

DOI: 10.21055/0370-1069-2023-1-48-55

УДК 916.921.5

В.Ю. Марченко, С.В. Святченко, Г.С. Онхонова, Н.И. Гончарова, А.Б. Рыжиков,
Р.А. Максютлов, Е.В. Гаврилова

Обзор эпизоотологической ситуации по высокопатогенному гриппу птиц в России и мире в 2022 г.

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

В статье рассмотрена современная ситуация по вызванному высокопатогенным вирусом гриппа птиц в 2022 г. и сделан прогноз возможного дальнейшего распространения вирусов на территории России. В 2022 г. в мире отмечена циркуляция широкого разнообразия вариантов вируса, имеющих важное эпизоотологическое и эпидемиологическое значение. Вспышки вызванного высокопатогенным вирусом гриппа птиц зарегистрированы более чем в 60 странах. Помимо этого, зафиксированы случаи инфицирования людей вирусами гриппа подтипов А(Н5Nх) и А(Н9N2). В России в 2022 г. зарегистрирована эпизоотия, которая затронула более 10 регионов европейской части и Дальнего Востока. Вспышки среди диких и домашних птиц были вызваны высокопатогенным вариантом вируса гриппа А(Н5N1) клад 2.3.4.4b, при этом среди циркулирующих на территории России вирусов выявлено генетическое и антигенное разнообразие. Таким образом, в очередной раз показана важная географическая роль территории России в глобальном распространении вируса гриппа птиц, что подчеркивает важность постоянного его мониторинга на территории нашей страны.

Ключевые слова: вирус гриппа птиц, мониторинг, эпизоотия, вспышки, H5N1, Россия.

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

Для цитирования: Марченко В.Ю., Святченко С.В., Онхонова Г.С., Гончарова Н.И., Рыжиков А.Б., Максютлов Р.А., Гаврилова Е.В. Обзор эпизоотологической ситуации по высокопатогенному гриппу птиц в России и мире в 2022 г. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2023; 1:48–55. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-1-48-55
Поступила 28.02.2023. Принята к публ. 14.03.2023.

V.Yu. Marchenko, S.V. Svyatchenko, G.S. Onkhonova, N.I. Goncharova, A.B. Ryzhikov,
R.A. Maksyutov, E.V. Gavrilova

Review on the Epizootiological Situation on Highly Pathogenic Avian Influenza around the World and in Russia in 2022

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

Abstract. This paper describes the current situation on highly pathogenic avian influenza virus in 2022 and provides forecast of the possible further spread of avian influenza in Russia. In 2022, 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 caused by highly pathogenic avian influenza virus were reported in over 60 countries. In addition, human infections with influenza viruses of the A(H5Nx) and A(H9N2) subtypes were registered. There was a large-scale epizootic which affected more than 10 regions of the European part of Russia and the Russian Far East in 2022. Outbreaks among wild birds and poultry were caused by the highly pathogenic influenza virus A(H5N1) of the clade 2.3.4.4b, at the same time genetic and antigenic diversity was observed among viruses circulating in Russia. Thus, an essential geographical role of the territory of Russia in the global spread of avian influenza virus has been shown once again, which highlights the importance of continuous avian influenza virus surveillance in the country.

Key words: avian influenza virus, surveillance, epizooty, outbreaks, H5N1, Russia.

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

Funding: The study was conducted within the framework of the state task for the State Scientific Center of Virology and Biotechnology “Vector” of the Rospotrebnadzor “Monitoring of the avian and animal influenza virus”.

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

Citation: Marchenko V.Yu., Svyatchenko S.V., Onkhonova G.S., Goncharova N.I., Ryzhikov A.B., Maksyutov R.A., Gavrilova E.V. Review on the Epizootiological Situation on Highly Pathogenic Avian Influenza around the World and in Russia in 2022. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2023; 1:48–55. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2023-1-48-55
Received 28.02.2023. Accepted 14.03.2023.

Marchenko V.Yu., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1339-6732>
Svyatchenko S.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4573-5783>
Onkhonova G.S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1547-1708>

Ryzhikov A.B., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7009-0748>
Maksyutov R.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1314-281X>
Gavrilova E.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7118-5749>

Вирусы гриппа занимают особое место в эпидемиологии и эпизоотологии. Это достаточно известная и широко описанная группа инфекционных агентов, способных вызывать заболевание человека и множества видов животных. Вирусы гриппа относятся к семейству *Orthomyxoviridae*, которое включа-

ет четыре рода вирусов гриппа: *Alphainfluenzavirus*, *Betainfluenzavirus*, *Gammainfluenzavirus* и *Deltainfluenzavirus*, – каждый из которых представлен одним видом: *Alphainfluenzavirus influenzae* (вирус гриппа А), *Betainfluenzavirus influenzae* (вирус гриппа В), *Gammainfluenzavirus influenzae* (вирус гриппа С) и

Deltainfluenzavirus influenzae (вирус гриппа D) соответственно [1]. Вирусы гриппа А (ВГА) способны инфицировать значительное количество различных видов птиц и млекопитающих [2]. Вирусы гриппа В и С – это патогены человека, которые редко заражают другие виды, хотя сообщалось о заражении свиней и тюленей [3]. Вирус гриппа D способен вызывать респираторные заболевания у свиней и крупного рогатого скота [4, 5]. Благодаря глобальной распространенности и способности инфицировать наиболее широкий круг восприимчивых хозяев вирусы гриппа А являются особо важными членами своей таксономической группы и представляют серьезную угрозу сельскому хозяйству и общественному здравоохранению. Вирусы гриппа А подразделяются на подтипы на основании антигенных различий в поверхностных гликопротеинах. На сегодняшний день известно 18 подтипов гемагглютинина и 11 подтипов нейраминидазы ВГА, при этом 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 [6, 7]. Основную роль в циркуляции вируса гриппа в природе играют птицы отрядов гусеобразных (*Anseriformes*) и ржанкообразных (*Charadriiformes*) [8–10]. Большинство видов птиц, принадлежащих к этим отрядам, являются дальними мигрантами, способными преодолевать значительные расстояния, и, если учесть, что длительная адаптация вируса гриппа А к естественным хозяевам привела к возможности бессимптомного носительства, это создает предпосылки для глобального распространения данного инфекционного агента [11]. При этом благодаря своим генетическим особенностям вирус гриппа постоянно изменяется, приобретая уникальные мутации, которые способствуют не только его распространению, но и образованию генетических линий, клад и субклад, а также формированию различных вариантов вируса гриппа А [12]. Тем не менее среди широкого разнообразия вариантов данного инфекционного агента лишь определенные субтипы ВГА показали способность преодолевать межвидовой барьер и вызывать заболевание человека. Это обусловлено тем, что в процессе эволюции вируса гриппа возникают его новые, высокопатогенные для человека и животных варианты. Циркуляция таких вариантов вируса в популяциях восприимчивых хозяев может вызывать заболевание, часто с летальным исходом. Подтверждением этому служат масштабные эпизоотии среди сельскохозяйственных животных, наносящие колоссальный экономический ущерб, а также документированные случаи инфицирования человека и домашних животных высокопатогенными вирусами гриппа подтипов гемагглютинина H5 и H7, а также вирусами подтипа H9. На сегодняшний день зарегистрировано 868 случаев инфицирования человека вирусом гриппа А(Н5N1), 456 из которых

имели летальный исход [13]; 83 случая – вирусом гриппа А(Н5N6) (33 летальных); 1568 случаев – вирусом гриппа А(Н7N9) (615 летальных); 115 случаев – вирусом гриппа А(Н9N2), 2 из которых имели летальный исход [14].

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

В данной работе представлен анализ циркуляции наиболее важных в эпидемиологическом значении вариантов вируса гриппа птиц в России и мире за 2022 г.

Ситуация по вызванному высокопатогенным вирусом гриппу птиц в мире. В 2022 г. в мире отмечалась неблагоприятная эпидемиологическая ситуация по гриппу птиц. Зарегистрирован рост числа случаев заражения людей различными вариантами зоонозного вируса гриппа, а также отмечено расширение географии распространения этого вируса в сравнении с предыдущими годами [15]. Так, в 2022 г. зарегистрировано несколько случаев инфицирования людей различными вариантами вируса гриппа птиц. Зафиксировано 5 новых случаев заражения людей вирусами гриппа А(Н5N1) клады 2.3.4.4b. В январе 2022 г. поступило сообщение о впервые зарегистрированном случае, вызванном вирусом гриппа А(Н5N1), в Великобритании. Заражение человека произошло после тесного контакта с домашней птицей [16]. Затем в апреле 2022 г. впервые зарегистрирован случай выявления вируса гриппа А(Н5N1) у человека на территории США. У инфицированного человека наблюдалось легкое течение заболевания, а заражение произошло во время уничтожения птиц на птицефабрике, где была зафиксирована вспышка, вызванная вирусом гриппа А(Н5N1) [17]. Два случая выявления вируса гриппа А(Н5N1) у людей впервые зарегистрированы на территории Испании в сентябре и октябре 2022 г. Вирусы гриппа выявлены в биоматериале от сотрудников птицефабрики, на которой была зафиксирована гибель птиц, при этом никаких клинических признаков заболевания у людей не наблюдалось [18]. Также в октябре 2022 г. подтверждено еще два случая инфицирования людей вирусами гриппа А(Н5N1). Один случай, который имел летальный исход, зарегистрирован на территории Китая, второй – выявлен на территории Вьетнама, и здесь стоит отметить, что это первый зарегистрированный после 2014 г. случай инфицирования человека вирусом гриппа птиц в этой стране. Таким образом, в 2022 г. география случаев заражения людей вирусами гриппа А(Н5N1) была существенно расширена и на сегодняшний день насчитывает 21 страну [19].

Помимо случаев инфицирования людей вирусами гриппа A(H5N1), в 2022 г. зарегистрировано 16 случаев заражения людей вирусами гриппа A(H5N6), один из которых имел летальный исход. Все случаи зафиксированы на территории Китая и произошли после тесного контакта с домашней птицей. Также за прошлый год выявлено 10 новых случаев инфицирования людей вирусами гриппа A(H9N2), 9 из которых зарегистрированы на территории Китая, один – в Камбодже [19].

В эпизоотологическом плане ситуация также была напряженной. За прошедший год более чем в 60 странах Азии, Европы, Африки, Северной и Южной Америки зарегистрировано множество вспышек заболевания среди дикой и домашней птицы, вызванных различными вариантами высокопатогенного гриппа подтипа A(H5Nx) линии A/goose/Guangdong/1/96 [20, 21]. Только в Европе за 2022 г. зарегистрировано более 2500 вспышек среди сельскохозяйственной птицы на территориях 37 стран, в результате чего погибло или было уничтожено более 50 млн голов птиц. Также зарегистрировано более 3500 случаев выделения высокопатогенного вируса гриппа от диких птиц [19].

За прошедший год в мире отмечена циркуляция только двух клад вируса гриппа A(H5Nx) – 2.3.2.1 и 2.3.4.4, однако было представлено довольно широкое разнообразие подтипов вируса гриппа, которые вызывали вспышки. Так, вирусы гриппа A(H5N1) клады 2.3.2.1a зарегистрированы во время вспышек среди дикой и сельскохозяйственной птицы на территории Индии, Непала и Бангладеш, а представители того же подтипа клады 2.3.2.1c циркулировали в Камбодже и Вьетнаме. Представители клады 2.3.2.1e вызвали вспышки в Восточном Тиморе и Индонезии. Следует отметить, что в предыдущие годы вирусы гриппа A(H5N1) вышеуказанных клад так же регистрировались среди дикой и сельскохозяйственной птицы на территории этих стран [20, 21].

Наиболее широкое распространение в 2022 г. показали вирусы гриппа клады 2.3.4.4. При этом основное количество вспышек среди дикой и домашней птицы было вызвано вирусами гриппа подтипа A(H5N1) клады 2.3.4.4b и зарегистрировано во многих странах Европы, Азии, Африки, Северной и Южной Америки. Данный вариант вируса гриппа начал распространяться с осени 2021 г. и впоследствии практически вытеснил широко циркулировавший до этого вирус гриппа подтипа A(H5N8) клады 2.3.4.4b [22, 23]. В 2022 г. вспышки среди птиц, вызванные вирусом гриппа A(H5N8), зарегистрированы только в Албании, Израиле, Сербии, Египте, Ираке, а также в Китае, Вьетнаме, Камбодже и на Филиппинах, по сравнению с 2020 г., когда вирус гриппа A(H5N8) был зарегистрирован более чем в 30 странах Азии, Европы и Африки [22]. Новый вариант вируса гриппа A(H5N1) показал более широкую географию распространения. Начиная с декабря 2021 г. вспышки среди сельскохозяйственной птицы начали регистри-

роваться в США и Канаде, а затем и в других странах Северной и Южной Америки [15, 19].

Вспышки вируса гриппа A(H5N1) клады 2.3.4.4b 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, – при этом данный вариант вируса показал способность инфицировать большое количество видов млекопитающих. В 2022 г. зафиксировано увеличение числа случаев выявления вируса гриппа A(H5N1) среди млекопитающих на территории стран Европы и Северной Америки. Так, например, на территории Нидерландов, Бельгии, Норвегии, Словении, Финляндии и Ирландии зарегистрированы случаи заболевания и гибели обыкновенных лисиц (*Vulpes vulpes*), обыкновенных выдр (*Lutra lutra*), лесных и домашних хорьков (*Mustela putorius*, *Mustela furo*), а также обыкновенной рыси (*Lynx lynx*). При этом у некоторых вирусов гриппа A(H5N1), вызвавших гибель животных, выявлено наличие генетических маркеров адаптации к млекопитающим, описанных ранее [24–27]. На территории США и Канады зарегистрированы случаи инфицирования барибалов (*Ursus americanus*) и бурых медведей (*Ursus arctos*). Также впервые выявлены случаи инфицирования вирусами гриппа A(H5N1) клады 2.3.4.4b некоторых видов водных млекопитающих. На территории Швеции вирус выделен от морской свиньи (*Phocoena phocoena*), на территории США зарегистрирован случай инфицирования афалины (*Tursiops truncatus*), а на территории Канады выявлен случай инфицирования атлантического белобочного дельфина (*Lagenorhynchus acutus*) [19]. Стоит отдельно отметить вспышку, вызванную вирусом гриппа A(H5N1) клады 2.3.4.4b, которая была зарегистрирована на ферме по разведению американских норков (*Neovison vison*) на северо-западе Испании в октябре 2022 г. Данный случай показал, что новый вариант вируса способен эффективно передаваться от животного к животному, а анализ геномов выделенных вирусов показал наличие генетических маркеров адаптации и более эффективной репликации в организме млекопитающих. В результате данной вспышки уничтожено поголовье более чем в 50 тыс. животных [28].

Ситуация по вызванному высокопатогенным вирусом гриппу птиц в России. В настоящее время в России действует комплексная система мониторинга за высокопатогенным вирусом гриппа птиц. Данная система мониторинга регламентируется приказом Руководителя Роспотребнадзора от 30.09.2013 № 714 «Об организации мониторинга за циркуляцией вирусов гриппа птиц», а также приказом от 04.08.2016 № 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 (ЦГиЭ), деятельность которых регулируют три опорные базы, которыми являются управления 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» Роспотребнадзора для изоляции вируса гриппа, углубленного изучения и оценки его пандемического потенциала. В 2022 г. в рамках данной программы мониторинга за вирусом гриппа птиц совместно с региональными учреждениями Роспотребнадзора собрано и обследовано 12819 образцов биоматериала, из них 2598 образцов от диких птиц, 191 образец от свиней, 3317 образцов от домашних птиц и 6713 образцов от людей, по роду своей деятельности контактирующих с дикой или домашней птицей, включая 4042 пробы сывороток крови.

В 2022 г. в России наблюдалась неблагоприятная ситуация по вызванному высокопатогенным вирусом гриппу птиц. Так же как в странах Европы, Азии и Америки, на территории России зарегистрировано несколько вспышек среди птиц, которые были вызваны высокопатогенным вирусом гриппа А(Н5N1). Случаи заболевания и гибели сельскохозяйственных и диких птиц регистрировались в течение всего года и зафиксированы на территориях регионов европейской части России и Дальнего Востока. Так, в ходе мониторинга в феврале 2022 г. зарегистрирована вспышка на птицефабрике Ставропольского края. В марте на территории ФГБУ «Астраханский государственный заповедник» в Астраханской области выявлена гибель кудрявых пеликанов (*Pelecanus crispus*). В апреле 2022 г. вирусы гриппа А(Н5N1) выделены от павших ворон (*Corvus cornix*) на территории Хабаровского края. В июне вспышки гриппа зарегистрированы в личном подсобном хозяйстве в Рязанской области, а также среди черноголовых чаек (*Ichthyophaga melanocephalus*) на острове Малый Жемчужный в Астраханской области. В июле 2022 г. зарегистрированы повторные вспышки в личных подсобных хозяйствах Рязанской области, а также на территориях Курской, Орловской и Магаданской областей. В сентябре 2022 г. падеж сельскохозяйственной птицы зарегистрирован на птицефабриках и личных подсобных хозяйствах в Саратовской, Челябинской и Ростовской областях.

Также стоит отметить, что в биоматериале, полученном в сентябре 2022 г. из ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Республике Бурятия», подтверждено наличие РНК вируса гриппа А(Н9N2) в пробе от дикой птицы, а также РНК вируса гриппа А(Н1N1) в биоматериале от свиньи. К сожалению,

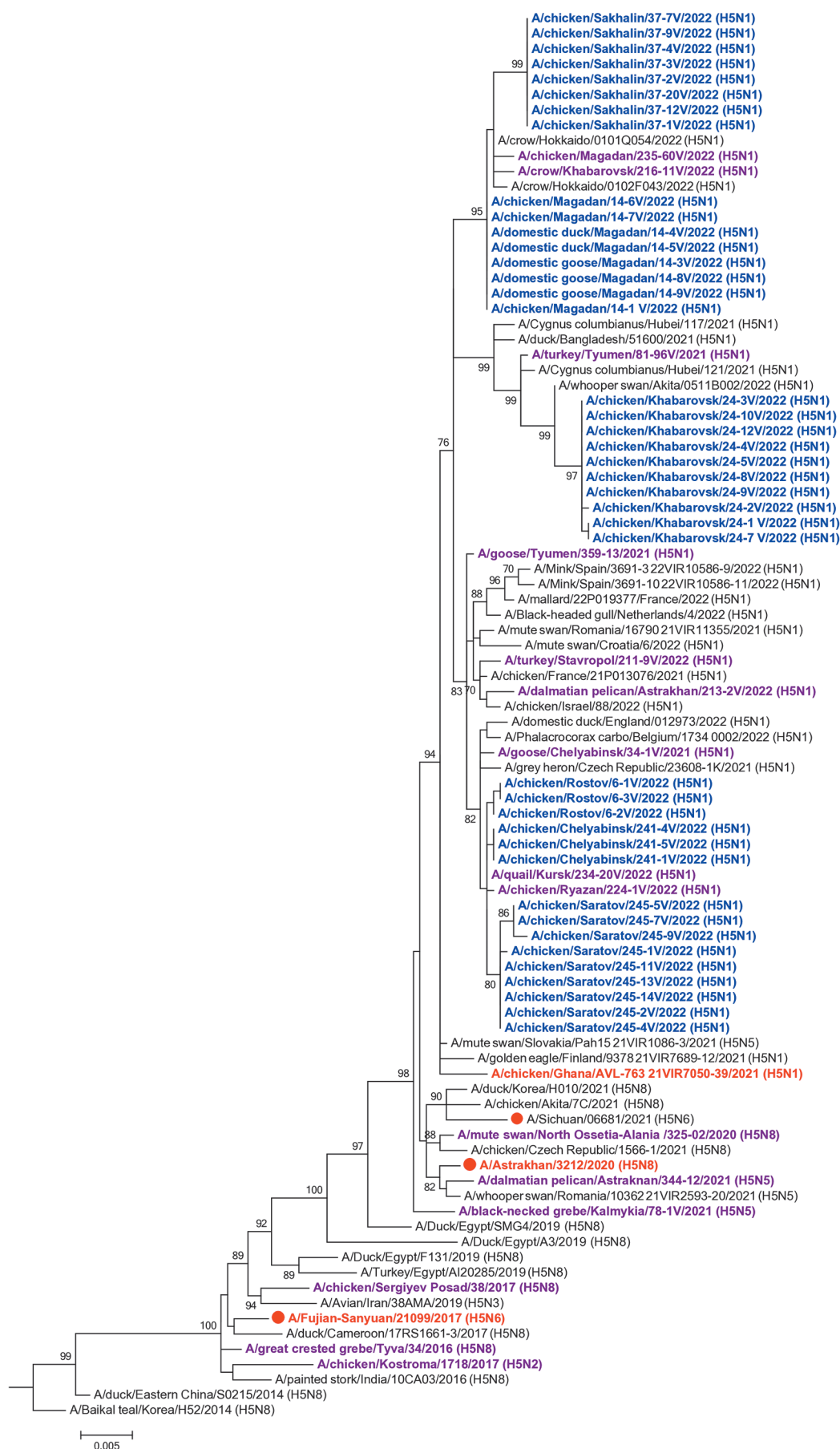
выделить и исследовать вирус из проб не удалось и информация о его молекулярно-генетических и вирусологических характеристиках недоступна. Тем не менее факт регистрации данных вирусов на территории России имеет важное эпидемиологическое и эпизоотологическое значение и говорит о необходимости проведения дополнительных мониторинговых исследований на указанной территории.

В IV квартале 2022 г. на территории Российской Федерации продолжились регистрироваться вспышки, вызванные вирусами гриппа птиц. В октябре гибель птиц зарегистрирована в личных подсобных хозяйствах на территории Магаданской и Саратовской областей, а также на птицефабрике в Хабаровском крае. В результате исследований в пробах выявлено и подтверждено наличие РНК вируса гриппа А(Н5N1). В ноябре 2022 г. зарегистрирован падеж среди кур на птицефабрике в Сахалинской области, а также зафиксирована повторная вспышка на территории Саратовской области.

По результатам исследований все описанные выше вспышки были вызваны высокопатогенным вирусом гриппа А(Н5N1) клады 2.3.4.4b, что подтверждается проведенным филогенетическим анализом, который указывает на высокую степень идентичности выделенных штаммов с кандидатными вакцинами штаммами A/Astrakhan/3212/2020 (H5N8) и A/chicken/Ghana/AVL-763_21 VIR7050-39/2021 (H5N1) клады 2.3.4.4b, рекомендованными Всемирной организацией здравоохранения (ВОЗ) (рисунок). При этом среди циркулирующих штаммов наблюдаются незначительные генетические отличия. Так, вирусы, выделенные на Дальнем Востоке России, находятся в одной группе со штаммами, циркулирующими в Азии, тогда как вирусы, выделенные в европейской части России, – в одной группе со штаммами, циркулирующими в Европе.

По данным сервиса GISAID FluSurver (<http://flusurver.bii.a-star.edu.sg>), исследованные штаммы имеют незначительное количество аминокислотных замен по сравнению с вышеуказанными кандидатными вакцинами штаммами и между собой. При этом выявленные мутации в исследованных штаммах могут отвечать за изменение антигенных свойств.

При исследовании антигенных свойств выделенных штаммов в реакции торможения гемагглютинации (РТГА) с использованием референс-антигенов и сывороток, полученных на кандидатные вакцинные штаммы, рекомендованные ВОЗ, а также на штаммы, циркулирующие в России, и эритроцитов индюка было показано, что выявленные вирусы гриппа А(Н5N1) имеют антигенные отличия от кандидатного вакцинного штамма A/Astrakhan/3212/2020 (H5N8), а также между собой. Так, сыворотка, полученная на штамм A/Astrakhan/3212/2020 (H5N8), хорошо распознает только вирусы, выделенные на территории Магаданской области. Сыворотка, полученная на штамм A/dalmatian pelican/Astrakhan/213-2V/2022 (H5N1), не проявляет высокую степень антигенного



Филогенетическое дерево гена HA штаммов вируса гриппа A/H5Nx класы 2.3.4.4b. Штаммы, выделенные в России в 2022 г., отмечены синим цветом. Штаммы, выделенные в России ранее, – фиолетовым. Кандидатные вакцинные штаммы, использованные для определения генетических групп/подгрупп, выделены красным. Филогенетическое дерево построено с помощью программного обеспечения MEGA X (www.megasoftware.net) с использованием метода neighbor-joining (1000 повторов) с Kimura 2-parameter model

Phylogenetic tree depicting the HA gene of A/H5Nx influenza virus strains, clade 2.3.4.4b. Newly characterized viruses isolated in Russia in 2022 are indicated by blue color. Viruses previously isolated in Russia – by purple color. Candidate vaccine strains used for the identification of genetic groups/subgroups are marked by red. The tree was constructed using MEGA X software (www.megasoftware.net) applying neighbor-joining method (1000 replicates) with Kimura 2-parameter model

родства с циркулирующими в России вирусами клады 2.3.4.4b (таблица).

При этом сыворотка, полученная на штамм A/chicken/Khabarovsk/24-1V/2022, хорошо распознавала вирусы, циркулировавшие как в европейской части России, так и на Дальнем Востоке. Таким образом было показано, что в 2022 г. в России циркулировали две группы европейских и азиатских вариантов вируса гриппа A(H5N1) клады 2.3.4.4b.

Нужно отметить, что по результатам исследований рецепторной специфичности циркулирующих вирусов с помощью метода поверхностного плазмонного резонанса и расчета равновесных констант диссоциации с клеточными рецепторами так называемо-

го «птичьего» типа (3'-Sialyl-N-acetylactosamine) и «человеческого» типа (6'-Sialyl-N-acetylactosamine) было показано, что все циркулировавшие в 2022 г. вирусы гриппа A(H5N1) имеют доминирующую специфичность к рецепторам типа $\alpha 2-3$, что не относит данные штаммы к потенциально опасным штаммам вируса гриппа в отношении человека и указывает на низкую степень риска распространения данных вирусов среди людей. В результате исследования биоматериала от людей, собранного в 2022 г., РНК вирусов гриппа птиц, в том числе H5, H7, H9-субтипа, не выявлено.

Прогноз развития ситуации по гриппу птиц в России. При анализе полученных данных становится

Результаты РТГА с вирусами гриппа A/H5Nx клады 2.3.4.4 с использованием эритроцитов индюка

Results of hemagglutination inhibition reaction with A/H5Nx viruses, clade 2.3.4.4, using turkey RBC

Вирусы Viruses	Подтип Subtype	Клада Clade	Референс-сыворотка хорька Reference ferret serum				
			A/gyrfalcon/ Washington/ 41088-6/2014	A/Astrakhan/ 3212/2020	A/chicken/ Vietnam/ NCVD- 15A59/2015	A/dalmatian pelican/ Astrakhan/ 213-2V/2022	A/chicken/ Khabarovsk/ 24-1V/2022
			2.3.4.4c	2.3.4.4b	2.3.4.4f	2.3.4.4b	2.3.4.4b
Референс-антиген / Reference antigens							
A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014	H5N8	2.3.4.4c	80	80	80	80	40
A/Astrakhan/3212/2020	H5N8	2.3.4.4b	40	40	40	40	80
A/chicken/Vietnam/NCVD-15A59/2015	H5N6	2.3.4.4f	80	80	160	80	160
A/dalmatian pelican/Astrakhan/213-2V/2022	H5N1	2.3.4.4b	160	160	160	160	320
A/chicken/Khabarovsk/24-1V/2022	H5N1	2.3.4.4b	<10	10	<10	20	160
Исследуемый антиген / Test antigens							
A/chicken/Chelyabinsk/241-1V/2022	H5N1	2.3.4.4b	10	<10	<10	40	80
A/chicken/Chelyabinsk/241-4V/2022	H5N1	2.3.4.4b	10	<10	10	40	80
A/chicken/Chelyabinsk/241-5V/2022	H5N1	2.3.4.4b	<10	<10	<10	40	80
A/chicken/Saratov/245-1V/2022	H5N1	2.3.4.4b	10	<10	<10	40	80
A/chicken/Saratov/245-2V/2022	H5N1	2.3.4.4b	<10	<10	<10	40	80
A/chicken/Saratov/245-5V/2022	H5N1	2.3.4.4b	10	10	10	40	80
A/chicken/Rostov-on-Don/6-1V/2022	H5N1	2.3.4.4b	<10	<10	<10	20	40
A/chicken/Rostov-on-Don/6-2V/2022	H5N1	2.3.4.4b	10	10	10	20	40
A/chicken/Rostov-on-Don/6-3V/2022	H5N1	2.3.4.4b	<10	<10	<10	20	80
A/chicken/Magadan/14-1V/2022	H5N1	2.3.4.4b	20	40	20	20	80
A/domestic goose/Magadan/14-3V/2022	H5N1	2.3.4.4b	20	20	10	20	40
A/domestic duck/Magadan/14-4V/2022	H5N1	2.3.4.4b	40	40	20	20	80
A/chicken/Magadan/14-7V/2022	H5N1	2.3.4.4b	20	40	20	20	80
A/chicken/Khabarovsk/24-1V/2022	H5N1	2.3.4.4b	<10	<10	<10	20	80
A/chicken/Khabarovsk/24-2V/2022	H5N1	2.3.4.4b	<10	<10	<10	20	160
A/chicken/Khabarovsk/24-5V/2022	H5N1	2.3.4.4b	<10	<10	<10	10	80
A/chicken/Khabarovsk/24-7V/2022	H5N1	2.3.4.4b	<10	<10	<10	20	160
A/chicken/Khabarovsk/24-8V/2022	H5N1	2.3.4.4b	<10	<10	<10	10	80
A/chicken/Sakhalin/37-1V/2022	H5N1	2.3.4.4b	20	20	<10	20	80
A/chicken/Sakhalin/37-2V/2022	H5N1	2.3.4.4b	<10	10	<10	10	40
A/chicken/Sakhalin/37-3V/2022	H5N1	2.3.4.4b	10	20	<10	20	80
A/chicken/Sakhalin/37-9V/2022	H5N1	2.3.4.4b	<10	20	<10	20	40
A/chicken/Sakhalin/37-20V/2022	H5N1	2.3.4.4b	10	10	<10	10	40

очевидным, что в 2022 г. ситуация по вызванному высокопатогенным вирусом гриппу птиц в России была напряженной. Вспышки среди дикой и сельскохозяйственной птицы, вызванные вирусами гриппа A(H5N1) клады 2.3.4.4b, зарегистрированные в 2022 г. в нескольких регионах Российской Федерации, свидетельствуют о возможном сохранении некоторых вариантов вируса на территории России, а также заносе на территорию нашей страны новых вариантов. Если говорить о возможных прогнозах распространения высокопатогенных вирусов гриппа птиц, то в настоящее время имеются данные о продолжающихся вспышках гриппа в странах Европы, Африки и Юго-Восточной Азии в местах зимовки диких перелетных птиц. Учитывая высокую возможность вирусов A(H5Nx) распространяться с дикими перелетными птицами, можно предположить повторный занос вируса вдоль Черноморско-Средиземноморского пролетного пути, охватывающего густонаселенные промышленные регионы европейской части России, на которых сосредоточены крупные птицеводческие предприятия. Традиционным началом миграции птиц в эти районы является март, затем птицы перемещаются к местам гнездования в полярных широтах России [29, 30]. Поэтому в весенний период 2023 г. можно ожидать повторного заноса вирусов A(H5N1) дикими птицами в регионы Южного федерального округа. Из Юго-Восточной Азии, где наблюдается циркуляция различных вариантов вирусов гриппа клады 2.3.2.1 и 2.3.4.4, по восточно- или центральноазиатскому пролетному пути вирусы гриппа A(H5Nx) могут проникнуть на территорию Сибири и Дальнего Востока.

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. 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.

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

Финансирование. Исследование проводилось в рамках выполнения государственного задания

ФБУН Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора «Мониторинг вируса гриппа птиц и животных».

References / Список литературы

1. The International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV). Virus Taxonomy: 2021 Release. (Cited 28 Feb 2023). [Internet]. Available from: <https://ictv.global/taxonomy>.
2. 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.
3. Osterhaus A.D., Rimmelzwaan G.F., Martina B.E., Bestebroer T.M., Fouchier R.A. Influenza B virus in seals. *Science*. 2000; 288(5468):1051–3. DOI: 10.1126/science.288.5468.1051.
4. Hause B.M., Collin E.A., Liu R., Huang B., Sheng Z., Lu W., Wang D., Nelson E.A., Li F. Characterization of a novel influenza virus in cattle and swine: proposal for a new genus in the *Orthomyxoviridae* family. *mBio*. 2014; 5(2):e00031-14. DOI: 10.1128/mBio.00031-14.
5. Collin E.A., Sheng Z., Lang Y., Ma W., Hause B.M., Li F. Circulation of two distinct genetic and antigenic lineages of proposed influenza D virus in cattle. *J. Virol.* 2015; 89(2):1036–42. DOI: 10.1128/JVI.02718-14.
6. 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(11):4269–74. DOI: 10.1073/pnas.1116200109.
7. 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.
8. 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. DOI: 10.1128/mr.56.1.152-179.1992.
9. 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.
10. 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.
11. 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.
12. 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.
13. World Health Organization. Cumulative number of confirmed human cases for avian influenza A(H5N1) reported to WHO, 2003–2023, 5 January 2023. (Cited 28 Feb 2023). [Internet]. Available from: [https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a\(h5n1\)-reported-to-who-2003-2022-5-jan-2023](https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a(h5n1)-reported-to-who-2003-2022-5-jan-2023).
14. World Health Organization. Avian Influenza Weekly Update Number 883. (Cited 28 Feb 2023). [Internet]. Available from: https://www.who.int/docs/default-source/wpro---documents/emergency/surveillance/avian-influenza/ai_20230217.pdf?sfvrsn=22ea0816_24#:~:text=To%20date%2C%20a%20total%20of,Western%20Pacific%20Region%20since%202014.
15. European Food Safety Authority; European Centre for Disease Prevention and Control; European Union Reference Laboratory for Avian Influenza; Adlhoch C., Fusaro A., Gonzales J.L., Kuiken T., Marangon S., Niqueux E., Staubach C., Terregino C., Guajardo I.M., Chuzhakina K., Baldinelli F. Avian influenza overview June – September 2022. *EFSA J.* 2022; 20(10):e07597. DOI: 10.2903/j.efsa.2022.7597.
16. Oliver I., Roberts J., Brown C.S., Byrne A.M., Mellon D., Hansen R., Banyard A.C., James J., Donati M., Porter R., Ellis J., Cogdale J., Lackenby A., Chand M., Dabrera G., Brown I.H., Zambon M. A case of avian influenza A(H5N1) in England, January 2022. *Euro Surveill.* 2022; 27(5):2200061. DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2022.27.5.2200061.
17. Centers for Disease Control and Prevention. U.S. Case of Human Avian Influenza A(H5) Virus Reported. (Cited 28 Feb 2023). [Internet]. Available from: <https://www.cdc.gov/media/releases/2022/s0428-avian-flu.html>.
18. World Health Organization. Avian Influenza A (H5N1) – Spain. [Internet]. Available from: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2022-DON420> (Cited 28 Feb 2023).

19. European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control, European Union Reference Laboratory for Avian Influenza; Adlhoch C., Fusaro A., Gonzales J.L., Kuiken T., Marangon S., Niqueux E., Staubach C., Terregino C., Aznar I., Guajardo I.M., Baldinelli F. Avian influenza overview September – December 2022. *EFSA J.* 2023; 21(1):e07786. DOI: 10.2903/j.efsa.2023.7786.
20. World Health Organization (WHO). Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza A viruses and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness. September 2022. (Cited 28 Feb 2023). [Internet]. Available from: https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/who-influenza-recommendations/vcm-southern-hemisphere-recommendation-2023/202209_zoonotic_vaccinupdate.pdf?sfvrsn=a91f123b_7.
21. World Health Organization (WHO). Genetic and antigenic characteristics of zoonotic influenza A viruses and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness. February 2023. (Cited 28 Feb 2023). [Internet]. Available from: https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/who-influenza-recommendations/vcm-northern-hemisphere-recommendation-2023-2024/20230224_zoonotic_recommendations.pdf?sfvrsn=38c739fa_4.
22. European Food Safety Authority; European Centre for Disease Prevention and Control; European Union Reference Laboratory for Avian Influenza; Adlhoch C., Fusaro A., Gonzales J.L., Kuiken T., Marangon S., Niqueux E., Staubach C., Terregino C., Aznar I., Muñoz Guajardo I., Baldinelli F. Avian influenza overview December 2021 – March 2022. *EFSA J.* 2022; 20(4):e07289. DOI: 10.2903/j.efsa.2022.7289.
23. European Food Safety Authority; European Centre for Disease Prevention and Control; European Union Reference Laboratory for Avian Influenza; Adlhoch C., Fusaro A., Gonzales J.L., Kuiken T., Marangon S., Niqueux E., Staubach C., Terregino C., Aznar I., Guajardo I.M., Baldinelli F. Avian influenza overview March – June 2022. *EFSA J.* 2022; 20(8):e07415. DOI: 10.2903/j.efsa.2022.7415.
24. Manzoor R., Sakoda Y., Nomura N., Tsuda Y., Ozaki H., Okamatsu M., Kida H. PB2 protein of a highly pathogenic avian influenza virus strain A/chicken/Yamaguchi/7/2004 (H5N1) determines its replication potential in pigs. *J. Virol.* 2009; 83(4):1572–8. DOI: 10.1128/JVI.01879-08.
25. Kim J.H., Hatta M., Watanabe S., Neumann G., Watanabe T., Kawaoka Y. Role of host-specific amino acids in the pathogenicity of avian H5N1 influenza viruses in mice. *J. Gen. Virol.* 2010; 91(Pt. 5):1284–9. DOI: 10.1099/vir.0.018143-0.
26. Herfst S., Schrauwen E.J., Linster M., Chutinimitkul S., de Wit E., Munster V.J., Sorrell E.M., Bestebroer T.M., Burke D.F., Smith D.J., Rimmelzwaan G.F., Osterhaus A.D., Fouchier R.A. Airborne transmission of influenza A/H5N1 virus between ferrets. *Science.* 2012; 336(6088):1534–41. DOI: 10.1126/science.1213362.
27. Suttie A., Deng Y.M., Greenhill A.R., Dussart P., Horwood P.F., Karlsson E.A. Inventory of molecular markers affecting biological characteristics of avian influenza A viruses. *Virus Genes.* 2019; 55(6):739–68. DOI: 10.1007/s11262-019-01700-z.
28. Agüero M., Monne I., Sánchez A., Zecchin B., Fusaro A., Ruano M.J., Del Valle Arrojo M., Fernández-Antonio R., Souto A.M., Tordable P., Cañas J., Bonfante F., Giussani E., Terregino C., Orejas J.J. Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus infection in farmed minks, Spain, October 2022. *Euro Surveill.* 2023; 28(3):2300001. DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2023.28.3.2300001.
29. 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.
30. 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. (Cited 28 Feb 2023). [Internet]. Available from: http://gull-research.org/papers/articles09/atlas_SE_siberinan_waterbirds_2.pdf.

Authors:

Marchenko V.Yu., Svyatchenko S.V., Onkhonova G.S., Goncharova N.I., Ryzhikov A.B., Maksyutov R.A., Gavrilova E.V. 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., Святченко С.В., Онхонова Г.С., Гончарова Н.И., Рыжиков А.Б., Максютлов Р.А., Гаврилова Е.В. Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор». Российская Федерация, 630559, Новосибирская обл., р.п. Колцово. E-mail: vector@vector.nsc.ru.