

Puławy, 10.03.2017

## **Raport z aktualnej związanej z występowaniem w Polsce i innych krajach Europy wirusa wysoce zjadliwej grypy ptaków podtypu H5N8**

Pierwsze informacje nt. wirusa wysoce zjadliwej grypy ptaków H5N8 pochodzą z Azji z przełomu 2009/2010 r., ale eskalacja epidemii miała miejsce od początku 2014 roku, najpierw w Korei Południowej, Japonii i Chinach, skąd wirus został zawleczony do Europy i Ameryki Północnej. W Europie wirus wykrywano u drobiu i ptaków dzikich między listopadem 2014 i lutym 2015 roku w następujących krajach: Niemcy, Holandia, Wielka Brytania, Włochy, Szwecja i Węgry.

W październiku 2016 roku wirus pojawił się w Europie ponownie, jednak skala epidemii jest znacznie większa.

### **Sytuacja w Europie w 2016/2017 r.**

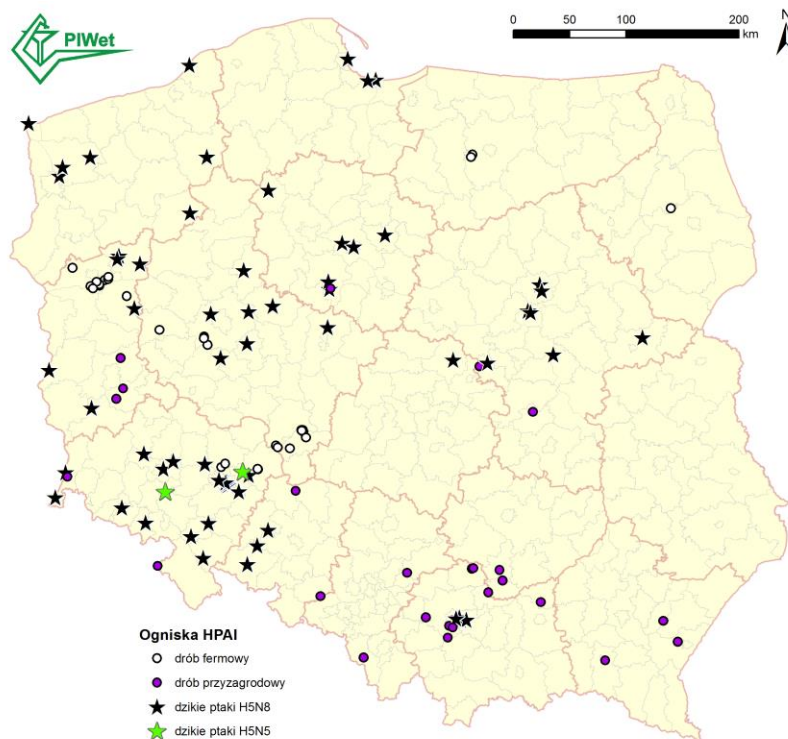
Od października do początku lutego odnotowano ponad 1400 ognisk choroby u drobiu lub ptaków dzikich. 23 państwa europejskie zgłosiły obecność wirusa HPAI podtypu H5N8 u dzikich ptaków, a są to: Austria, Bułgaria, Chorwacja, Czarnogóra, Czechy, Dania, Finlandia, Francja, Grecja, Hiszpania, Holandia, Irlandia, Niemcy, Polska, Portugalia, Rosja, Rumunia, Serbia, Słowenia, Szwajcaria, Szwecja, Wielka Brytania i Węgry. Wirus wykrywany jest przede wszystkim u ptaków związanych ze środowiskiem wodnym (blaszkodziobe i siewkowe). Najczęściej wykrywany jest u łabędzi niemych, chociaż na początku dominowały przypadki u kaczki czernicy. Dotychczas wykryto ponad 1100 przypadków u dzikich ptaków. Wykaz gatunków u których stwierdzano występowanie HPAI H5N8 przedstawia tabela w załączniku nr 1 do raportu. Analiza przypadków HPAI H5N8 u dzikich ptaków wskazuje, że wirus charakteryzuje się szerszym spektrum wrażliwych gatunków niż wirus HPAI H5N8, który pojawił się w Europie w 2014/2015 roku.

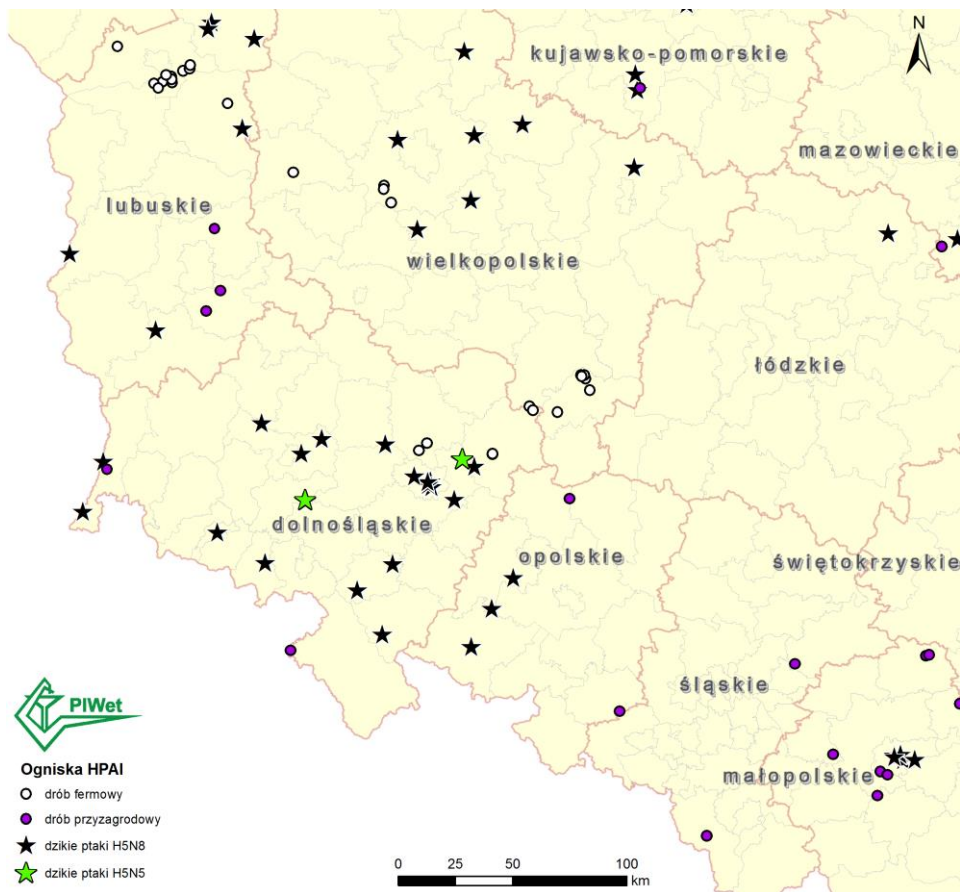
Warto podkreślić, że oprócz zakażeń wirusem H5N8, w 6 państwach (Holandia, Niemcy, Chorwacja, Czarnogóra, Włochy, a ostatnio Polska) wykryto u dzikich ptaków (w Niemczech również u drobiu) obecność wirusa wysoce zjadliwej grypy ptaków podtypu H5N5. Na podstawie dostępnych danych można przypuszczać, że wirus również przywędrował do Europy z Azji i wykazuje podobne właściwości patogenne jak H5N8.

W 20 krajach potwierdzono obecność wirusa HPAI/H5N8 u drobiu, a są to: Austria, Belgia, Bośnia i Hercegowina, Bułgaria, Chorwacja, Czechy, Dania, Francja, Grecja, Holandia, Macedonia, Niemcy, Polska, Rosja, Serbia, Słowacja, Szwecja, Ukraina, Węgry, Wielka Brytania. Ogółem zdiagnozowano w Europie prawie 1000 ognisk tej choroby (w tym na Węgrzech ponad 230, a we Francji ponad 380). Wirus stwierdzany jest zarówno u drobiu utrzymywanego w systemie przyzagrodowym jak i chowie fermowym. Zazwyczaj stwierdzenie wirusa u drobiu było poprzedzone jego wykryciem w populacji dzikiej.

### Opis sytuacji w Polsce

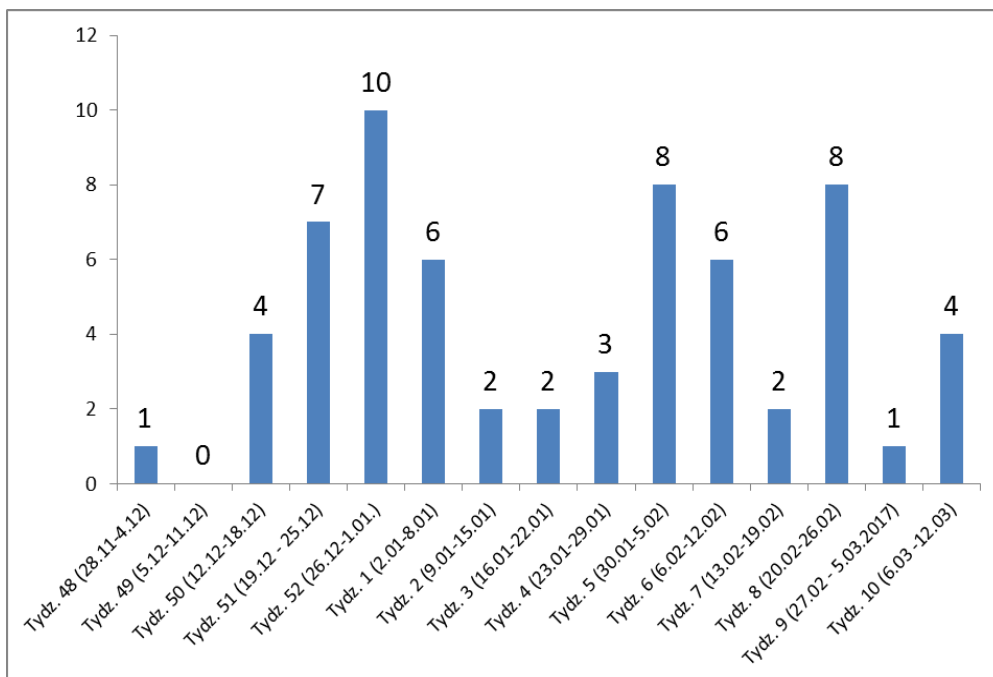
Od momentu wykrycia pierwszych przypadków H5N8 (listopad 2016 r.) zdiagnozowano w Polsce 64 ogniska HPAI H5N8 u drobiu (indyki, gęsi, kaczki, kury; zarówno fermowy jak i w chowie przyzagrodowym) oraz zakażenia tym wirusem u ptaków dzikich w 68 lokalizacjach (rycina poniżej). W dwóch miejscach (województwo dolnośląskie) stwierdzono u łabędzi niemych zakażenie wirusem HPAI podtypu H5N5.





Objawy kliniczne u drobiu obejmują spadek pobierania paszy i wody, u niosek – spadek nieśności (u gęsi możliwe tzw. „lanie jaj”), duszność, apatię, zapalenie spojówek, niekiedy objawy nerwowe i zwiększoną śmiertelność. U kur i indyków przebieg jest tak szybki, że często objawy kliniczne choroby nie są obserwowane. Wirus u padłych dzikich ptaków wykrywany był głównie u łabędzi niemych, ale również u pojedynczych krzyżówek, innych gatunków kaczek i mew srebrzystych.

Dynamikę występowania się HPAI u drobiu w Polsce (liczba ognisk w poszczególnych tygodniach roku 2016 i 2017) przedstawia poniższy wykres:



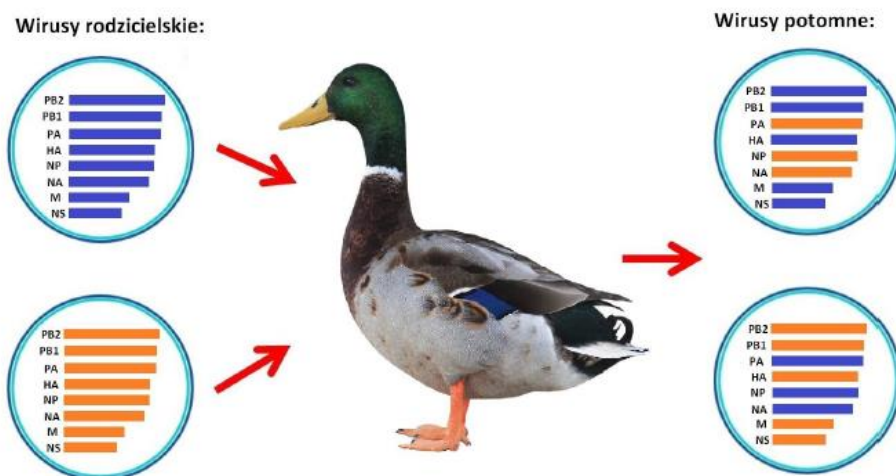
Do zakażenia drobiu dochodzi przez kontakt bezpośredni z ptactwem dzikim, lecz najczęściej pośredni, przez użytkowanie zbiorników wodnych lub terenów, na których znajdują się odchody dzikich ptaków. W szerzeniu się zakażeń pomiędzy fermami drobiu dużą rolę odgrywa człowiek, gdyż wirus łatwo przenosi się na odzież, sprzęcie czy środkach transportu. Bardzo ważnym źródłem zakażenia może być słoma zawierająca odchody dzikich ptaków i stosowana jako ściółka w obiektach, w których utrzymywany jest drób!

Badania pokrewieństwa filogenetycznego w oparciu o cały gen hemaglutyniny (H5) wskazują na:

- stosunkowo dużą odrębność genetyczną w stosunku do wirusów wykrywanych w Europie w 2014/2015 r., co wskazuje, że obecna sytuacja nie jest bezpośrednią kontynuacją zdarzeń sprzed 2 lat
- jednoczesne wprowadzenie do Europy dwóch spokrewnionych, ale wyraźnie różnych wariantów genetycznych wirusa H5N8 (wirusy z Polski należą do obydwu grup) oraz niezależnie wirusa H5N5

Wirus HPAI należący do podtypu H5N8 powstał w efekcie tzw. reasortacji, czyli wymieszania się segmentów genomu pochodzących od różnych wirusów „rodzicielskich” zakażających jednocześnie organizm ptaka. Gen hemaglutyniny (HA) wywodzi się od wirusa HPAI/H5N1 „azjatyckiego” z tzw. kladu genetycznego 2.3.4.4, a pierwotnym źródłem pozostałych genów są inne wirusy grypy ptaków o niskiej zjadliwości.

Mechanizm reasortacji genetycznej przedstawia poniższy schemat:



### Zagrożenie zdrowia człowieka

Jak dotychczas nie stwierdzono na świecie ani jednego przypadku zakażenia wirusem HPAI/H5N8 u człowieka i w chwili obecnej nie ma podstaw do wprowadzania ponadstandardowych środków prewencyjnych w odniesieniu do ludzi.

Przeprowadzone w PIWet-PIB w Puławach wstępne badania genetyczne wirusa H5N8 wykrytego w Polsce nad tzw. molekularnymi wskaźnikami przystosowania do organizmu ludzi, wskazują na **typowy profil charakterystyczny dla wirusów ptasich i brak głównych cech przystosowawczych do organizmu człowieka**. Identyczny wniosek został sformułowany przez wspólnotowe laboratorium referencyjne UE Weybridge, Wielka Brytania, na podstawie badań izolatu węgierskiego i polskiego i stał się podstawą konkluzji oceny ryzyka przygotowanej przez Europejskie Centrum Zapobiegania i Kontroli Chorób (ECDC), że wirus H5N8 stanowi bardzo niskie ryzyko dla człowieka. Raport w języku angielskim dostępny jest na stronie [http://ecdc.europa.eu/en/publications/risk\\_assessment/Pages/default.aspx?p=2](http://ecdc.europa.eu/en/publications/risk_assessment/Pages/default.aspx?p=2)

Biorąc jednak pod uwagę ewolucyjne pochodzenie wirusów H5N8 od H5N1 oraz generalnie dużą zmienność wirusów grypy, wskazana jest pewna ostrożność, szczególnie u osób zawodowo mających kontakt z drobiem i ptakami dzikimi. Zaleca się stosowanie rutynowych zasad higieny, takich jak mycie rąk ciepłą wodą z mydłem oraz unikanie bezpośredniego kontaktu z drobiem chorym, padłym ptactwem dzikim oraz przedmiotami, na których znajdują się ślady ptasich odchodów. Wirus szybko ginie w produktach drobiarskich poddanych obróbce termicznej.

## **Podsumowanie i rekomendacje**

Wirus HPAI/H5N8 został przeniesiony do Europy przez dzikie ptaki migrujące. Dotychczasowe obserwacje wskazują, że posiada on wysoką zjadliwość zarówno dla drobiu, jak i wielu gatunków ptaków dzikich oraz wykazuje odrębność genetyczną w odniesieniu do wirusów odpowiedzialnych za epidemię HPAI/H5N8 z 2014/2015 r. Wskazana jest intensyfikacja monitoringu biernego u dzikich ptaków, przede wszystkim związanych ze środowiskiem wodnym, czyli zgłaszanie przypadków padnięć (nawet jeśli występują pojedynczo) oraz zaburzeń klinicznych i nietypowych zachowań u ptaków żywych. Ze względu na możliwość zakażeń bezobjawowych (wirus musiał zostać przeniesiony na dalekie odległości przez bezobjawowych siewców, prawdopodobnie kaczki krzyżówki), wskazane jest również wzmożone badanie ptaków dzikich nie wykazujących objawów klinicznych (monitoring czynny).

Wszystkie przypadki zaburzeń klinicznych u drobiu przebiegające z podwyższoną śmiertelnością oraz spadkiem pobierania paszy i wody powinny być natychmiast zgłaszane Inspekcji Weterynaryjnej. Objawy kliniczne u kur i indyków mogą być bardzo gwałtowne i dotyczyć układu nerwowego, oddechowego i pokarmowego. Wstępne dane nt. przebiegu klinicznego u kaczek i gęsi również wskazują na zwiększoną patogenność i śmiertelność jaką powoduje wirus u drobiu wodnego.

Środki prewencyjne powinny obejmować utrzymywanie ptaków w zamknięciu (uniemożliwienie kontaktu z ptakami dzikimi) oraz wzmocnienie zasad bioasekuracji na fermach, celem minimalizacji ryzyka przeniesienia wirusa do gospodarstwa za pośrednictwem zanieczyszczonego sprzętu lub na odzieży, butach i środkach transportu.

Aktualnie nie ma powodu do podejmowania szczególnych działań w odniesieniu do ludzi, wskazana jest jednak rutynowa ostrożność i stosowanie zasad higieny po kontakcie z drobiem oraz ptakami dzikimi.

Powyższy raport będzie wraz z rozwojem sytuacji i zdobywaniem nowych informacji aktualizowany.

Raport przygotował: dr hab. Krzysztof Śmietanka, prof. nadzw., kierownik Zakładu Chorób Drobiu oraz Zakładu Epidemiologii i Oceny Ryzyka PIWet-PIB w Puławach.

*Załącznik nr 1*

Gatunki dzikich ptaków, u których stwierdzano obecność wirusa grypy ptaków podtypu H5N8 w Europie w 2016/2017 roku (wg raportu APHA Weybridge, stan na 6.02.2017 r)

<b>Gatunek</b>	<b>Liczba zdarzeń (%)</b>
Łabędź niemy	176 (21%)
Kaczka (bez identyfikacji gatunku)	102 (12%)
Czernica	77 (9%)
Gatunek nieokreślony w piśmie przewodnim	77 (9%)
Mewa (bez identyfikacji gatunku)	49 (6%)
Łabędź (bez identyfikacji gatunku)	59 (7%)
Łabędź krzykliwy	32 (4%)
Gęś (bez identyfikacji gatunku)	30 (4%)
Mewa srebrzysta	24 (3%)
Krzyżówka	22 (3%)
Świstun	19 (2%)
Bielik zwyczajny	19 (2%)
Mewa śmieszka	17 (2%)
Mewa siodłata	11 (1%)
Perkoz dwuczuby	11 (1%)
Myszołów zwyczajny	12 (1%)

Ponadto 10 lub mniej przypadków wykryto m.in. u gęsi białoczelnej, gęsi gęgawy, gęsi małej, hełmiatki, cyraneczki, krakwy, edredona, ohara, gągoła, głowienki, mewy pospolitej, rybitwy, kulika, samotnika, łyски, kokoszki wodnej, kormorana, bociana białego, kruka, sroki, wrony siwej, czarnowrona, krogulca, puchacza, sowy jarzębatej