрано и обследовано 3672 образца биологического материала от диких птиц, 4565 образцов от сельскохозяйственной птицы, а также 304 – от свиней.

В России в 2019 г. зарегистрировано только две вспышки, вызванные высокопатогенным вариантом вируса гриппа А/Н5N8 [25]. Оба случая зафиксированы в первой и второй половине января на птицефабрике в Ростовской области. В результате погибло или уничтожено более 30 тыс. голов индейки. Циркуляции других субтипов высокопатогенного вируса гриппа, включая А/Н7, на территории Российской Федерации не отмечено. Тем не менее в ходе мониторинга вируса гриппа птиц в нескольких регионах России выявлена циркуляция низкопатогенных вариантов вируса гриппа. Так, на территории Республики Татарстан ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Республике Татарстан» в биоматериале от двух диких уток, собранном в ноябре 2019 г., методом ПЦР в реальном времени выявлен генетический материал вируса гриппа А/Н9N2. К сожалению, выделить и исследовать вирус из проб не удалось и информация о его молекулярно-генетических и вирусологических характеристиках недоступна. Помимо этого, на территории Томской области в мае 2019 г. от дикой птицы выделен штамм вируса гриппа A/sandpiper/Tomsk/112/2019 (H14N7) (GISAID isolate ID: EPI\_ISL\_390458). В июне на территории Камчатского края от тихоокеанской чайки (*Larus schistisagus*) выделен штамм A/slaty-backed gull/Kamchatka/475/2019 (H13N2), затем в августе 2019 г. на территории Саратовской области выделен вирус гриппа подтипа А/Н13. Штамм A/caspian gull/Saratov/860/2019 (H13N6) выделен от чайки хохотуньи (*Larus cachinnans*). Ранее показано, что штаммы вируса гриппа А/Н13 могут быть перенесены из популяций диких птиц домашним курам, что может представлять серьезную угрозу сельскому хозяйству [34]. Следует отметить, что виды птиц, от которых выделены вирусы гриппа подтипа А/Н13 являются мигрирующими, соответственно, могут распространять вирус на значительные расстояния.

Распространение различных вариантов вируса гриппа дикими птицами занимает особое место в эпидемиологии и эпизоотологии. Как уже говорилось ранее, миграции птиц, в основном, осуществляются по определенным маршрутам [15–17] и эти пути, зачастую, пересекают регионы, эндемичные по высокопатогенному вирусу гриппа. К таким регионам можно отнести некоторые страны Африки и Юго-Восточной Азии. При этом, отдельно надо выделить территорию Социалистической Республики Вьетнам.

С 2017 г. ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» совместно с Российско-Вьетнамским Тропическим научно-исследовательским и технологическим центром осуществляет мониторинг высокопатогенного вируса гриппа на территории Вьетнама. Выделение и изучение



Филогенетическое дерево гена НА штаммов вируса гриппа А (H5Nx). Штамм, выделенный в России в 2018 г., обозначен зеленым цветом. Штаммы, выделенные на территории Вьетнама, обозначены синим цветом. Кандидатные вакцинные штаммы, использованные для определения генетических групп/подгрупп, обозначены красным цветом. Филогенетическое дерево построено с помощью программного обеспечения MEGA версии 6.0 ([www.megasoftware.net/](http://www.megasoftware.net/)) с использованием метода максимального правдоподобия и эволюционной модели Хасегава-Кишино-Яно (HKY85) с количеством бутстреп-репликаций 1000

Phylogenetic relationships of the HA gene of A (H5Nx) viruses. Strain isolated in Russia in 2018 is colored green. Strains isolated in the territory of Vietnam are indicated in blue. Candidate vaccine strains used to determine genetic groups/sub-groups are shown in red. The tree was constructed using MEGA 6.06 software (<http://www.megasoftware.net/>) using the Maximum Composite likelihood method with Hasegawa-Kishino-Yano, 85 model with 1000 bootstrap replicates

актуальных циркулирующих на данной территории вирусов гриппа птиц имеет важнейшее значение для Российской Федерации. Территория Вьетнама связана с территорией России одним из крупнейших миграционных маршрутов диких птиц (Восточно-Азиатско-Австралийский пролетный путь), по которому возможен занос вируса гриппа в различные регионы нашей страны [35]. Так, в конце 2018 г. на территории Саратовской области от сизой чайки (*Larus canus*) выделен вирус гриппа подтипа A/H5N6. Наши исследования показали, что штамм A/common gull/Saratov/1676/2018, скорее всего, занесен на территорию Российской Федерации из стран Юго-Восточной Азии. Филогенетический анализ гена HA данного штамма выявил его высокую степень идентичности со штаммами высокопатогенного вируса гриппа A/H5N6, выделенными в ходе мониторинга в провинции Нге Ан Социалистической Республики Вьетнам (рисунок).

Таким образом, вспышки высокопатогенного вируса гриппа птиц, которые регистрируются даже в отдаленных регионах мира, представляют реальную угрозу для сельского хозяйства и общественного здравоохранения России. В связи с этим при прогнозировании развития эпизоотологической ситуации необходимо учитывать каждый аспект циркуляции высокопатогенного вируса гриппа птиц.

**Прогноз развития ситуации по высокопатогенному вирусу гриппа в России.** При анализе полученных данных, становится очевидным, что в 2019 г. ситуация по высокопатогенному вирусу гриппа в России не была столь напряженной, как в предыдущие два года. Вспышка среди сельскохозяйственной птицы, вызванная вирусом гриппа A/H5N8 клады 2.3.4.4, которая зарегистрирована в январе 2019 г. в европейской части России, свидетельствовала о возможном сохранении вируса на данной территории и возникновении повторных вспышек в весенний или осенний период. Тем не менее за 2019 г. других вспышек высокопатогенного вируса гриппа птиц не зарегистрировано. Несмотря на это, если говорить о возможных прогнозах распространения высокопатогенных вирусов гриппа птиц, то данные о зарегистрированных вспышках высокопатогенного вируса гриппа в странах Африки и Юго-Восточной Азии в местах зимовки диких перелетных птиц свидетельствуют о возможном заносе различных вариантов вируса гриппа на территорию России. Так, в январе 2020 г. уже появилась информация о вспышках высокопатогенного вируса гриппа подтипа H5N8 на территории Польши, Германии, Чехии, Венгрии, Словакии и Румынии. Также зарегистрирована вспышка вируса гриппа A/H5 на территории Украины [36]. В связи с этим в весенний период 2020 г. можно ожидать заноса вируса A/H5N8 дикими птицами в регионы Южного федерального округа и другие регионы Центральной России. Помимо этого, с учетом циркуляции различных вариантов вирусов гриппа A/H5Nx, A/H7N9, A/H9N2 в странах Юго-Восточной Азии, возможен

занос этих вариантов вируса на территорию Дальнего Востока и Восточной Сибири России.

Можно предположить, что дальнейшее развитие ситуации по высокопатогенному вирусу гриппа во многом будет зависеть от комплекса своевременных принятых соответствующими службами противоэпизоотических и противоэпидемических мер, которые должны быть направлены на недопущение дальнейшего распространения вируса и снижение риска инфицирования людей. На сегодняшний день на территории Российской Федерации не зафиксировано ни одного случая заболевания или гибели человека из-за высокопатогенного вируса гриппа птиц. Это позволяет сделать предположение о том, что в 2020 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 придется.

**Финансирование.** Исследование проводилось в рамках выполнения государственного задания ГЗ-4/16. Филогенетический анализ проведен в рамках выполнения Распоряжения Правительства Российской Федерации от 13.07.2019 г. № 1536-р.

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

#### References / Список литературы

1. Shaw M.L., Palese P. Orthomyxoviridae. In: Knipe D.M., Howley P.M., editors. Fields Virology. 6th ed. Philadelphia: Wolters Kluwer Health/Lippincott Williams & Wilkins; 2013. P. 1151–85.
2. Manrubia S.C., Escarmis C., Domingo E., Lazaro E. High mutation rates, bottlenecks, and robustness of RNA viral quasispecies. *Gene*. 2005; 347:273–82.
3. Turner P.E. Searching for the advantages of virus sex. *Orig. Life Evol. Biosph.* 2003; 33:95–108. DOI: 10.1023/A:1023973015054.
4. Kawaoka Y., Chambers T.M., Sladen W.L., Webster R.G. Is the gene pool of influenza viruses in shorebirds and gulls different from that in wild ducks? *Virology*. 1988; 163(1):247–50.
5. Slemmons R.D., Johnson D.C., Osborn J.S., Hayes F. Type-A influenza viruses isolated from wild free-flying ducks in California. *Avian Diseases*. 1974; 18(1):119–24. PMID: 4205344.
6. Suarez D.L. Evolution of avian influenza viruses. *Vet. Microbiol.* 2000; 74(1–2):15–27. DOI: 10.1016/S0378-1135(00)00161-9.
7. Tong S., Li Y., Rivailler P., Conrardy C., Castillo D.A.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. U S A*. 2012; 109(11):4269–74. DOI: 10.1073/pnas.1116200109.
8. 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. DOI: 10.1371/journal.ppat.1003657.
9. 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. PMCID: PMC372859.
10. Olsen B., Munster V.J., Wallensten A., Waldenström J., Osterhaus A.D.M.E., Fouchier R.A.M. Global patterns of influenza A virus in wild birds. *Science*. 2006; 312(5772):384–8. DOI: 10.1126/science.1122438.
11. Easterday B.C., Trainer D.O., Tűmová B., Pereira H.G. Evidence of infection with influenza viruses in migratory waterfowl. *Nature*. 1968; 219(5153):523–4. DOI: 10.1038/219523a0.
12. Kuiken T. Is low pathogenic avian influenza virus virulent for wild waterbirds? *Proc. Biol. Sci.* 2013; 280(1763):20130990.



DOI: 10.1098/rspb.2013.0990.

13. Jourdain E., Gunnarsson G., Wahlgren J., Latorre-Margalef N., Bröjer C., Sahlin S., Svensson L., Waldenström J., Lundkvist A., Olsen B. Influenza virus in a natural host, the mallard: experimental infection data. *PLoS ONE*. 2010; 5(1):e8935. DOI: 10.1371/journal.pone.0008935.

14. Runstadler J., Hill N., Hussein I.T.M., Puryear W., Keogh M. Connecting the study of wild influenza with the potential for pandemic disease. *Infect. Genet. Evol.* 2013; 17:162–87. DOI: 10.1016/j.meegid.2013.02.020.

15. Lam T.T., Ip H.S., Ghedin E., Wentworth D.E., Halpin R.A., Stockwell T.B., Spiro D.J., Dusek R.J., Bortner J.B., Hoskins J., Bales B.D., Yparraguirre D.R., Holmes E.C. Migratory flyway and geographical distance are barriers to the gene flow of influenza virus among North American birds. *Ecol. Lett.* 2012; 15(1):24–33. DOI: 10.1111/j.1461-0248.2011.01703.x.

16. Bahl J., Vijaykrishna D., Holmes E.C., Smith G.J.D., Guan Y. Gene flow and competitive exclusion of avian influenza A virus in natural reservoir hosts. *Virology*. 2009; 390(2):289–97. DOI: 10.1016/j.virol.2009.05.002.

17. González-Reiche A.S., Morales-Betoulle M.E., Alvarez D., Betoulle J.L., Müller M.L., Sosa S.M., Perez D.R. Influenza A viruses from wild birds in Guatemala belong to the North American lineage. *PLoS ONE*. 2012; 7(3):e32873. DOI: 10.1371/journal.pone.0032873.

18. Bahl J., Pham T.T., Hill N.J., Hussein I.T.M., Ma E.J., Easterday B.C., Halpin R.A., Stockwell T.B., Wentworth D.E., Kayali G., Krauss S., Schultz-Cherry S., Webster R.G., Webby R.J., Swartz M.D., Smith G.J.D., Runstadler J.A. Ecosystem interactions underlie the spread of avian influenza A viruses with pandemic potential. *PLoS Pathog.* 2016; 12(5):e1005620. DOI: 10.1371/journal.ppat.1005620.

19. Chen H., Smith G.J.D., Li K.S., Wang J., Fan X.H., Rayner J.M., Vijaykrishna D., Zhang J.X., Zhang L.J., Guo C.T., Cheung C.L., Xu K.M., Duan L., Huang K., Qin K., Leung Y.H.C., Wu W.L., Lu H.R., Chen Y., Xia N.S., Naipospos T.S.P., Yuen K.Y., Hassan S.S., Bahri S., Nguyen T.D., Webster R.G., Peiris J.S.M., Guan Y. Establishment of multiple sublineages of H5N1 influenza virus in Asia: implications for pandemic control. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 2006; 103(8):2845–50. DOI: 10.1073/pnas.051120103.

20. Gauthier-Clerc M., Lebarbenchon C., Thomas F. Recent expansion of highly pathogenic avian influenza H5N1: a critical review. *Ibis*. 2007; 149(2):202–14. DOI: 10.1111/j.1474-919-X.2007.00699.x.

21. Lu L., Leigh Brown A.J., Lycett S.J. Quantifying predictors for the spatial diffusion of avian influenza virus in China. *BMC Evol. Biol.* 2017; 17(1):16. DOI: 10.1186/s12862-016-0845-3.

22. Kilpatrick A.M., Chmura A.A., Gibbons D.W., Fleischer R.C., Marra P.P., Daszak P. Predicting the global spread of H5N1 avian influenza. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 2006; 103(51):19368–73. DOI: 10.1073/pnas.0609227103.

23. World Health Organization (WHO). Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza viruses and candidate vaccine viruses developed for potential use in human vaccines. (Cited 31 Jan 2020). [Internet]. Available from: [https://www.who.int/influenza/vaccines/virus/201909\\_zoonotic\\_vaccinevirusupdate.pdf?ua=1](https://www.who.int/influenza/vaccines/virus/201909_zoonotic_vaccinevirusupdate.pdf?ua=1).

24. World Health Organization (WHO). Influenza at the human-animal interface - Summary and assessment, 10 April to 10 May 2019. (Cited 31 Jan 2020). [Internet]. Available from: [https://www.who.int/influenza/human\\_animal\\_interface/Influenza\\_Summary\\_IRA\\_HA\\_interface\\_10\\_05\\_2019.pdf](https://www.who.int/influenza/human_animal_interface/Influenza_Summary_IRA_HA_interface_10_05_2019.pdf).

25. World organization for animal health (OIE). Update on highly pathogenic avian influenza in animals (type H5 and H7), 2019. (Cited 31 Jan 2020). [Internet]. Available from: <http://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/update-on-avian-influenza/2019/>.

26. Molini U., Aikukutu G., Roux J.P., Kemper J., Ntahonshikira C., Marruchella G., Khaïseb S., Cattoli G., Dundon W.G. Avian Influenza H5N8 Outbreak in African Penguins (*Spheniscus demersus*), Namibia, 2019. *J. Wildl. Dis.* 2020; 56(1):214–8. DOI: 10.7589/2019-03-067.

27. European Food Safety Authority, European Centre for

Disease Prevention and Control, European Reference Laboratory for Avian Influenza, Adlhoeh C., Fusaro A., Kuiken T., Smietanka K., Staubach C., Guajardo M., Baldinelli F. Avian influenza overview August – November 2019. *EFSA Journal*. 2019; 17(12):e05988. DOI: 10.2903/j.efsa.2019.5988.

28. European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control, European Reference Laboratory for Avian Influenza, Adlhoeh C., Brouwer A., Kuiken T., Miteva A., Mulatti P., Smietanka K., Staubach C., Gogin A., Guajardo M., Baldinelli F. Avian influenza overview November 2018 – February 2019. *EFSA Journal*. 2019; 17(3):e5664. DOI: 10.2903/j.efsa.2019.5664.

29. World Health Organization (WHO). Cumulative number of confirmed human cases of avian influenza A(H5N1) reported to WHO. (Cited 31 Jan 2020). [Internet]. Available from: [https://www.who.int/influenza/human\\_animal\\_interface/2020\\_01\\_20\\_tableH5N1.pdf?ua=1](https://www.who.int/influenza/human_animal_interface/2020_01_20_tableH5N1.pdf?ua=1).

30. World Health Organization (WHO), 2019. Influenza at the human-animal interface - Summary and assessment, 13 February to 9 April 2019. (Cited 31 Jan 2020). [Internet]. Available from: [https://www.who.int/influenza/human\\_animal\\_interface/Influenza\\_Summary\\_IRA\\_HA\\_interface\\_09\\_04\\_2019.pdf](https://www.who.int/influenza/human_animal_interface/Influenza_Summary_IRA_HA_interface_09_04_2019.pdf).

31. World Health Organization (WHO), 2019. Avian Influenza Weekly Update Number 713. WHO, Geneva. 3 pp. (Cited 31 Jan 2020). [Internet]. Available from: <https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/279855/AI-20191101.pdf?sequence=43&isAllowed=y>.

32. Qiu Y., Sun R., Hou G., Yu X., Li Y., Li J., Zhang Q., Zou F., Liu H., Jiang W. Novel reassortant H7N2 originating from the H7N9 highly pathogenic avian influenza viruses in China, 2019. *J. Infect.* 2019; 79(5):462–70. DOI: 10.1016/j.jinf.2019.08.016.

33. Sun H., Lin J., Liu Z., Yu Y., Wu M., Li S., Liu Y., Feng Y., Wu Y., Li M., Jiao P., Luo K., Liao M. Genetic, Molecular, and Pathogenic Characterization of the H9N2 Avian Influenza Viruses Currently Circulating in South China. *Viruses*. 2019; 11(11):1040. DOI: 10.3390/v11111040.

34. Yu Z., Cheng K., Gao Y. Poultry Infection with Influenza Viruses of Wild Bird Origin, China, 2016. *Emerg. Infect. Dis.* 2018; 24(7):1375–7. DOI: 10.3201/eid2407.171220.

35. Lycett S.J., Duchatel F., Digard P. A brief history of bird flu. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.* 2019; 374(1775):20180257. DOI: 10.1098/rstb.2018.0257.

36. World organization for animal health (OIE). Update on highly pathogenic avian influenza in animals (type H5 and H7), 2020. (Cited 31 Jan 2020). [Internet]. Available from: <http://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/update-on-avian-influenza/2020/>.

# Authors:

Marchenko V.Yu., Goncharova N.I., 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](mailto:vector@vector.nsc.ru).

Tran Thi Nhai, Trinh Khac Sau. Russian-Vietnamese Tropical Research and Technology Center. Nguyen Van Huyen, Nghia Do, Cau Giay, Ha Noi, Vietnam. E-mail: [tropcenterhanoi@mail.ru](mailto:tropcenterhanoi@mail.ru).

Nguyen Ngoc Quyen. Regional Animal Health Office No 3. 51 Nguyen Sinh Sac, Cua Nam, Vinh, Nghe An Vietnam. E-mail: [hcthtyv3@gmail.com](mailto:hcthtyv3@gmail.com).

# Об авторах:

Марченко В.Ю., Гончарова Н.И., Гаврилова Е.В., Максютлов Р.А., Рыжиков А.Б. Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор». Российская Федерация, 630559, Новосибирская обл., р.п. Кольцово. E-mail: [vector@vector.nsc.ru](mailto:vector@vector.nsc.ru).

Tran Thi Nhai, Trinh Khac Sau. Российско-Вьетнамский Тропический научно-исследовательский и технологический центр. Nguyen Van Huyen, Nghia Do, Cau Giay, Ханой, Социалистическая Республика Вьетнам. E-mail: [tropcenterhanoi@mail.ru](mailto:tropcenterhanoi@mail.ru).

Nguyen Ngoc Quyen. Региональное управление по охране здоровья животных № 3. 51 Nguyen Sinh Sac, Cua Nam, Nghe An, Винь, Социалистическая Республика Вьетнам. E-mail: [hcthtyv3@gmail.com](mailto:hcthtyv3@gmail.com).