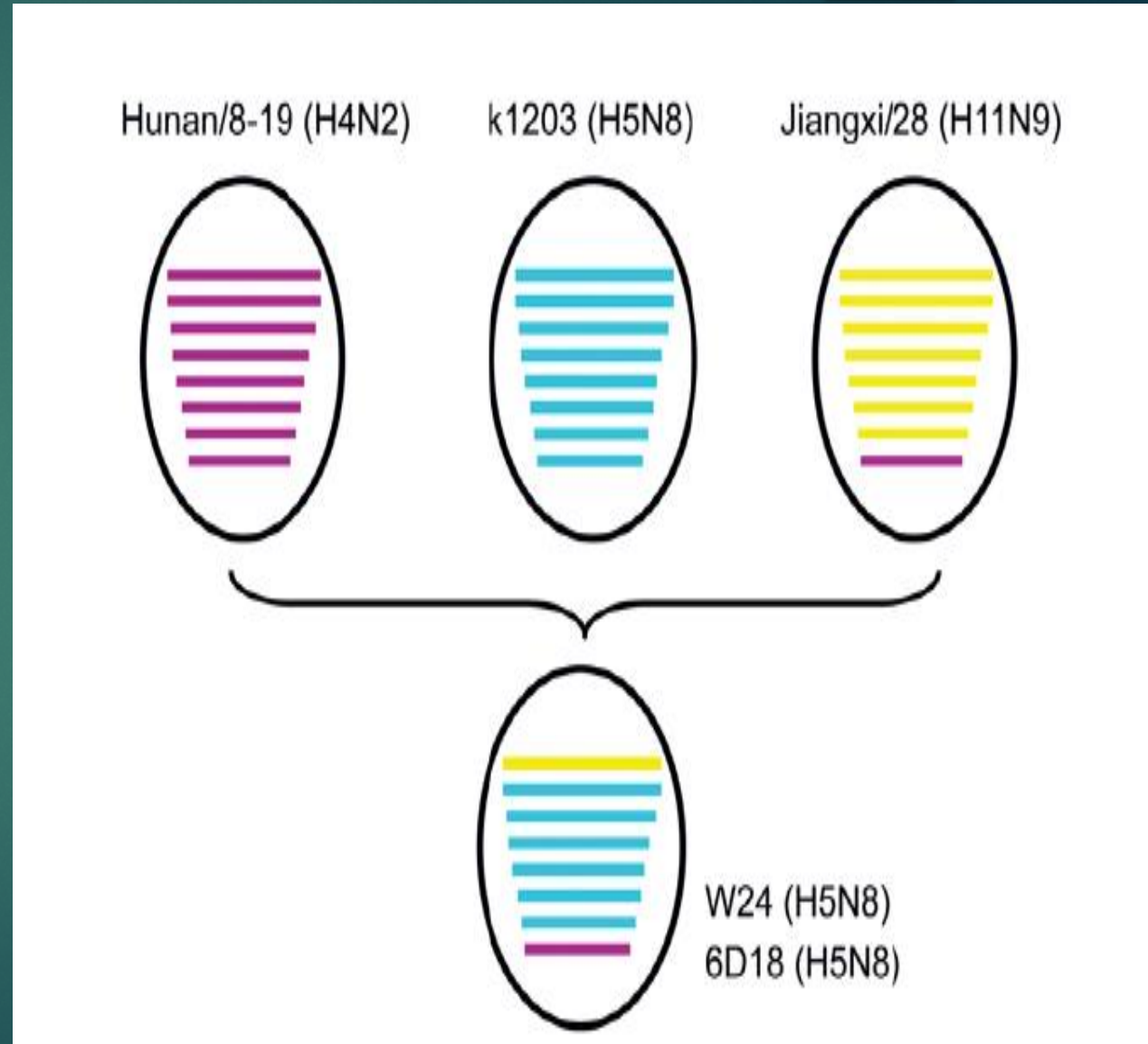
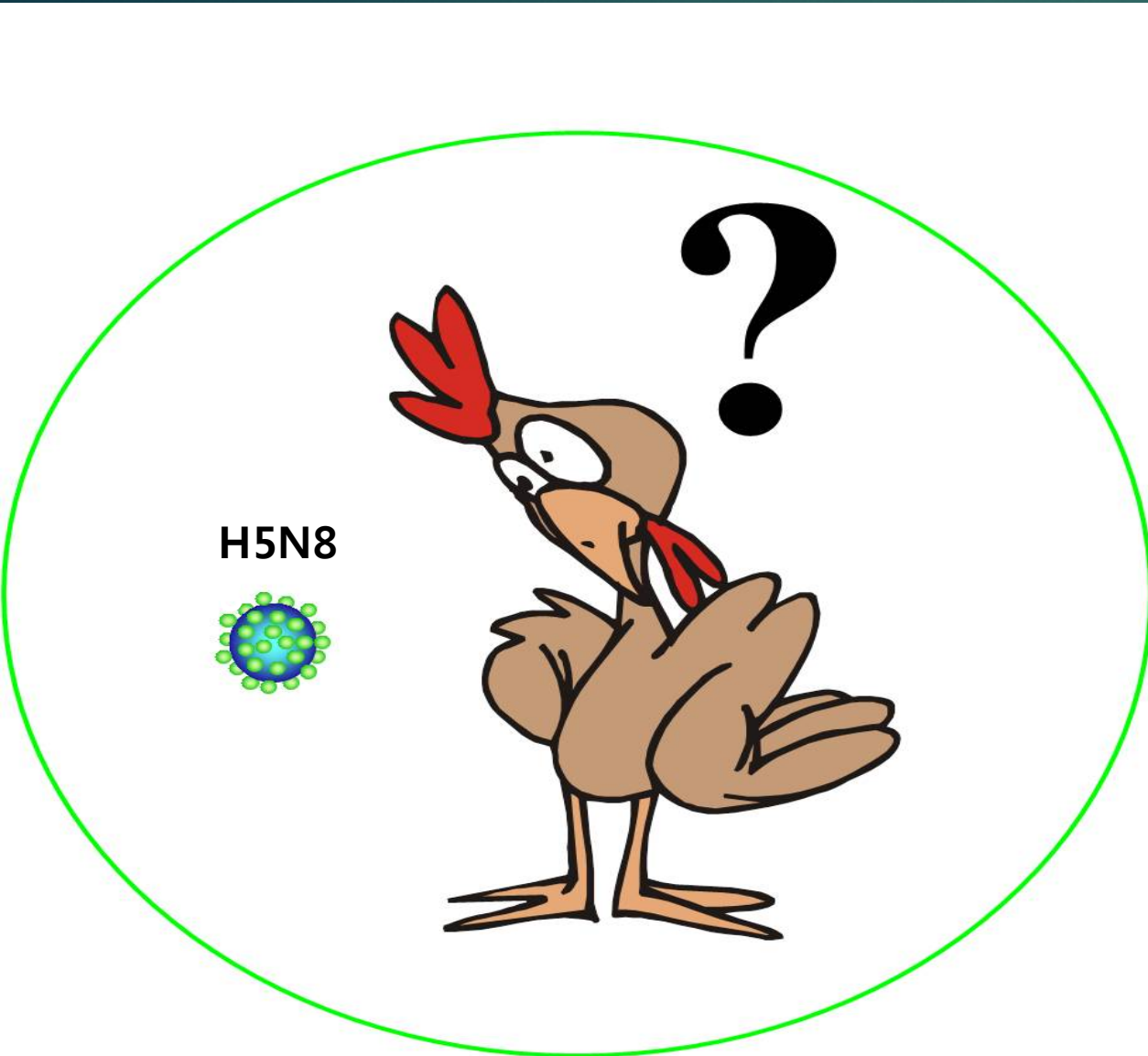


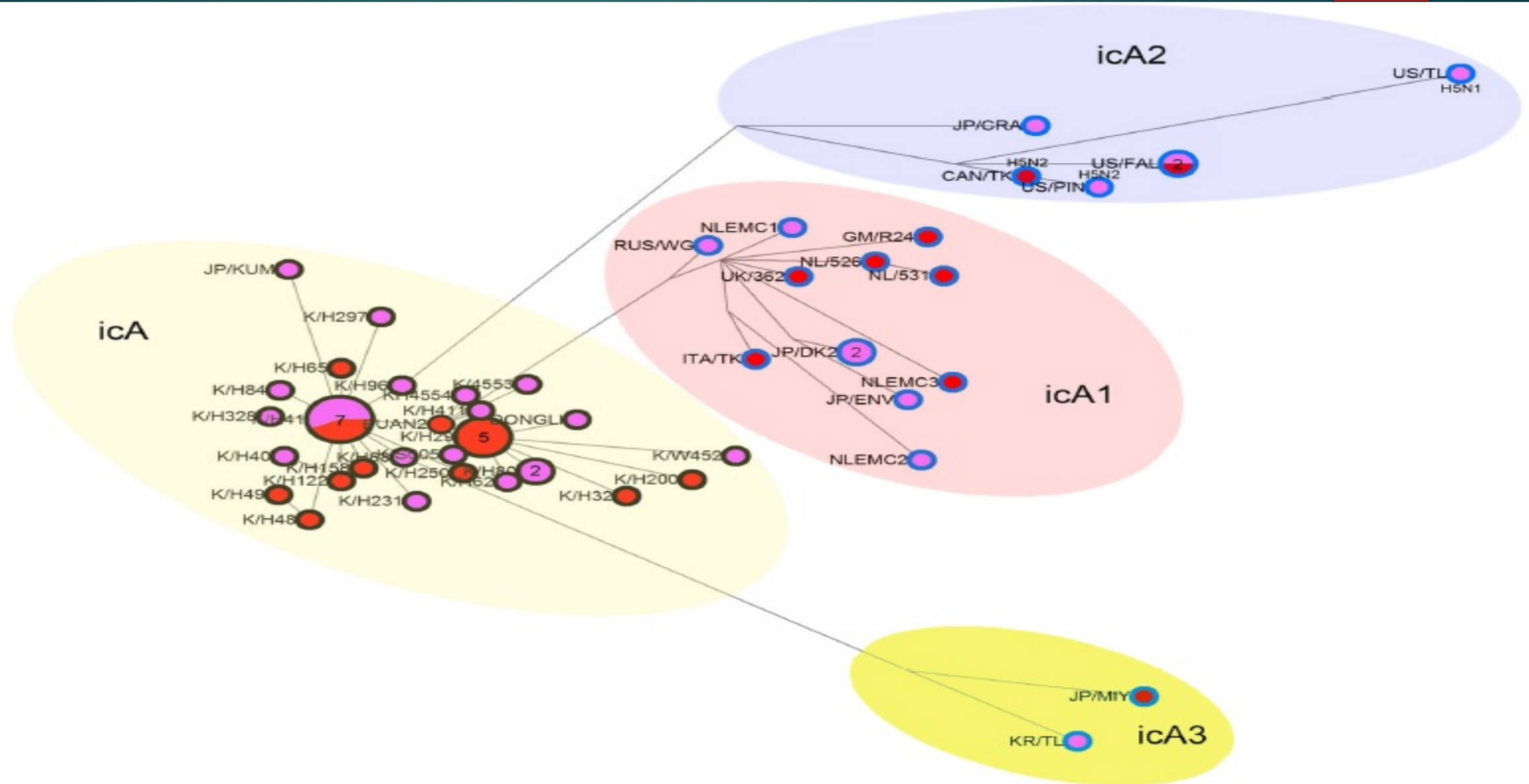
Разпространение, биологични особености и  
взаимовръзка между щамовете на  
Високопатогенната инфлуенца по птиците  
тип H5N8 през 2014 година и 2016-17 година

АС. Д-Р ГЕОРГИ СТОИМЕНОВ, ДВМ, ПРОФ. Д-Р ГЕОРГИ ГЕОРГИЕВ, ДВМН

# Въведение

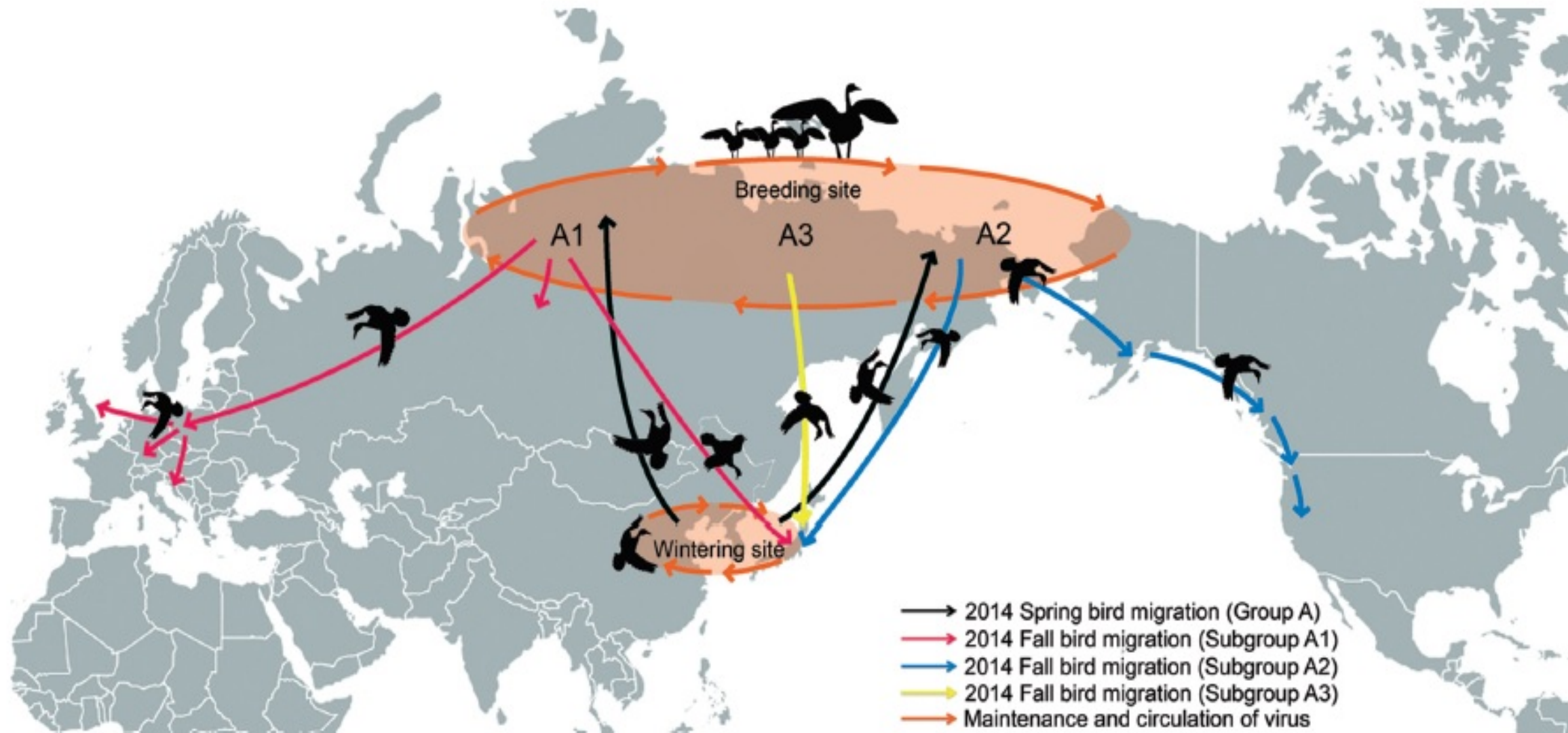


# Разпространение на Високопатогенната инфлуенца по птиците тип H5N8 през 2014 година





# Как се разпространи вирусът

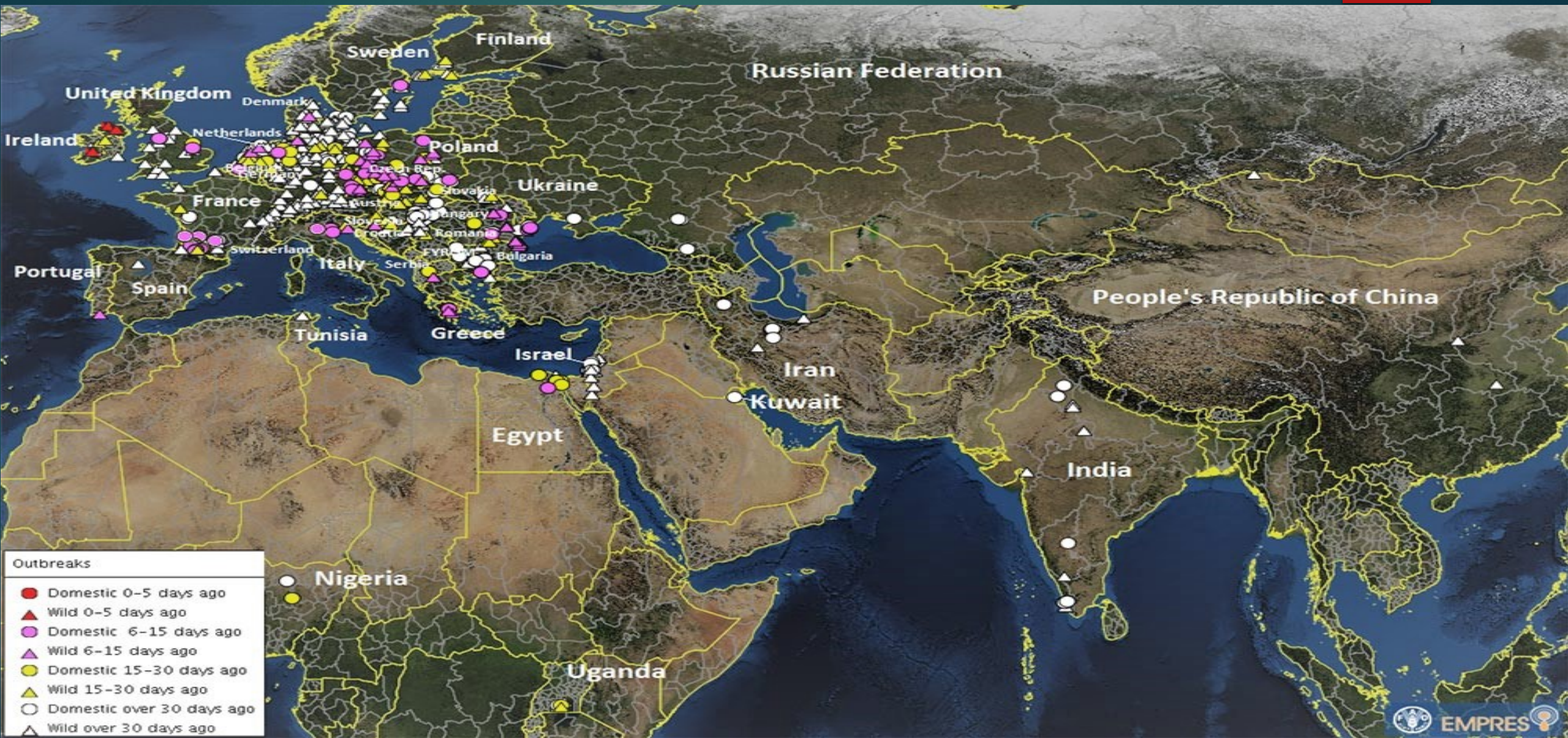


# Биологични особености

- ▶ Интересни са проучванията направени с изолатите от 2014 г. в Южна Корея. Смъртността при H5N8 вируси от 2014 г. варира от 0% - 20%, а при H5N1 вируси от 2008 г. и 2010 г. е съответно 50% -100%. Въпреки това, при H5N8 вирусоеизлъчителството от домашни патици е много по-голямо ( $10^{4.5}$  TCID<sub>50</sub> / 0,1 ml), докато при H5N1 вируси, открити в Южна Корея през 2008 г. и 2010 г. е доста по-слабо (съответно  $10^{3.8}$  TCID<sub>50</sub> / 0,1 ml и  $10^{2.8}$  TCID<sub>50</sub> / 0.1 ml).
- ▶ Способността на тези нови реасортантни H5N8 вируси, да се реплицират успешно в дихателния и чревния тракт, без да убиват заразените патици им позволява да циркулират по ускорено в рамките на популацията и увеличава възможността им за предаване между птицефермите. По време на епидемията през 2014 г. H5N8 в Южна Корея клиничните признаци и смъртността са били рядкост, най-често е установяван само спад в производството на яйца.
- ▶ До 2014 г. направените проучвания показват, че домашни патици могат да бъдат „мълчаливи“ носители на H5N8.



# Разпространение на Високопатогенната инфлуенца по птиците тип H5N8 през 2016-2017 година



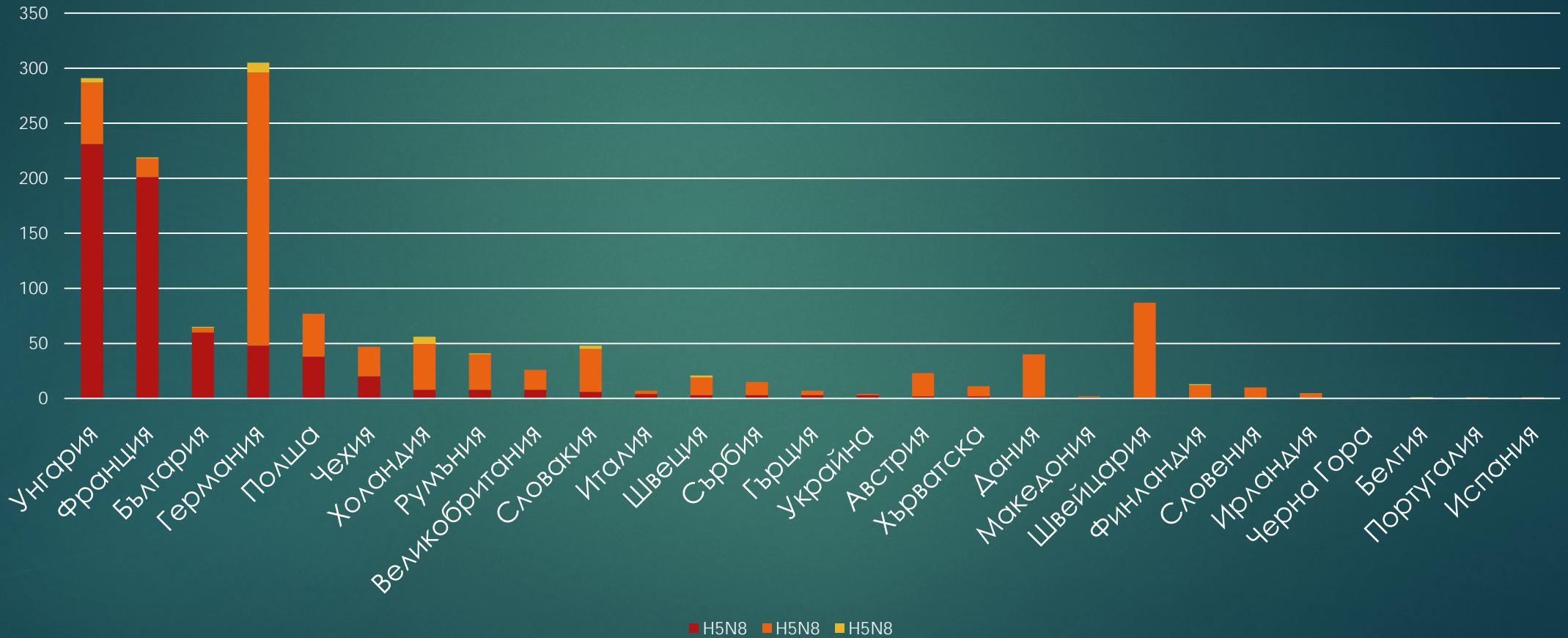


Страни	H5N8			H5N5		
	Домашни птици	Диви птици	Птици в плен/ волиери	Домашни птици	Диви птици	Общо
Унгария	231	56	4			391
Франция	201	17	1			219
България	60	4	1			65
Германия	48	248	9	3		305
Полша	38	39			2	79
Чехия	20	27				47
Холандия	8	42	6		1	57
Румъния	8	32	1			41
Великобритания	8	18				26
Словакия	6	39	3			48
Италия	4	3			1	8
Швеция	3	16	2			21
Сърбия	3	12				15
Гърция	3	4			1	8
Украйна	3	1				4
Австрия	2	21				23
Хърватска	2	9				11
Дания	1	39				40
Македония	1	1				2
Швейцария		87				87
Финландия		12	1			13
Словения		10			3	13
Ирландия		5				5
Черна Гора					2	2
Белгия			1			1
Португалия		1				1
Испания		1				1

# Разпространение на Високопатогенната инфлуенца по птиците тип H5N8 през 2016/17 година



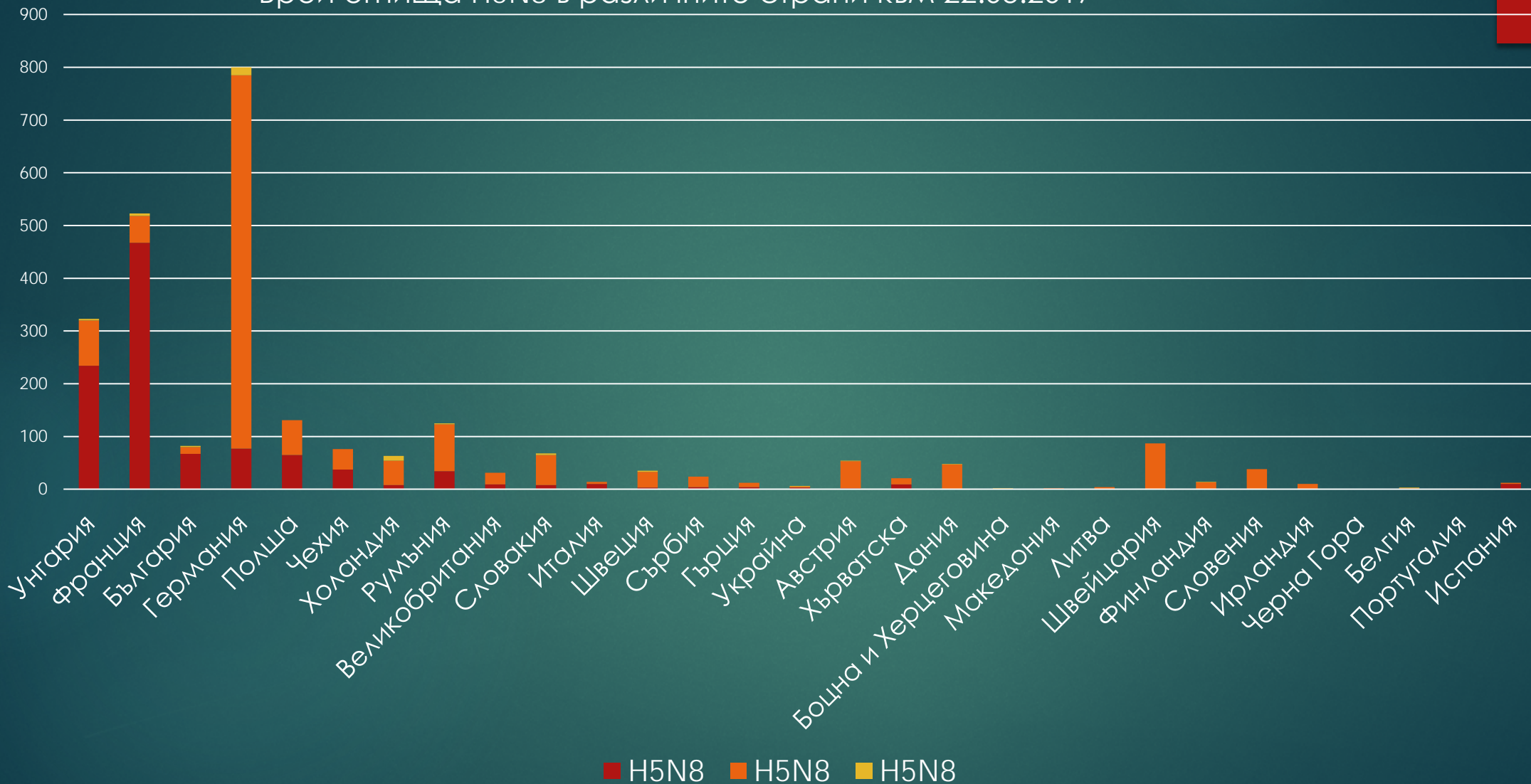
Брой огнища H5N8 в различните страни към 6.02.2017





Страни	H5N8		
	Домашни птици	Диви птици	Птици в плен
Унгария	234	86	3
Франция	467	51	5
България	67	13	2
Германия	77	708	15
Полша	65	66	
Чехия	37	39	
Холандия	8	46	9
Румъния	34	89	2
Великобритания	9	22	
Словакия	8	57	3
Италия	10	4	
Швеция	3	30	2
Сърбия	4	20	
Гърция	4	8	
Украйна	3	2	1
Австрия	2	51	1
Хърватска	9	12	
Дания	1	46	1
Боцна и Херцеговина	1		1
Македония	1	1	
Литва		4	
Швейцария		87	
Финландия		13	1
Словения		38	
Ирландия		10	
Черна Гора			
Белгия		2	1
Португалия		1	

Брой огнища H5N8 в различните страни към 22.03.2017



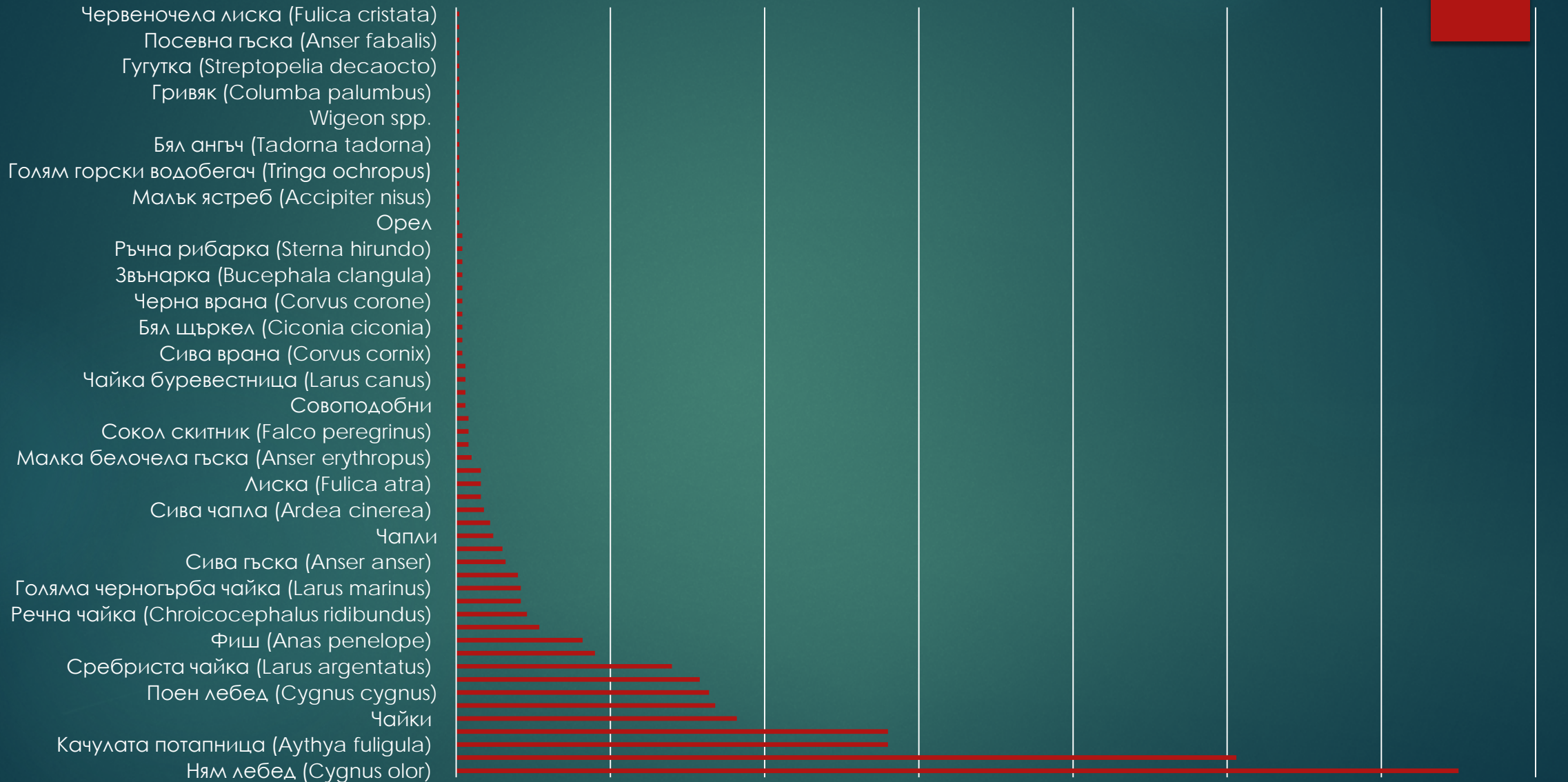


# Спектър на засегнатите видове птици

Вид засегната птица	Брой на случаите	%
Ням лебед ( <i>Cygnus olor</i> )	325	21%
Патици	102	12%
Качулата потапница ( <i>Aythya fuligula</i> )	77	9%
Неустановени видове	77	9%
Чайки	59	7%
Лебеди	49	6%
Поен лебед ( <i>Cygnus cygnus</i> )	32	4%
Гъски	30	4%
Сребриста чайка ( <i>Larus argentatus</i> )	24	3%
Зеленоглава патица ( <i>Anas platyrhynchos</i> )	22	3%
Фиш ( <i>Anas penelope</i> )	19	2%
Морски орел ( <i>Haliaeetus albicilla</i> )	19	2%
Речна чайка ( <i>Chroicocephalus ridibundus</i> )	17	2%
Обикновен мишелов ( <i>Buteo buteo</i> )	12	1%
Голяма черногърба чайка ( <i>Larus marinus</i> )	11	1%
Голям гмурец ( <i>Podiceps cristatus</i> )	11	1%
Сива гъска ( <i>Anser anser</i> )	11	1%
Кафявоглава потапница ( <i>Aythya farina</i> )	8	1%
Чапли	8	1%
Голям корморан ( <i>Phalacrocorax carbo</i> )	7	1%
Сива чапла ( <i>Ardea cinerea</i> )	7	1%
Голяма белочела гъска ( <i>Anser albifrons albifrons</i> )	7	1%
Лиска ( <i>Fulica atra</i> )	5	1%
Сврака ( <i>Pica pica</i> )	4	≤ 1%
Малка белочела гъска ( <i>Anser erythropus</i> )	4	≤ 1%
Малък гмурец ( <i>Tachybaptus ruficollis</i> )	4	≤ 1%
Сокол скитник ( <i>Falco peregrinus</i> )	4	≤ 1%

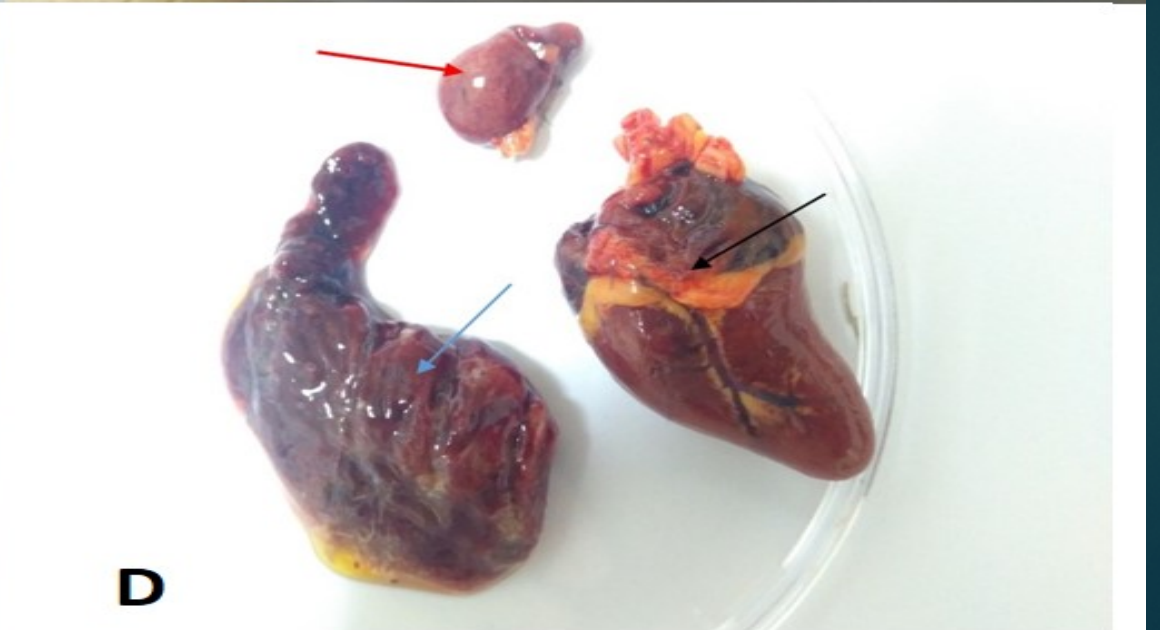
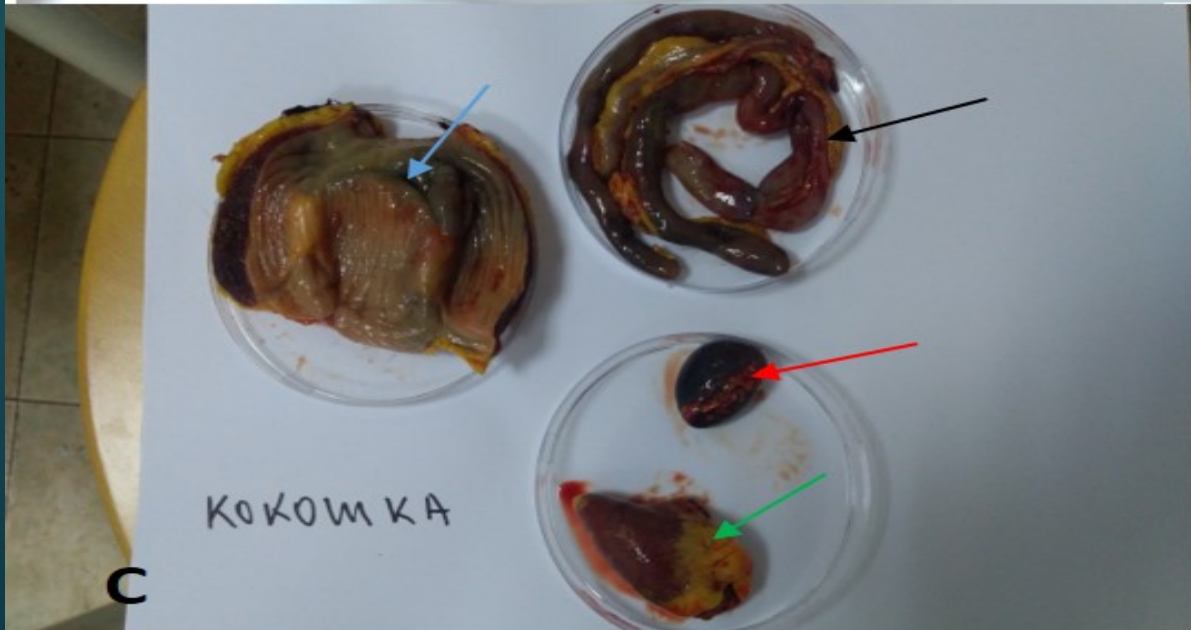
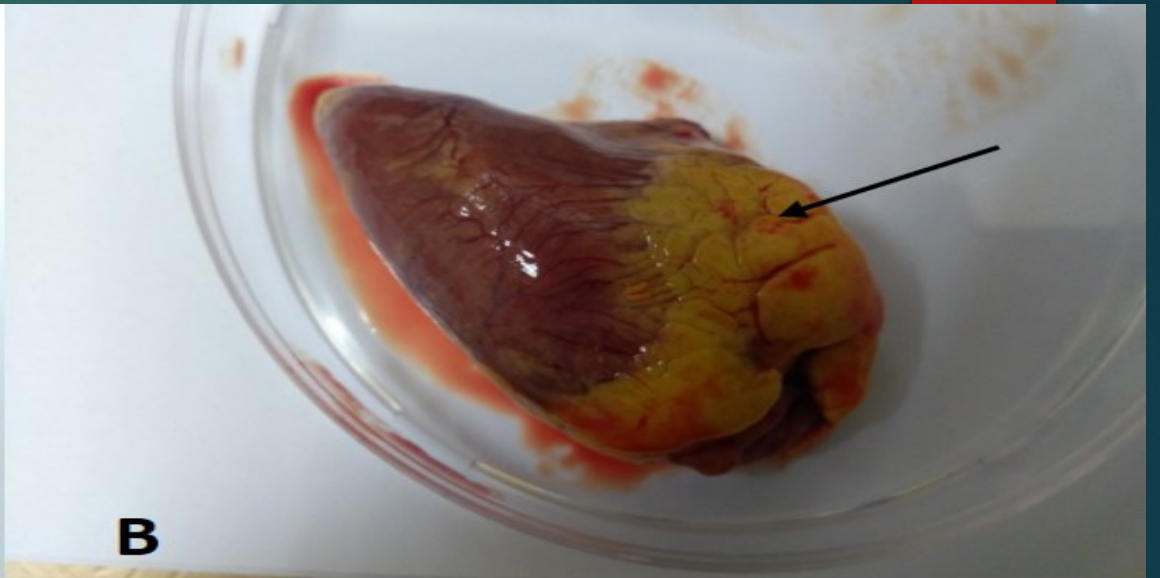
Вид засегната птица	Брой на случаите	%
Зимно бърне ( <i>Anas crecca</i> )	4	<1%
Совоподобни	3	<1%
Buzzard spp	3	<1%
Чайка буревестница ( <i>Larus canus</i> )	3	<1%
Зеленоножка ( <i>Gallinula chloropus</i> )	3	<1%
Сива врана ( <i>Corvus cornix</i> )	2	<1%
Червеноклюна потапница ( <i>Netta rufina</i> )	2	<1%
Бял щъркел ( <i>Ciconia ciconia</i> )	2	<1%
Канадска гъска ( <i>Branta Canadensis</i> )	2	<1%
Черна врана ( <i>Corvus corone</i> )	2	<1%
Обикновенна гага ( <i>Somateria mollissima</i> )	2	<1%
Звънарка ( <i>Bucephala clangula</i> )	2	<1%
Common raven	2	<1%
Ръчна рибарка ( <i>Sterna hirundo</i> )	2	<1%
Свирци ( <i>Numenius spp.</i> )	2	<1%
Орел	1	<1%
Бухал ( <i>Bubo bubo</i> )	1	<1%
Малък ястреб ( <i>Accipiter nisus</i> )	1	<1%
Голяма белочела гъска ( <i>Anser albifrons</i> )	1	<1%
Голям горски водобегач ( <i>Tringa ochropus</i> )	1	<1%
Малка черногърба чайка ( <i>Larus fuscus</i> )	1	<1%
Бял ангъч ( <i>Tadorna tadorna</i> )	1	<1%
Поен дрозд ( <i>Turdus philomelos</i> )	1	<1%
Wigeon spp.	1	<1%
Керкenez ( <i>Falco tinnunculus</i> )	1	<1%
Гривяк ( <i>Columba palumbus</i> )	1	<1%
Кос ( <i>Turdus merula</i> )	1	<1%
Гугутка ( <i>Streptopelia decaocto</i> )	1	<1%
Посевна врана ( <i>corvus frugilegus</i> )	1	<1%
Посевна гъска ( <i>Anser fabalis</i> )	1	<1%
Късоклюна гъска ( <i>Anser brachyrhynchus</i> )	1	<1%

## Брой на случаите при различните видове птици

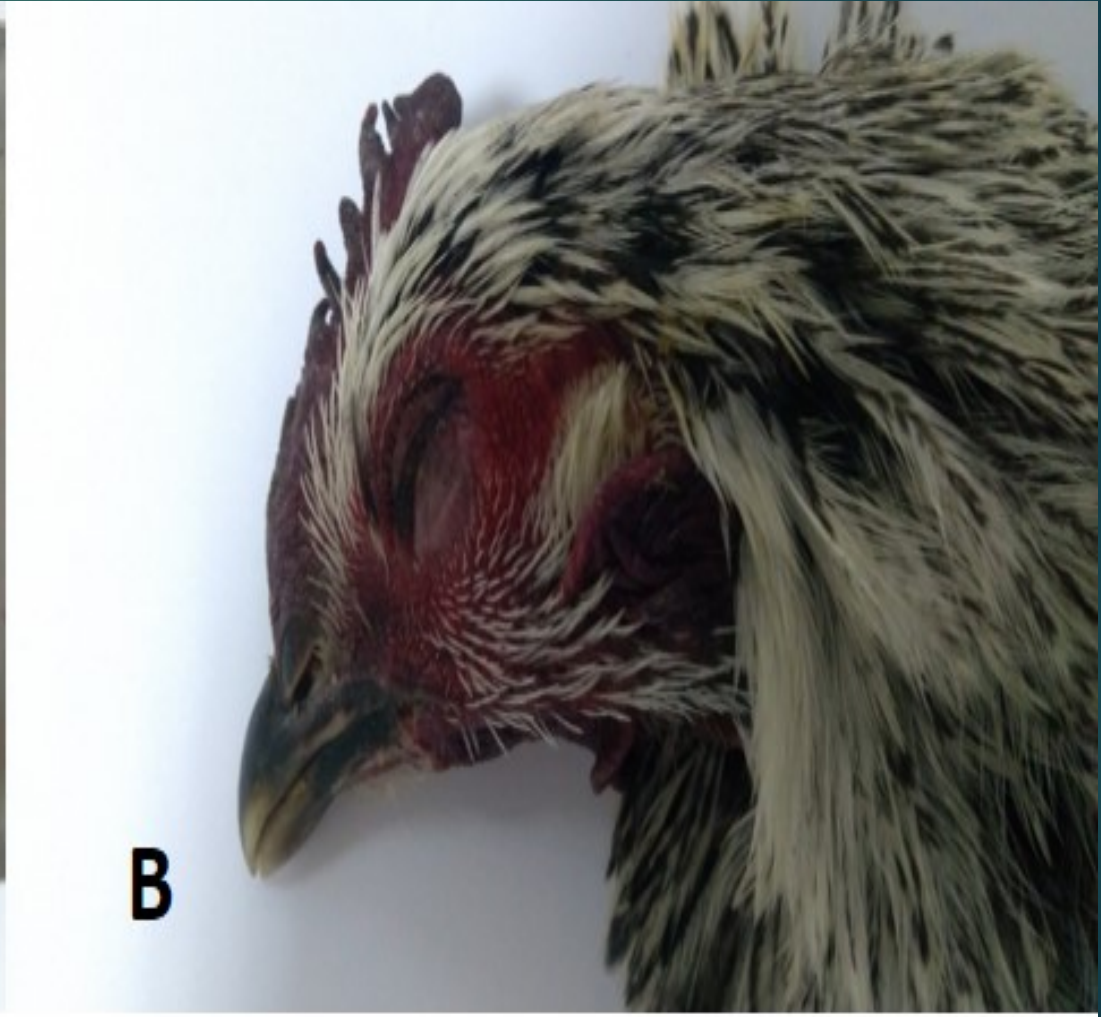
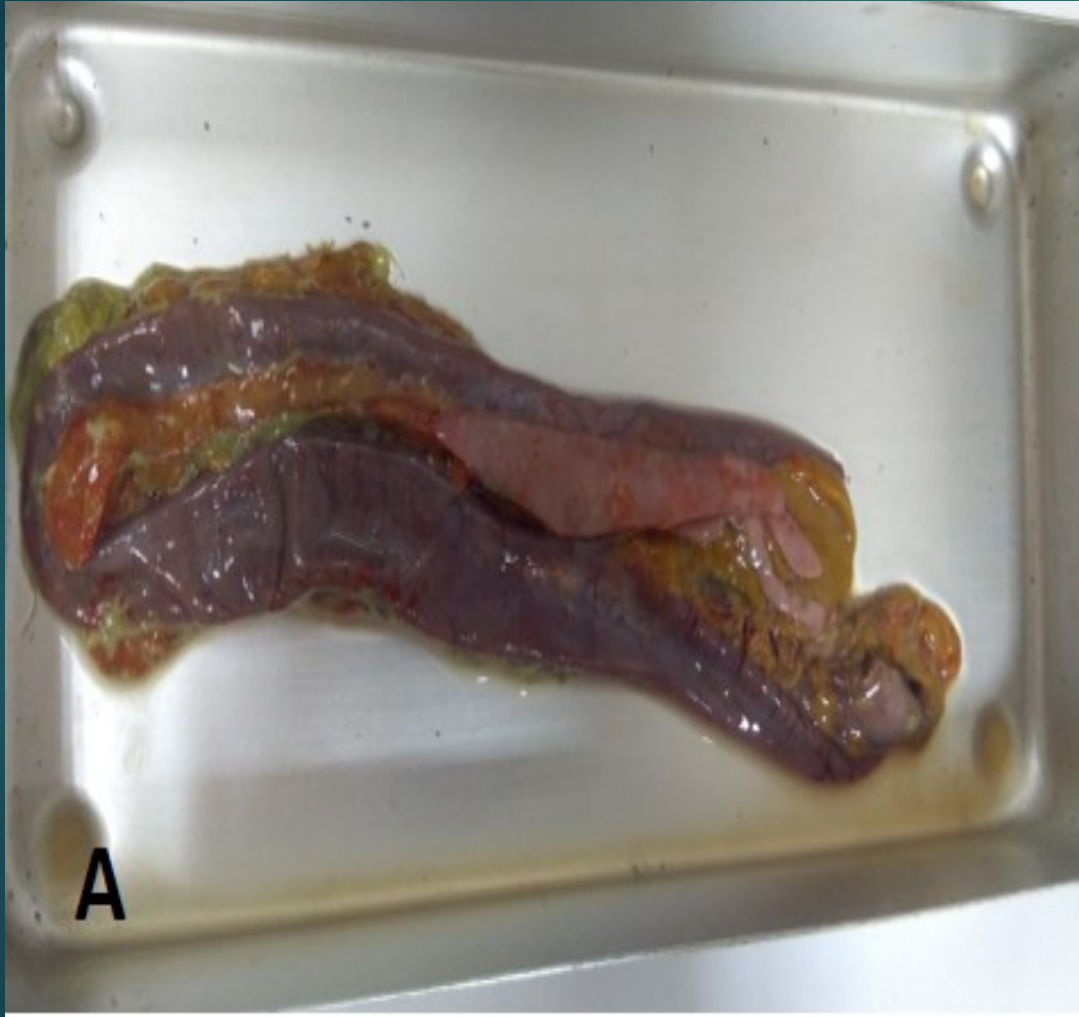




# Биологични особености на HPAI H5N8 2016/2017



# Биологични особености на HPAI H5N8 2016/2017





# Биологични особености на HPAI H5N8 2016/2017





# Обсъждане

Всички геномни сегменти на новите вируси H5N8 подтип 2.3.4.4 от група В изолирани в Германия и Европа през 2016-17 г. се различават значително от щамовете H5N8 група А подтип 2.3.4.4 изолирани през 2014-2015 г. в Германия и други европейски страни (Harder et al., 2015). Този извод е в подкрепа на констатациите и проучванията, че не е имало продължителна циркулация на група А-подобни вируси сред дивите птици след установяването им в Европа през 2014 г. (Roен et al., 2016). При търсенето в Базата данни се установи, че H5N8 подтип 2.3.4.4 вируси открити за първи път при диви птици на границата между Русия и Монголия в края на месец май 2016 г. са най-близки до изолираните в Германия. Разширеното търсене потвърди, че изолатите от Германия през 2016 г., са нови реасортанти, които могат да бъдат ясно разграничени от изолатите от Русия и Монголия през 2016 г. (Pohlmann et al., 2017). Трябва да се отбележи, че вирусите изолирани на границата между Русия и Монголия са най-вероятно ранен рекомбинант на H5N8 подтип 2.3.4.4 група В (Lee et al., 2016). Тези нови H5N8 вируси са централно Азиатски реасортанти, които са с произход от щамове, циркулиращи в Източна Азия. Гените на 3 сегмента (НА, NA, и NS протеини) се клъстерират със сегменти на H5N8 подтип 2.3.4.4 група В вируси, идентифицирани в източната част на Китай; останалите 5 гени (PB1, PB2, PA, NP, и М протеин) се клъстерират с вируси с ниска патогенност, които са били идентифицирани в Монголия, Китай и Виетнам (Lee et al., 2016).



# ИЗВОДИ

- ▶ Инфекцията предизвикана от H5N8 през 2014 г. не причинява тежко заболяване или висока смъртност при дивите зеленоглави патици. За разлика от тях обаче, при птици от кокошия вид (пуйки, пилета), предизвиква висока смъртност. Във Великобритания е наблюдавана ниска до умерена вирулентност при домашни патици. За разлика от H5N8, повечето щамове на H5N1 причиняват висока смъртност не само при птици от кокошия вид, но и при дивите птици.
- ▶ Инфекцията предизвикана от H5N8 през 2016/2017 г. се различава от предходната. Ако сравним епизоотиите през 2014 г. и 2016/17 г. ще видим че през 2016/17 г. спектърът на заболелите видове е доста по-голям, което може би косвено потвърждава резултатите на холандската референтна лаборатория, че количеството излъчван вирус при патици заразени с H5N8 е много по-високо в сравнение с други вируси. Колкото повече вирус е излъчен толкова по голяма е възможността да бъдат заразени повече птици.
- ▶ Хоризонталното предаване на инфекцията е много по-голямо в сравнение с това през 2014 г. При сравнението на епизоотологичните показатели за напрегнатост и тежест през 2014 г. и тези през 2016/2017 г. и патологоанатомичните особености можем да кажем, че вирусът през 2016-17 г. е по силно патогенен. Засягат се почти всички вътрешни органи с наличие на макроскопски изменения в тях.

# ИЗВОДИ

- ▶ Новият реасортант на инфлуенца А вируса (H5N8) вирус е отговорен за последните огнища на НРАІ в Германия и Европа (Pohlmann et al., 2017).
- ▶ Наблюдаваните разлики в патогенността за широк спектър от водоплаващи птици в сравнение с тази на H5N8 вируси от 2014-2015 г. корелират с новия състав на генома на тези вируси.
- ▶ Новите NP и PA сегменти на H5N8 вирусите изолирани през 2016-2017 г. са кандидати за бъдещи молекулярно-биологични и генетични изследвания.
- ▶ Тези нови щамове може по-ефективно, да се предават и излъчват при диви птици и да се предават към домашните.



Благодаря за вниманието

