

DOI: 10.21055/0370-1069-2021-2-33-40

УДК 616.921.5(470)

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

ОБЗОР ЭПИЗООТОЛОГИЧЕСКОЙ СИТУАЦИИ ПО ВЫСОКОПАТОГЕННОМУ ГРИППУ ПТИЦ В РОССИИ В 2020 г.*ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор», р.п. Кольцово, Российская Федерация*

В обзоре рассмотрена современная ситуация по высокопатогенному вирусу гриппа птиц в 2020 г. и сделан прогноз возможного дальнейшего распространения вирусов на территории России. В 2020 г. в мире отмечена циркуляция разнообразных вариантов вируса, имеющих важное эпизоотологическое и эпидемиологическое значение. Вспышки инфекционных заболеваний, вызванные высокопатогенными вирусами гриппа, зарегистрированы более чем в 30 странах. Помимо этого, зафиксированы случаи инфицирования людей вирусами гриппа подтипов А/Н5Nx и А/Н9N2. В России в 2020 г. зарегистрирована масштабная эпизоотия, которая затронула более десяти регионов. Вспышки заболевания среди диких и домашних птиц были вызваны высокопатогенным вариантом вируса гриппа А/Н5N8 клады 2.3.4.4b. В результате эпизоотии погибло или было уничтожено более 1,5 млн голов сельскохозяйственной птицы. Выявлено, что некоторые штаммы вируса гриппа, выделенные в России, имели высокую степень идентичности со штаммами, циркулировавшими в Европе и Юго-Восточной Азии. Таким образом, в очередной раз показано, что территория России играет важную географическую роль в глобальном распространении вируса гриппа птиц.

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

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

Для цитирования: Марченко В.Ю., Гончарова Н.И., Гаврилова Е.В., Максютков Р.А., Рыжиков А.Б. Обзор эпизоотологической ситуации по высокопатогенному гриппу птиц в России в 2020 г. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2021; 2:33–40. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-2-33-40

Поступила 12.02.2021. Отправлена на доработку 22.03.2021. Принята к публ. 26.03.2021.

V.Yu. Marchenko, N.I. Goncharova, E.V. Gavrilova, R.A. Maksyutov, A.B. Ryzhikov**Overview of the Epizootiological Situation on Highly Pathogenic Avian Influenza in Russia in 2020***State Scientific Center of Virology and Biotechnology "Vector", Kol'tsovo, Russian Federation*

Abstract. This review describes the current situation on highly pathogenic avian influenza virus in 2020 and provides forecast of the possible further spread of avian influenza in Russia. In 2020, the circulation of a wide variety of highly pathogenic avian influenza virus subtypes which have epizootiological and epidemiological significance was recorded in the world. Outbreaks of highly pathogenic avian influenza were reported in over 30 countries. Apart from this, human infections with influenza viruses of the A/H5Nx and A/H9N2 subtypes were reported. There was a large-scale epizootic in Russia in 2020, which affected more than 10 regions. Outbreaks among wild birds and poultry were caused by the highly pathogenic influenza virus A/H5N8 of clade 2.3.4.4b. As a result of those outbreaks, more than 1.5 mil. poultry were killed or perished. It was revealed that strains of the influenza virus isolated in Russia have a high degree of identity with the strains circulating in Europe and Southeast Asia. Thus, it was shown again that the territory of Russia plays an important role in the global spread of avian influenza virus.

Key words: avian influenza virus, surveillance, epizooty, outbreaks, H5N8, H9N2, 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., Gavrilova E.V., Maksyutov R.A., Ryzhikov A.B. Overview of the Epizootiological Situation on Highly Pathogenic Avian Influenza in Russia in 2020. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2021; 2:33–40. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2021-2-33-40

Received 12.02.2021. Revised 22.03.2021. Accepted 26.03.2021.

Gavrilova E.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7118-5749>

Maksyutov R.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1314-281X>

Вирусы гриппа А (ВГА) в настоящее время распространены повсеместно и представляют серьезную угрозу сельскому хозяйству и общественному здравоохранению. Экология и эпидемиология вирусов гриппа А являются очень сложными процессами, в которых помимо людей участвуют различные виды диких и домашних птиц, а также различные виды млекопитающих: свиньи, лошади, собаки, летучие мыши. Помимо этого, регистрируются спорадические случаи инфекции у прочих видов млекопитающих [1].

Вирусы гриппа подразделяются на субтипы на основании антигенных различий в поверхностных гликопротеинах. На сегодняшний день известно 18 субтипов гемагглютинина и 11 субтипов нейраминидазы, при этом большинство известных комбинаций сохраняется в популяциях диких птиц, за исключением вирусов гриппа подтипов А/Н17N10 и А/Н18N11, которые выделены от летучих мышей и до настоящего времени от других видов хозяев не выделялись [2–4]. При этом во многих исследова-

ниях показано, что естественным хозяином и природным резервуаром большинства подтипов вируса гриппа А являются дикие птицы, преимущественно водоплавающие или околотовные. Полный спектр хозяев ВГА среди диких птиц неизвестен, но на основании ряда исследований выявлено, что наиболее подвержены инфицированию два отряда диких птиц – гусеобразные (Anseriformes) и ржанкообразные (Charadriiformes) [5–7].

Одной из ключевых характеристик вируса гриппа является генетическая и антигенная изменчивость, возникающая в результате сочетания сегментированного генома и высокой частоты мутаций, что обеспечивает возможность быстрого изменения и адаптации к новым хозяевам. В определенных условиях ВГА может адаптироваться к новому хозяину, в результате чего вирус эффективно реплицируется, распространяется и становится эндемичным для определенного вида [8, 9]. Другая особенность вирусов гриппа – это большое разнообразие вариантов вируса, которые могут инфицировать домашнюю птицу. При этом вирусы могут антигенно отличаться друг от друга даже в пределах одного и того же подтипа. Это связано с тем, что большинство эпидемиологически не связанных вспышек, вызванных как низкопатогенными, так и высокопатогенными вирусами гриппа, являются результатом независимого проникновения вирусов из различных резервуаров диких птиц [10, 11]. Благодаря своим генетическим особенностям вирус гриппа постоянно изменяется, приобретая уникальные мутации, что способствует формированию различных генетических линий, клад и субклад. Так, современная линия высокопатогенных вирусов гриппа А/Н5 – А/goose/Guangdong/1/1996 (H5N1) (Gs/Gd) разделена на несколько сублиний, сформированных в систему клад, основанных главным образом на различиях в аминокислотных последовательностях гена НА [12]. С момента своего первого обнаружения в 1996 г. линия Gs/Gd подверглась реассортации сегментов генома, кодирующих внутренние белки, что привело к разделению гена Н5 на десять отдельных клад. Впоследствии антигенный дрейф привел к тому, что в настоящее время уже определены клад пятого порядка. Например, циркулирующие вирусы клад 2.3.2.1 сейчас дополнительно разделены на основании различий в аминокислотных последовательностях на 2.3.2.1a, 2.3.2.1b и 2.3.2.1c и т.д. [13].

Как уже говорилось, водоплавающие птицы отрядов гусеобразные и ржанкообразные считаются естественным резервуаром ВГА [6, 14]. Заболевание, вызванное вирусами гриппа, у этих видов хозяев зачастую протекает бессимптомно [6, 15–18]. Было показано, что такое течение инфекции у перелетных птиц способствует распространению как низкопатогенных, так и высокопатогенных вирусов на большие расстояния [14, 19–21]. При этом распространение различных линий вируса гриппа птиц отмечено по определенным миграционным маршрутам [22–25]. Это подтверждено исследованиями с применением дистанционного зондирования и филогенетиче-

ского анализа, которые показали, что распространение вирусов подтипа H5N1 в Восточной Азии в 2003–2012 гг. связано с миграциями диких птиц [24]. Однако, поскольку первичным резервуаром для ВГА являются дикие птицы, конечная цель полного уничтожения вируса гриппа недостижима, а возможность появления новых и уникальных вирусов из резервуара диких птиц является постоянной угрозой.

Таким образом, очевидно, что в борьбе с данным инфекционным заболеванием необходим комплексный подход. В частности, важным является сбор и анализ информации как о циркулирующих в настоящее время и зарегистрированных ранее вариантах вируса гриппа, выявленных в популяциях диких птиц, так и о штаммах, которые вызывали вспышки заболевания среди домашних птиц. 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 эпизоотологическом аспекте высокопатогенных вариантов вируса гриппа птиц в России и мире за 2020 г.

Ситуация по высокопатогенному гриппу в мире. В 2020 г. в мире сохранялась неблагоприятная ситуация по заболеваемости гриппом птиц, вызванным высокопатогенными вирусными штаммами, и связанная с более широким, чем в 2019 г., распространением эпидемиологически и эпизоотологически значимых вариантов вируса. В ряде стран зафиксированы вспышки среди диких и домашних птиц, а также случаи инфицирования человека, вызванные различными вариантами вируса гриппа подтипа А/Н5 линии Gs/Gd. За истекший год более 30 стран заявили о вспышках среди дикой и домашней птицы (таблица) [26, 27]. Наиболее широкое распространение в 2020 г. имели вирусы гриппа клад 2.3.4.4. При этом основное количество вспышек среди дикой и домашней птицы было вызвано вирусами гриппа подтипа А/Н5N8 клад 2.3.4.4b и зарегистрировано во многих странах Европы, на Ближнем Востоке и в Юго-Восточной Азии. Вспышки регистрировались в течение всего года и нанесли серьезный экономический ущерб. Погибли или уничтожены в результате принятых противоэпизоотических мер миллионы голов сельскохозяйственной птицы – кур, уток, индюков [28]. Так, только за период с августа по декабрь 2020 г. в Европе зарегистрировано более 40 вспышек, в результате которых уничтожено более 2,5 млн голов птицы. Надо сказать, что за 2020 г., как и за весь период циркуляции вирусов гриппа подтипа А/Н5N8, не зарегистрировано ни одного случая заболевания человека.

Помимо широкой циркуляции вируса гриппа подтипа А/Н5N8, в некоторых странах также зарегистрирована циркуляция других представителей клад 2.3.4.4b. Так, в Великобритании, Германии, Дании, Италии, Словакии, Франции, Швеции, а также России зарегистрированы вспышки среди диких

**Данные ВОЗ и ОИЕ по циркуляции вируса гриппа А/Н5 в 2020 г.
WHO and OIE data on influenza virus A/H5 circulation in 2020**

Страна Country	Хозяин Host	Генетическая линия вируса Н5 Genetic clade of H5
Бангладеш / Bangladesh	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4h (H5N6) 2.3.2.1a (H5N1)
Бельгия / Belgium	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8) 2.3.4.4b (H5N8)
Великобритания / Great Britain	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N2/5/N8) 2.3.4.4b (H5N8)
Венгрия / Hungary	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8) 2.3.4.4b (H5N8)
Вьетнам / Vietnam	с.-х. птица / poultry	2.3.2.1c (H5N1), 2.3.4.4h (H5N6), 2.3.4.4g (H5N6)
Германия / Germany	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N5/N8) 2.3.4.4b (H5N5/N8)
Гонконг / Hong Kong	дикая птица / wild birds	(H5N8)
Дания / Denmark	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N5/N8) 2.3.4.4b (H5N8)
Израиль / Israel	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8) 2.3.4.4b (H5N8)
Индия / India	с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8), 2.3.2.1a (H5N1)
Ирак / Iraq	с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8)
Иран / Iran	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8) 2.3.4.4b (H5N8)
Ирландия / Ireland	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8) 2.3.4.4b (H5N8)
Испания / Spain	дикая птица / wild birds	2.3.4.4b (H5N8)
Италия / Italy	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N2/3/5/8) 2.3.4.4b (H5N8)
Казахстан / Kazakhstan	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8) 2.3.4.4b (H5N8)
Камбоджа / Cambodia	с/х птица / poultry	2.3.2.1c (H5N1)
Китай / China	человек (1) / human case (1) с.-х. птица / poultry дикая птица / wild birds	2.3.4.4h, (H5N6), 2.3.4.4h (H5N6), 2.3.2.1f (H5N1) 2.3.4.4c (H5N2/5) 2.3.4.4h (H5N8)
Корея / Korea	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8) 2.3.4.4b (H5N8)
Кувейт / Kuwait	с.-х. птица / poultry	(H5N8)
Лаос / Laos	человек (1) / human case (1) с.-х. птица / poultry	2.3.2.1c (H5N1) (H5N1)
Литва / Lithuania	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	(H5N8) (H5N8)
Нидерланды / Netherlands	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8) 2.3.4.4b (H5N8)
Норвегия / Norway	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	(H5N8) (H5N8)
Польша / Poland	с.-х. птица / poultry дикая птица / wild birds	2.3.4.4b (H5N8/N6) 2.3.4.4b (H5N8)
Россия / Russia	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8) 2.3.4.4b (H5N8/N5)
Сенегал / Senegal	с.-х. птица / poultry	(H5N1)
Словакия / Slovakia	с.-х. птица / poultry	(H5N8)
Словения / Slovenia	дикая птица / wild birds	(H5N5/N8)
Тайвань / Taiwan	с.-х. птица / poultry	2.3.4.4c (H5N2/5)
Украина / Ukraine	с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8)
Филиппины / Philippines	с.-х. птица / poultry	(H5N6)
Финляндия / Finland	с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8)
Франция / France	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8) 2.3.4.4b (H5N5/8)
Хорватия / Croatia	с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8)
Чехия / Czech Republic	с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8)
Швеция / Sweden	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N5/8) 2.3.4.4b (H5N5/8)
Япония / Japan	дикая птица / wild birds с.-х. птица / poultry	2.3.4.4b (H5N8) 2.3.4.4b (H5N8)

и домашних птиц, вызванные вирусом гриппа подтипа А/Н5N5 [29]. Циркуляция вируса гриппа подтипа А/Н5N5, а также подтипа А/Н5N2 зарегистрирована и на Тайване, при этом случаи заболеваний были вызваны другим антигенным вариантом вируса, который относился к кладе 2.3.4.4с. Следует отметить, что оба циркулирующие на Тайване варианта вируса гриппа – А/Н5N2 и А/Н5N5 – генетически отличаются от аналогичных подтипов вируса, циркулировавших в 2020 г. в Италии и Великобритании, и формируют отдельную тайваньскую линию этих вирусов [30]. Циркуляция подобного вируса также отмечена в Китае.

В 2020 г. отмечено распространение другого варианта вируса гриппа клады 2.3.4.4. Так, во Вьетнаме, Камбодже, Бангладеш и на Филиппинах зафиксированы вспышки, вызванные вирусом гриппа А/Н5N6 генетической клады 2.3.4.4h. Территории вышеуказанных стран являются эндемичным регионом по данному варианту вируса гриппа, который циркулирует там на протяжении нескольких последних лет. Надо сказать, что в Китае в 2020 г. зафиксирована циркуляция разнообразных генетических вариантов высокопатогенного вируса гриппа А/Н5, которые в том числе являлись причиной нескольких случаев заболевания человека. Так, за последнее время в Китае зарегистрирован один новый случай заражения человека вирусом гриппа А/Н5N6 [26, 27, 31]. Всего на сегодняшний день опубликованы данные о 27 лабораторно подтвержденных случаях заболевания человека, вызванного вирусом гриппа А/Н5N6 [32]. Еще один случай заболевания человека зарегистрирован в Лаосе. Данный случай вызван вирусом гриппа подтипа А/Н5N1. Всего зарегистрировано 862 случая заражения людей вирусом гриппа подтипа А/Н5N1, 455 из которых имели летальный исход [31].

Если говорить о распространении других эпидемиологически и эпизоотологически важных подтипов вируса гриппа, то в 2020 г. не зарегистрировано ни одной вспышки среди диких или домашних птиц, вызванной вирусом гриппа подтипа А/Н7N9. Последняя вспышка зарегистрирована в марте 2019 г. в провинции Ляонин, Китай [29]. Очевидно, что это результат масштабной программы вакцинации сельскохозяйственной птицы, начатой в сентябре 2017 г., после чего регистрировались только отдельные, спорадические случаи инфицирования. Также за исследуемый период не зарегистрировано ни одного случая заболевания человека в результате заражения вирусом гриппа А/Н7N9. С февраля 2013 г. по настоящее время зарегистрировано 1568 случаев заражения человека, 615 из которых имели летальный исход [33].

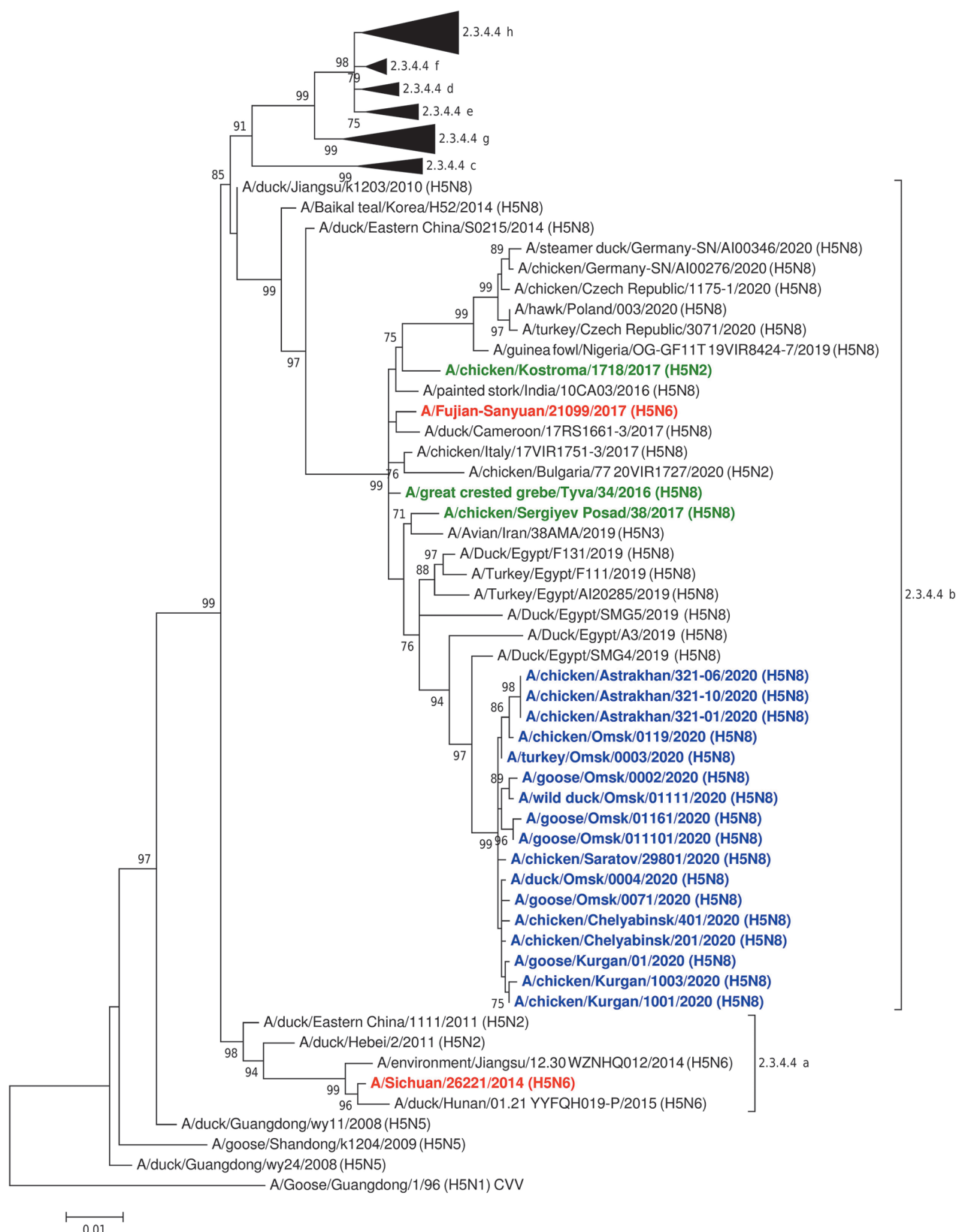
В 2020 г. выявлено семь новых случаев заболевания людей, вызванного вирусом гриппа подтипа А/Н9N2 [32]. Все они зарегистрированы на территории Китая. Случаев инфекции А/Н9N2 с летальным исходом среди них не выявлено. За все время исследований зарегистрировано 68 лабораторно подтверж-

денных случаев, из которых только один закончился смертью, и все они зарегистрированы в странах Юго-Восточной Азии (57 – в Китае, 4 – в Египте, 3 – в Бангладеш и по одному случаю в Индии, Омане, Пакистане и Сенегале) [34]. Надо сказать, что в июле 2020 г. была опубликована научная статья, в которой сообщалось о 16 новых случаях инфекции среди людей, вызванной вирусом гриппа А/Н9N2, однако позднее данная работа была отозвана, вероятно, по причине того, что информация оказалась недостоверной [35]. Тем не менее, учитывая, что вирус гриппа подтипа А/Н9N2 является эндемичным во многих странах Азии, Ближнего Востока и Африки и риск возникновения новых вспышек сохраняется, мониторингу распространения данного подтипа вируса необходимо уделять особое внимание.

Ситуация по высокопатогенному гриппу в России. В 2020 г. в России, так же как в странах Европы и Азии, отмечено широкое распространение высокопатогенного вируса гриппа. В отличие от относительно спокойного периода в 2019 г. [36], когда в январе были зарегистрированы только две вспышки инфекционной болезни, вызванной вирусом гриппа А/Н5N8 среди сельскохозяйственной птицы в Ростовской области, в 2020 г. зафиксировано резкое расширение географии распространения вируса и связанное с ним значительное количество вспышек на птицефабриках, а также среди диких птиц, по масштабу сравнимое со вспышками вызванного высокопатогенным вирусом гриппа, которые зарегистрированы в период 2017–2018 гг. [37, 38].

Так, в феврале 2020 г. на территории ПАО «Челябинская птицефабрика» зарегистрирован падеж сельскохозяйственной птицы. В результате исследования в биоматериале от павших кур выявлена РНК вируса гриппа А. После доставки биоматериала из ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Челябинской области» в ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» нами методом ПЦР в режиме реального времени подтверждено наличие РНК вируса гриппа А/Н9N2. К сожалению, выделить вирус из биоматериала от птиц не удалось, поэтому информация о биологических свойствах этого вируса недоступна. Затем до июля 2020 г. на территории России не регистрировалось вспышек, вызванных вирусом гриппа птиц, или случаев циркуляции вируса гриппа.

В августе на территории Омской области зарегистрирован падеж домашней птицы на частных подворьях. Установлено, что гибель птицы вызвана высокопатогенным вариантом вируса гриппа А/Н5N8. Впоследствии вспышки заболевания регистрировались и на птицефабриках. Сообщения о гибели птицы поступили не менее чем из десяти районов Омской области. Затем вирус гриппа А/Н5N8 распространился в соседние регионы. В августе – сентябре 2020 г. сообщения о гибели диких и домашних птиц поступали из Томской, Тюменской, Курганской и Челябинской областей, после чего вирус был занесен на юг России. В период с сентября по декабрь 2020 г. поступали сообщения о вспышках в Саратовской,



Филогенетическое дерево гена HA штаммов вируса гриппа A/H5Nx. Штаммы, выделенные в России в 2020 г., отмечены синим цветом. Штаммы, выделенные в России ранее, – зеленым. Кандидатные вакцинные штаммы, использованные для определения генетических групп/подгрупп, выделены красным. Филогенетическое дерево построено с помощью программного обеспечения MEGA версии 6.0 (www.megasoftware.net) с использованием метода neighbor-joining (1000 повторов) с Kimura 2-parameter model

Phylogenetic tree of the HA gene of A/H5Nx virus strains. Strains isolated in Russia in 2020 are indicated by blue color. Viruses previously isolated in Russia are indicated by green. Candidate vaccine strains used for the identification of genetic groups/subgroups are marked with red. The tree was constructed using MEGA 6.06 software (www.megasoftware.net) using neighbor-joining method (1000 replicates) with Kimura 2-parameter model

Костромской, Ростовской, Астраханской областях, Краснодарском и Ставропольском краях и Республике Северная Осетия – Алания.

Филогенетический анализ гена НА вновь выделенных в России штаммов А/Н5N8 определил высокую степень их идентичности и принадлежность к кладе 2.3.4.4b (рисунок). Исследование штаммов показало их высокую степень идентичности со штаммами, циркулировавшими в европейских странах и Африке, а также на территории Российской Федерации в предыдущие годы. Также вирусы, выделенные в России, находятся в одной группе с кандидатным вакцинным штаммом, рекомендованным ВОЗ.

Вспышки инфекционного заболевания, вызванного вирусами гриппа, зарегистрированные на территории Российской Федерации, очевидно, нанесли существенный экономический ущерб. Количество зарегистрированных вспышек превышает 50, и их число продолжает расти [28]. Так, например, в январе – феврале 2021 г. уже зарегистрировано несколько вспышек на территории Российской Федерации [39, 40]. За период с июля по декабрь 2020 г. погибло и/или уничтожено более 1,5 млн голов сельскохозяйственной птицы, не считая случаев гибели различных видов дикой птицы [28].

Прогноз развития ситуации по высокопатогенному вирусу гриппа в России. С учетом вышесказанного становится очевидным, что текущая ситуация по распространению высокопатогенных вариантов вируса гриппа остается неблагоприятной. Продолжающиеся вспышки, вызванные высокопатогенными вирусами гриппа в России и различных регионах мира, представляют угрозу сельскому хозяйству и общественному здравоохранению ввиду возможного распространения высокопатогенных вариантов вируса в будущем. Так, при прогнозировании ситуации по гриппу необходимо учитывать пути миграции диких птиц как основных хозяев вируса гриппа [7, 8] и усиливать противоэпизоотические и противоэпидемические мероприятия во время сезонных миграций в регионах, над которыми проходят основные пролетные пути диких птиц [12].

Несмотря на то, что циркуляция вируса гриппа А/Н5N1 в 2020 г. ограничивалась только несколькими эндемичными регионами, в весенний период 2021 г. может сохраняться возможность заноса вируса гриппа птиц А/Н5N1 на территорию Российской Федерации из этих очагов, располагающихся в странах Африки, в частности в Египте, и Юго-Восточной Азии, где наблюдается циркуляция различных вариантов вирусов гриппа клады 2.3.2.1. В связи с этим по восточноафриканскому или черноморскому пролетному пути данные вирусы с дикими птицами могут проникнуть в европейскую часть России. По восточно- или центральноазиатскому пролетному пути вирусы гриппа А/Н5N1 могут проникнуть на территорию Сибири и Дальнего Востока.

Широко распространившиеся за последний год варианты вируса гриппа клады 2.3.4.4, такие как А/Н5N8, А/Н5N6, А/Н5N5, представляют в настоя-

щее время наибольшую угрозу для сельского хозяйства и общественного здравоохранения России. Данные вирусы могут быть повторно занесены из стран Африки, Европы и Ближнего Востока на территорию европейской части России, а также на территорию Дальнего Востока из эндемичных очагов стран Юго-Восточной Азии.

Ситуация по гриппу в осенний период 2021 г. будет зависеть от ситуации весной 2021 г., а также многих других факторов, участвующих в экологии высокопатогенного вируса гриппа птиц. Так, необходимо постоянно вести информационный мониторинг ситуации по гриппу в соседствующих с Россией странах и усиливать мониторинговые исследования в пограничных регионах для раннего обнаружения циркулирующих вариантов вируса гриппа птиц. В случае выявления вируса гриппа или вспышек заболевания среди дикой или домашней птицы, вызванных его высокопатогенными вариантами, необходимо укреплять межведомственное взаимодействие, а также принимать незамедлительные ответные противоэпизоотические и противоэпидемические меры, которые, возможно, позволят предотвратить распространение высокопатогенного гриппа птиц в России.

Финансирование. Исследование проводилось в рамках выполнения государственного задания ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора «Мониторинг вируса гриппа птиц и животных».

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

Список литературы

1. Sreenivasan C.C., Thomas M., Kaushik R.S., Wang D., Li F. Influenza A in bovine species: a narrative literature review. *Viruses*. 2019; 11(6):561. DOI: 10.3390/v11060561.
2. Krammer F., Smith G.J.D., Fouchier R.A.M., Peiris M., Kedzierska K., Doherty P.C., Palese P., Shaw M.L., Treanor J., Webster R.G., Garcia-Sastre A. Influenza. *Nat. Rev. Dis. Primers*. 2018; 4(1):3. DOI: 10.1038/s41572-018-0002-y.
3. 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. USA*. 2012; 109(11):4269–74. DOI: 10.1073/pnas.1116200109.
4. 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.
5. Yoon S.W., Webby R.J., Webster R.G. Evolution and ecology of influenza A viruses. *Curr. Top. Microbiol. Immunol.* 2014; 385:359–75. DOI: 10.1007/82_2014_396.
6. 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.
7. 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.
8. Webster R.G., Hulse D.J. Microbial adaptation and change: avian influenza. *Rev. Sci. Tech.* 2004; 23(2):453–465. DOI: 10.20506/rst.23.2.1493.
9. Tumpey T.M., Maines T.R., Van Hoeven N., Glaser L., Solórzano A., Pappas C., Cox N.J., Swayne D.E., Palese P., Katz J.M., Garcia-Sastre A. A two-amino acid change in the hemagglutinin of the 1918 influenza virus abolishes transmission. *Science*. 2007; 315(5812):655–59. DOI: 10.1126/science.1136212.

10. Abdelwhab el-S.M., Veits J., Mettenleiter T.C. Genetic changes that accompanied shifts of low pathogenic avian influenza viruses toward higher pathogenicity in poultry. *Virulence*. 2013; 4(6):441–52. DOI: 10.4161/viru.25710.
11. Lee C.W., Senne D.A., Suarez D.L. Effect of vaccine use in the evolution of Mexican lineage H5N2 avian influenza virus. *J. Virol.* 2004; 78(15):8372–81. DOI: 10.1128/JVI.78.15.8372-8381.2004.
12. 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.
13. Smith G.J.D., Donis R.O., World Health Organization/World Organization for Animal Health/Food and Agriculture Organization (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.
14. Olsen B., Munster V.J., Wallensten A., Waldenström J., Osterhaus A.D., Fouchier R.A. Global patterns of influenza A virus in wild birds. *Science*. 2006; 312(5772):384–8. DOI: 10.1126/science.1122438.
15. Easterday B.C., Trainer D.O., Tümová B., Pereira H.G. Evidence of infection with influenza viruses in migratory waterfowl. *Nature*. 1968; 219(5153):523–4. DOI: 10.1038/219523a0.
16. Downie J.C., Laver W.G. Isolation of a type A influenza virus from an Australian pelagic bird. *Virology*. 1973; 51(2):259–69. DOI: 10.1016/0042-6822(73)90426-1.
17. Downie J.C., Webster R.G., Schild G.C., Dowdle W.R., Laver W.G. Characterization and ecology of a type A influenza virus isolated from a sheawater. *Bull. World Health Organ.* 1973; 49(6):559–66.
18. 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.
19. 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.
20. 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.
21. Brown J.D., Stallknecht D.E., Swayne D.E. Experimental infection of swans and geese with highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) of Asian lineage. *Emerg. Infect. Dis.* 2008; 14(1):136–42. DOI: 10.3201/eid1401.070740.
22. 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.
23. Scotch M., Lam T.T., Pablonia K.L., Anderson T., Baroch J., Kohler D., DeLiberto T.J. Diffusion of influenza viruses among migratory birds with a focus on the Southwest United States. *Infect. Genet. Evol.* 2014; 26:185–93. DOI: 10.1016/j.meegid.2014.05.029.
24. Tian H., Zhou S., Dong L., Van Boeckel T.P., Cui Y., Newman S.H., Takekawa J.Y., Prosser D.J., Xiao X., Wu Y., Cazelles B., Huang S., Yang R., Grenfell B.T., Xu B. Avian influenza H5N1 viral and bird migration networks in Asia. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 2015; 112(1):172–7. DOI: 10.1073/pnas.1405216112.
25. Gonzalez-Reiche A.S., Müller M.L., Ortiz L., Córdón-Rosales C., Perez D.R. Prevalence and diversity of low pathogenicity avian influenza viruses in wild birds in Guatemala, 2010–2013. *Avian Dis.* 2016; 60(1 Suppl):359–64. DOI: 10.1637/11130-050715-Reg.
26. World Health Organization (WHO). Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza viruses and candidate vaccine viruses developed for potential use in human vaccines. [Электронный ресурс]. URL: https://www.who.int/influenza/vaccines/virus/202002_zoonotic_vaccinevirusupdate.pdf?ua=1 (дата обращения 10.02.2021).
27. World Health Organization (WHO). Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza viruses and candidate vaccine viruses developed for potential use in human vaccines. [Электронный ресурс]. URL: https://www.who.int/influenza/vaccines/virus/202009_zoonotic_vaccinevirusupdate.pdf?ua=1 (дата обращения 10.02.2021).
28. World organization for animal health (OIE). Update on highly pathogenic avian influenza in animals (type h5 and h7). Paris: OIE; 2020. [Электронный ресурс]. URL: <http://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/update-on-avian-influenza/2020/> (дата обращения 31.01.2020).
29. European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control and European Union Reference Laboratory for Avian Influenza; Adlhoch C., Fusaro A., Gonzales J.L., Kuiken T., Marangon S., Niqueux E., Staubach C., Terregino C., Baldinelli F. Avian influenza overview August – December 2020. *EFSA J.* 2020; 18(12):e06379. DOI: 10.2903/j.efsa.2020.6379.
30. Li Y.T., Chen C.C., Chang A.M., Chao D.Y., Smith G.J.D. Co-circulation of both low and highly pathogenic avian influenza H5 viruses in current poultry epidemics in Taiwan. *Virus Evol.* 2020; 6(1):veaa037. DOI: 10.1093/ve/veaa037.
31. World Health Organization (WHO). Cumulative number of confirmed human cases of avian influenza A(H5N1) reported to WHO. [Электронный ресурс]. URL: https://www.who.int/influenza/human_animal_interface/H5N1_cumulative_table_archives/en/ (дата обращения 10.02.2021).
32. World Health Organization (WHO), 2020. Avian Influenza Weekly Update Number 777. WHO, Geneva. 3 p. [Электронный ресурс]. URL: https://www.who.int/docs/default-source/wpro---documents/emergency/surveillance/avian-influenza/ai-20210129.pdf?sfvrsn=c0382d50_86 (дата обращения 10.02.2021).
33. World Health Organization (WHO), 2019. Influenza at the human-animal interface – Summary and assessment, 24 October to 9 December 2020. Geneva. 6 p. [Электронный ресурс]. URL: https://www.who.int/influenza/human_animal_interface/Influenza_Summary_IRA_HA_interface_09_12_2020.pdf?ua=1 (дата обращения 10.02.2021).
34. European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control and European Union Reference Laboratory for Avian Influenza; Adlhoch C., Fusaro A., Kuiken T., Niqueux E., Staubach C., Terregino C., Muñoz Guajardo I., Baldinelli F. Avian influenza overview May – August 2020. *EFSA J.* 2020; 18(9):e06270. DOI: 10.2903/j.efsa.2020.6270.
35. Dong X., Xiong J., Huang C., Xiang J., Wu W., Chen N., Wen D., Tu C., Qiao X., Kang L., Yao Z., Zhang D., Chen Q. RETRACTED ARTICLE: Human H9N2 Avian influenza infection: Epidemiological and clinical characterization of 16 cases in China. *Virol. Sin.* 2020; 1–4. Advance online publication. DOI: 10.1007/s12250-020-00248-9.
36. Марченко В.Ю., Гончарова Н.И., Tran Thi Nhay, Trinh Khac Sau, Nguyen Ngoc Quyen, Гаврилова Е.В., Максютов 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.
37. Марченко В.Ю., Суслопаров И.М., Игнатьев В.Э., Гаврилова Е.В., Максютов Р.А., Рыжиков А.Б. Обзор ситуации по высокопатогенному вирусу гриппа птиц субтипа H5 в России в 2016–2017 гг. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2018; 1:30–35. DOI: 10.21055/0370-1069-2018-1-30-35.
38. Марченко В.Ю., Гончарова Н.И., Евсеев В.А., Суслопаров И.М., Гаврилова Е.В., Максютов Р.А., Рыжиков А.Б. Обзор эпидемиологической ситуации по высокопатогенному вирусу гриппа птиц в России в 2018 г. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2019; 1:42–49. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-1-42-49.
39. World organization for animal health (OIE). Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) Report N° 20: December 25 to January 14, 2021. Paris: OIE; 2020. [Электронный ресурс]. URL: https://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Animal_Health_in_the_World/docs/pdf/OIE_AI_situation_report/HPAI_asof14012021.pdf (дата обращения 24.03.2020).
40. World organization for animal health (OIE). Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) Report N° 21: January 15 to February 04, 2021. Paris: OIE; 2020. [Электронный ресурс]. URL: https://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Animal_Health_in_the_World/docs/pdf/OIE_AI_situation_report/HPAI_asof04022021.pdf (дата обращения 24.03.2020).

References

1. Sreenivasan C.C., Thomas M., Kaushik R.S., Wang D., Li F. Influenza A in bovine species: a narrative literature review. *Viruses*. 2019; 11(6):561. DOI: 10.3390/v11060561.
2. Krammer F., Smith G.J.D., Fouchier R.A.M., Peiris M., Kedzierska K., Doherty P.C., Palese P., Shaw M.L., Treanor J., Webster R.G., Garcia-Sastre A. Influenza. *Nat. Rev. Dis. Primers*. 2018; 4(1):3. DOI: 10.1038/s41572-018-0002-y.
3. Tong S., Li Y., Rivaller P., Conrardy C., Castillo D.A., Chen L.M., Recuenco S., Ellison J.A., Davis C.T., York I.A., Turmelle A.S., Moran D., Rogers S., Shi M., Tao Y., Weil M.R., Tang K., Rowe L.A., Sammons S., Xu X., Frace M., Lindblade K.A., Cox N.J., Anderson L.J., Rupprecht C.E., Donis R.O. A distinct lineage of influenza A virus from bats. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 2012; 109(11):4269–74. DOI: 10.1073/pnas.1116200109.
4. 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.
5. Yoon S.W., Webby R.J., Webster R.G. Evolution and ecology of influenza A viruses. *Curr. Top. Microbiol. Immunol.* 2014; 385:359–75. DOI: 10.1007/82_2014_396.
6. 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.

7. 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.

8. Webster R.G., Hulse D.J. Microbial adaptation and change: avian influenza. *Rev. Sci. Tech.* 2004; 23(2):453–465. DOI: 10.20506/rst.23.2.1493.

9. Tumpey T.M., Maines T.R., Van Hoeven N., Glaser L., Solórzano A., Pappas C., Cox N.J., Swayne D.E., Palese P., Katz J.M., García-Sastre A. A two-amino acid change in the hemagglutinin of the 1918 influenza virus abolishes transmission. *Science.* 2007; 315(5812):655–59. DOI: 10.1126/science.1136212.

10. Abdelwhab el-S.M., Veits J., Mettenleiter T.C. Genetic changes that accompanied shifts of low pathogenic avian influenza viruses toward higher pathogenicity in poultry. *Virulence.* 2013; 4(6):441–52. DOI: 10.4161/viru.25710.

11. Lee C.W., Senne D.A., Suarez D.L. Effect of vaccine use in the evolution of Mexican lineage H5N2 avian influenza virus. *J. Virol.* 2004; 78(15):8372–81. DOI: 10.1128/JVI.78.15.8372-8381.2004.

12. 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.

13. Smith G.J.D., Donis R.O., World Health Organization/World Organization for Animal Health/Food and Agriculture Organization (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.

14. Olsen B., Munster V.J., Wallensten A., Waldenström J., Osterhaus A.D., Fouchier R.A. Global patterns of influenza A virus in wild birds. *Science.* 2006; 312(5772):384–8. DOI: 10.1126/science.1122438.

15. Easterday B.C., Trainer D.O., Tümová B., Pereira H.G. Evidence of infection with influenza viruses in migratory waterfowl. *Nature.* 1968; 219(5153):523–4. DOI: 10.1038/219523a0.

16. Downie J.C., Laver W.G. Isolation of a type A influenza virus from an Australian pelagic bird. *Virology.* 1973; 51(2):259–69. DOI: 10.1016/0042-6822(73)90426-1.

17. Downie J.C., Webster R.G., Schild G.C., Dowdle W.R., Laver W.G. Characterization and ecology of a type A influenza virus isolated from a sheawater. *Bull. World Health Organ.* 1973; 49(6):559–66.

18. 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.

19. 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.

20. 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.

21. Brown J.D., Stallknecht D.E., Swayne D.E. Experimental infection of swans and geese with highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) of Asian lineage. *Emerg. Infect. Dis.* 2008; 14(1):136–42. DOI: 10.3201/eid1401.070740.

22. 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.

23. Scotch M., Lam T.T., Pablonia K.L., Anderson T., Baroch J., Kohler D., DeLiberto T.J. Diffusion of influenza viruses among migratory birds with a focus on the Southwest United States. *Infect. Genet. Evol.* 2014; 26:185–93. DOI: 10.1016/j.meegid.2014.05.029.

24. Tian H., Zhou S., Dong L., Van Boeckel T.P., Cui Y., Newman S.H., Takekawa J.Y., Prosser D.J., Xiao X., Wu Y., Cazelles B., Huang S., Yang R., Grenfell B.T., Xu B. Avian influenza H5N1 viral and bird migration networks in Asia. *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* 2015; 112(1):172–7. DOI: 10.1073/pnas.1405216112.

25. Gonzalez-Reiche A.S., Müller M.L., Ortiz L., Córdón-Rosales C., Perez D.R. Prevalence and diversity of low pathogenicity avian influenza viruses in wild birds in Guatemala, 2010–2013. *Avian Dis.* 2016; 60(1 Suppl):359–64. DOI: 10.1637/11130-050715-Reg.

26. World Health Organization (WHO). Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza viruses and candidate vaccine viruses developed for potential use in human vaccines. (Cited 10 Feb 2021). [Internet]. Available from: https://www.who.int/influenza/vaccines/virus/202002_zoonotic_vaccinevirusupdate.pdf?ua=1.

27. World Health Organization (WHO). Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza viruses and candidate vaccine viruses developed for potential use in human vaccines. (Cited 10 Feb 2021). [Internet]. Available from: https://www.who.int/influenza/vaccines/virus/202009_zoonotic_vaccinevirusupdate.pdf?ua=1.

28. World organization for animal health (OIE). Update on highly pathogenic avian influenza in animals (type h5 and h7). Paris: OIE; 2020. (Cited 21 Jan 2021). [Internet]. Available from: <http://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/update-on-avian-influenza/2020/>.

29. European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control and European Union Reference Laboratory for Avian Influenza; Adlhoch C., Fusaro A., Gonzales J.L., Kuiken T., Marangon S., Niqueux E., Staubach C., Terregino C., Baldinelli F. Avian influenza overview August – December 2020. *EFSA J.* 2020; 18(12):e06379. DOI: 10.2903/j.efsa.2020.6379.

30. Li Y.T., Chen C.C., Chang A.M., Chao D.Y., Smith G.J.D. Co-circulation of both low and highly pathogenic avian influenza H5 viruses in current poultry epidemics in Taiwan. *Virus Evol.* 2020; 6(1):veaa037. DOI: 10.1093/ve/veaa037.

31. World Health Organization (WHO). Cumulative number of confirmed human cases of avian influenza A(H5N1) reported to WHO. (Cited 10 Feb 2021) [Internet]. Available from: https://www.who.int/influenza/human_animal_interface/H5N1_cumulative_table_archives/en/.

32. World Health Organization (WHO), 2020. Avian Influenza Weekly Update Number 777. WHO, Geneva. 3 p. (Cited 10 Feb 2021). [Internet]. Available from: https://www.who.int/docs/default-source/wpro---documents/emergency/surveillance/avian-influenza/ai-20210129.pdf?sfvrsn=c0382d50_86.

33. World Health Organization (WHO), 2019. Influenza at the human-animal interface – Summary and assessment, 24 October to 9 December 2020. Geneva. 6 p. (Cited 10 Feb 2021). [Internet]. Available from: https://www.who.int/influenza/human_animal_interface/Influenza_Summary_IRA_HA_interface_09_12_2020.pdf?ua=1.

34. European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control and European Union Reference Laboratory for Avian Influenza; Adlhoch C., Fusaro A., Kuiken T., Niqueux E., Staubach C., Terregino C., Muñoz Guajardo I., Baldinelli F. Avian influenza overview May – August 2020. *EFSA J.* 2020; 18(9):e06270. DOI: 10.2903/j.efsa.2020.6270.

35. Dong X., Xiong J., Huang C., Xiang J., Wu W., Chen N., Wen D., Tu C., Qiao X., Kang L., Yao Z., Zhang D., Chen Q. RETRACTED ARTICLE: Human H9N2 avian influenza infection: Epidemiological and clinical characterization of 16 cases in China. *Virol. Sin.* 2020; 1–4. Advance online publication. DOI: 10.1007/s12250-020-00248-9.

36. Marchenko V.Yu., Goncharova N.I., Tran T.N., Trinh K.S., Nguyen N.Q., 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; 2:31–7. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-2-31-37.

37. Marchenko V.Yu., Suslopárov I.M., Ignat'ev V.E., Gavrilova E.V., Maksyutov R.A., Ryzhikov A.B. [Overview of the Situation on Highly Pathogenic Avian Influenza Virus H5 in Russia in 2016–2017]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2018; 1:30–5. DOI: 10.21055/0370-1069-2018-1-30-35.

38. Marchenko V.Yu., Goncharova N.I., Evseenko V.A., Suslopárov I.M., Gavrilova E.V., Maksyutov R.A., Ryzhikov A.B. [Overview of the Epidemiological Situation on Highly Pathogenic Avian Influenza Virus in Russia in 2018]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2019; 1:42–9. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-1-42-49.

39. World organization for animal health (OIE). Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) Report N° 20: December 25 to January 14, 2021. Paris: OIE; 2020. (Cited 24 Mar 2020). [Internet]. Available from: https://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Animal_Health_in_the_World/docs/pdf/OIE_AI_situation_report/HPAI_asof14012021.pdf.

40. World organization for animal health (OIE). Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) Report N° 21: January 15 to February 04, 2021. Paris: OIE; 2020. (Cited 24 Mar 2020). [Internet]. Available from: https://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Animal_Health_in_the_World/docs/pdf/OIE_AI_situation_report/HPAI_asof04022021.pdf.

Authors:

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

Об авторах:

Марченко В.Ю., Гончарова Н.И., 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.