

DOI: 10.29326/2304-196X-2023-12-4-293-302
УДК 619:616.98:578.832.1:598.2:599-036.22

Эпизоотическая ситуация в мире по гриппу птиц (2019–2022 гг.). Расширение спектра хозяев как проявление эволюции вируса высокопатогенного гриппа птиц

М. В. Жильцова, Т. П. Акимова, А. В. Варкентин, М. Н. Митрофанова, А. В. Мазнева, В. П. Семакина, Е. С. Выставкина
ФГБУ «Федеральный центр охраны здоровья животных» (ФГБУ «ВНИИЗЖ»), г. Владимир, Россия

РЕЗЮМЕ

Высокопатогенный грипп птиц оказывает значительное негативное влияние на птицеводство, международную торговлю и здоровье популяций диких птиц, вследствие чего данная инфекция требует самого пристального внимания всего международного сообщества. В статье рассмотрены эволюционные и эпизоотические процессы, наблюдаемые в последние годы при возникновении вспышек гриппа птиц во многих странах мира, описаны пути распространения инфекции, превалентность типов вируса в течение нескольких лет, а также вопросы расширения спектра восприимчивых животных, в том числе среди представителей класса *Mammalia*. Показано изменение соотношения типов вируса с 2020 г., когда подавляющее количество обнаруженных вспышек заболевания приходилось на вирус гриппа подтипа H5N8, до 2022 г., когда было выявлено явное преобладание подтипа H5N1. Отмечено заметное расширение ареала заболевания в Центральной и Южной Америке, влияние миграционных, антропогенных и иных факторов на распространение гриппа. Указаны предпосылки к формированию очагов инфекции с участием млекопитающих: как диких, так и сельскохозяйственных, зоопарковых и животных-компаньонов. Случаи инфицирования млекопитающих на Северо-Американском континенте и в Евразии на территориях зоопарков, природных парков, в домохозяйствах и на зверофермах, как правило, совпадают по времени со вспышками инфекции в популяции водоплавающих птиц. Проведен анализ данных WAHIS и показана высокая способность вируса передаваться от птиц в популяцию млекопитающих, таких как куньи (норки, выдры, хорьки, барсуки), кошачьи (домашние кошки, пумы, леопарды, рыси), ластоногие (обыкновенные тюлени, длинномордые тюлени), медведи (бурые, гризли, американские черные), афалины, скунсы, лисы, опоссумы, еноты. Изменение ареалов обитания как перелетных птиц, так и млекопитающих, в том числе вследствие особенностей хозяйственной деятельности человека, добавляет эколого-урбанистическую составляющую к сложному вопросу борьбы с распространением и предотвращением возникновения эпизоотии, представляющей угрозу в том числе и для человека.

Ключевые слова: обзор, грипп птиц, млекопитающие, эпизоотическая ситуация, расширение спектра хозяев

Благодарности: Исследование выполнено в рамках государственного задания по теме «Сбор и анализ эпизоотологических данных для оценки статусов благополучия субъектов Российской Федерации и страны в целом, в том числе для получения и поддержания статусов в соответствии с требованиями Кодекса наземных животных МЭБ».

Для цитирования: Жильцова М. В., Акимова Т. П., Варкентин А. В., Митрофанова М. Н., Мазнева А. В., Семакина В. П., Выставкина Е. С. Эпизоотическая ситуация в мире по гриппу птиц (2019–2022 гг.). Расширение спектра хозяев как проявление эволюции вируса высокопатогенного гриппа птиц. *Ветеринария сегодня*. 2023; 12 (4): 293–302. DOI: 10.29326/2304-196X-2023-12-4-293-302.

Конфликт интересов: Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Для корреспонденции: Жильцова Милена Владимировна, кандидат ветеринарных наук, ведущий научный сотрудник информационно-аналитического центра ФГБУ «ВНИИЗЖ», 600901, Россия, г. Владимир, мкр. Юрьеvec, e-mail: zhiltsova@arriah.ru.

Global avian influenza situation (2019–2022). Host range expansion as evidence of high pathogenicity avian influenza virus evolution

М. V. Zhiltsova, T. P. Akimova, A. V. Varkentin, M. N. Mitrofanova, A. V. Mazneva, V. P. Semakina, E. S. Vystavkina
FGBI "Federal Centre for Animal Health" (FGBI "ARRIAH"), Vladimir, Russia

SUMMARY

High pathogenicity avian influenza has a significant negative impact on poultry farming, international trade and health of wild bird populations, therefore the infection requires the utmost attention of the entire international community. The article investigates the evolutionary and epidemic processes observed in recent years in many countries of the world where avian influenza outbreaks occur; describes the ways of the infection spread; the prevalence of the virus types for the

© Жильцова М. В., Акимова Т. П., Варкентин А. В., Митрофанова М. Н., Мазнева А. В., Семакина В. П., Выставкина Е. С., 2023

last several years, as well as the expansion of the host range, including among representatives of the *Mammalia* class. The change in the ratio between the virus types starting from 2020, when H5N8 subtype was responsible for the overwhelming number of the disease outbreaks reported, until 2022, when an obvious predominance of H5N1 subtype was detected is demonstrated. A noticeable expansion of the disease-affected areas in Central and South America, the influence of migration, anthropogenic and other factors on influenza spread are highlighted. The conditions facilitating the occurrence of the infection outbreaks affecting mammals, wild animals and livestock, zoo and companion animals are described. Cases of mammals' infection on the North American and Eurasian continents in zoos, nature parks, backyards and fur farms, as a rule, coincide in time with the infection outbreaks in waterfowl populations. The WAHIS data were analyzed and the high ability of the virus to spillover from birds to mammals, such as martens (minks, otters, ferrets, badgers), cats (domestic cats, cougars, leopards, lynxes), pinnipeds (common seals, grey seals), bears (brown, grizzly, American black), bottlenose dolphins, skunks, foxes, opossums, raccoons was demonstrated. Changes in the habitats of both migratory birds and mammals, including due to some human economic activities, add an ecological and urban component to the complex task of the control and prevention of the epidemic, also posing a potential threat to humans.

Keywords: review, avian influenza, mammals, disease situation, expansion of the host range

Acknowledgements: The study was conducted within the governmental task "Collection and analysis of epidemiological data to evaluate the animal disease freedom statuses of the Russian Federation Subjects and the whole country, including for the purposes of gaining and maintenance of statuses pursuant to the WOAH Terrestrial Animal Health Code".

For citation: Zhiltsova M. V., Akimova T. P., Varkentin A. V., Mitrofanova M. N., Mazneva A. V., Semakina V. P., Vystavkina E. S. Global avian influenza situation (2019–2022). Host range expansion as evidence of high pathogenicity avian influenza virus evolution. *Veterinary Science Today*. 2023; 12 (4): 293–302. DOI: 10.29326/2304-196X-2023-12-4-293-302.

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

For correspondence: Milena V. Zhiltsova, Candidate of Science (Veterinary Medicine), Leading Researcher, Information and Analysis Centre, FGBI "ARRIAH", 600901, Russia, Vladimir, Yur'evets, e-mail: zhiltsova@arriah.ru.

ВВЕДЕНИЕ

Высокопатогенный грипп птиц (ГП) способен оказывать значительное негативное влияние на птицеводство, международную торговлю и здоровье популяций диких птиц, вследствие чего данная инфекция требует самого пристального внимания всего международного сообщества.

Это заболевание вызывается вирусами, разделенными на несколько подтипов, генетические характеристики которых способны быстро изменяться с течением времени [1, 2].

Вирусы гриппа птиц (ВГП) разделяют на 16 подтипов по гемагглютинину (H1–H16) и 9 подтипов – по нейраминидазе (N1–N9) [3]. Кроме того, признано существование новых подтипов ВГП типа А – H17N10 и H18N11, выделенных от рукокрылых в Гватемале [4, 5].

Основным резервуаром ГП в природе являются дикие птицы, при этом персистенция возбудителя в популяции существенно не отражается на общем состоянии хозяев [6, 7]. Однако занос вируса в неадаптированные группы сельскохозяйственных птиц приводит к тяжелым эпизоотиям с колоссальным экономическим ущербом. Прежде всего, это относится к ВГП подтипов H5, H7 и H9 [8, 9, 10].

Существование подобного резервуара инфекции представляет определенный риск, который должен учитываться при планировании и осуществлении ветеринарно-санитарных мероприятий [7, 11].

Возбудитель ГП весьма устойчив во внешней среде, может сохраняться в течение длительного времени при низких температурах и легко распространяется между фермами, внутри экосистем, в том числе с фомитами (контаминированными предметами ухода, оборудованием). Вирус может преодолевать видовой барьер и инфицировать, хотя и реже, таких животных,

как крысы, мыши, ласки, хорьки, свиньи, кошки, тигры, собаки и лошади. Известны случаи выделения ВГП от различных видов млекопитающих, в том числе человека [3, 12, 13].

Целью исследования был анализ эволюционных и эпизоотических процессов по гриппу птиц в мире в 2019–2022 годах, результаты которого позволяют получить более объективную картину и будут являться основанием для расширения сфер мониторинга ГП.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Работа выполнялась в информационно-аналитическом центре Управления ветеринарного надзора при ФГБУ «ВНИИЗЖ» (г. Владимир). Сбор сведений о случаях заболевания гриппом птиц (например, дата, локализация) проводился на основе статистического материала базы данных WAHID/WAHIS Всемирной организации здравоохранения животных (ВОЗЖ). Также использовалась подборка научных публикаций зарубежных и отечественных авторов.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Распространение заболевания. Инфицированная птица выделяет ВГП с фекалиями и через дыхательные пути. Инфекция передается при прямом контакте с выделениями птиц, через корма и воду. Заболевание имеет выраженную сезонность и является трансграничным. Вирусы гриппа распространяются с мигрирующими птицами, создавая природные резервуары инфекции в местах гнездований [14, 15, 16].

Сельскохозяйственная птица особенно уязвима к инфекции. За счет скученности, породных характеристик, технологических особенностей интенсивного птицеводства ГП может быстро вызывать эпизоотии среди птиц. Кроме того, генетическая вариабельность

Таблица 1
Регистрация различных подтипов вируса гриппа птиц в мире с 2019 по 2022 г.

Table 1
Various subtypes of avian influenza virus reported in the world in 2019–2022

Год	Страны	Выделенные подтипы ВГП	Год	Страны	Выделенные подтипы ВГП
2019	Бутан, Вьетнам, Гана, Египет, Индия, Индонезия, Китай, Непал	H5N1	2021	Сербия, Тайвань	H5N2
	Египет, Тайвань	H5N2		Великобритания, Германия, Дания, Ирландия, Нидерланды	H5N3
	Тайвань	H5N5		Германия, Нидерланды, Швеция, Швейцария	H5N4
	Вьетнам, Камбоджа, Китай	H5N6		Венгрия, Германия, Иран, Румыния, Россия, Тайвань, Швеция	H5N5
	Болгария, Египет, Иран, Израиль, Кувейт, Намибия, Нигерия, Пакистан, Польша, ЮАР	H5N8		Австрия, Бельгия, Вьетнам, Дания, Китай, Чехия	H5N6
	Мексика	H7N3		Австрия, Алжир, Афганистан, Великобритания, Венгрия, Вьетнам, Германия, Гонконг, Дания, Индия, Иран, Ирак, Испания, Израиль, Ирландия, Италия, Китай, Латвия, Литва, Нидерланды, Норвегия, Польша, Румыния, Сербия, Словакия, Украина, Финляндия, Франция, Хорватия, Чехия, Швеция, Эстония, Южная Корея, Япония	H5N8
	Китай	H7N9	Мексика	H7N3	
Бангладеш, Болгария, Дания, Россия	H5 (либо не типирован)	Литва	H7N7		
2020	Великобритания, Вьетнам, Египет, Индия, Италия, Китай, Лаос, Нигерия, Нидерланды, Сенегал	H5N1	2022	Австрия, Бельгия, Гана, Германия, Казахстан, Лаос, Лесото, Пакистан, Румыния, Россия, Украина, Швеция, ЮАР	H5 (либо не типирован)
	Тайвань	H5N2		Албания, Австрия, Алжир, Бельгия, Венгрия, Великобритания, Вьетнам, Германия, Греция, Гренландия, Габон, Гвинея, Гонконг, Гондурас, Дания, Израиль, Индия, Италия, Исландия, Ирландия, Испания, Камерун, Канада, Кипр, Колумбия, Литва, Латвия, Люксембург, Македония, Мали, Мексика, Молдова, Непал, Нигер, Намибия, Нигерия, Нидерланды, Норвегия, Португалия, Польша, Румыния, Россия, Сербия, Словакия, Словения, США, Тайвань, Того, Фарерские острова, Филиппины, Финляндия, Франция, Хорватия, Чехия, Черногория, Чили, Швеция, Швейцария, Эквадор, ЮАР, Южная Корея, Япония	H5N1
	Германия	H5N3		Германия, Польша, Тайвань, ЮАР, Япония	H5N2
	Бельгия, Великобритания, Германия, Дания, Италия, Нидерланды, Россия, Словения, Тайвань, Швеция	H5N5		США	H5N4
	Вьетнам, Китай, Филиппины	H5N6		Норвегия, Финляндия	H5N5
	Болгария, Великобритания, Венгрия, Германия, Дания, Египет, Испания, Италия, Ирландия, Ирак, Иран, Израиль, Кувейт, Литва, Нидерланды, Норвегия, Польша, Россия, Румыния, Саудовская Аравия, Словакия, Словения, Украина, Франция, Хорватия, Чехия, Швеция, ЮАР, Южная Корея, Япония	H5N8		Албания, Ирак, Израиль, Филиппины	H5N8
2021	Палестина	H5N9	Мексика	H7N3	
	Мексика, США	H7N3	Австрия, Бельгия, Канада, Казахстан, Перу, Япония	H5 (либо не типирован)	
	Австралия	H7N7			
	Бельгия, Германия, Казахстан, Украина	H5 (либо не типирован)			
	Австрия, Бельгия, Бенин, Босния и Герцеговина, Гонконг, Великобритания, Венгрия, Вьетнам, Германия, Дания, Израиль, Ирландия, Испания, Италия, Индия, Камбоджа, Канада, Латвия, Люксембург, Мавритания, Мали, Нигер, Нигерия, Нидерланды, Норвегия, Польша, Португалия, Россия, Румыния, Сенегал, Сербия, Словакия, Словения, Тайвань, Того, Фарерские острова, Финляндия, Франция, Хорватия, Чехия, Швеция, Эстония, ЮАР, Южная Корея, Япония	H5N1			

вируса способствует широкому распространению инфекции и появлению вариантов, способных преодолевать межвидовой барьер.

Ежегодно наблюдаются изменения спектра выделяемых ВГП. И если в 2020 г. подавляющее количество зарегистрированных вспышек заболевания приходилось на вирус гриппа подтипа H5N8, то в 2022-м заметно явное преобладание подтипа H5N1 (табл. 1, рис. 1). Кроме

того, расширяется список стран, заявивших о вспышках высокопатогенного ГП.

В течение 2022 г. о новых вспышках ГП сообщили Мали, Исландия, Реюньон (Франция). Впервые в периоде наблюдений (до января 2023 г. включительно) заявили о вспышках высокопатогенного ГП Колумбия, Эквадор, Перу, Венесуэла, Панама, Чили и Боливия [3].

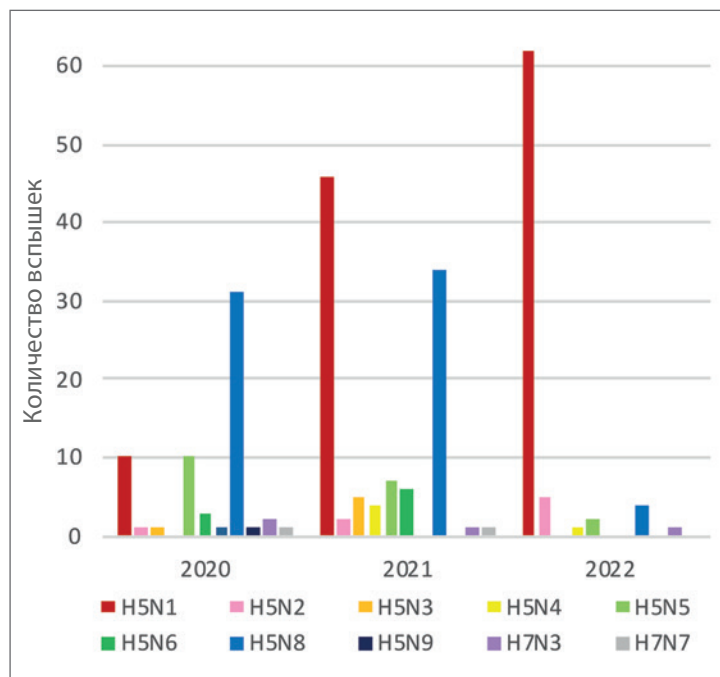


Рис. 1. Превалентность подтипов вируса гриппа по годам

Fig. 1. Prevalence of influenza virus subtypes by year

Таким образом, в настоящее время наблюдается расширение ареала заболевания в Центральной и Южной Америке.

Влияние миграционных факторов на распространение высокопатогенного гриппа птиц. На сегодняшний день общепризнано наличие 14 глобальных миграционных путей перелетной птицы, из которых 8 в той или иной мере имеют отношение к территории России [17].

Наиболее важными в плане возможного распространения ГП в Евразии представляются два миграционных пути: центральноазиатский (место локализации подтипа Н9 – Пакистан) и восточноазиатский (место локализации подтипа Н5 – Юго-Восточная Азия), поскольку пересекают эндемичные по заболеванию районы [6].

Преодолевая значительные расстояния, перелетные птицы способны заносить ВГП на новые территории, места остановок, кормления и гнездования. Контактная с местной фауной, перелетные птицы распространяют вирус в новые популяции, поддерживая циркуляцию патогена и формируя новые миграционные очаги [18].

Следует отметить, что миграционные маршруты не всегда четко определены, однако молекулярно-генетические исследования образцов фекальных или клоакальных смывов, полученных от перелетных водоплавающих птиц, позволяют не только выявить ВГП, но и определить принадлежность выделенного изолята к той или иной генетической линии [19].

Синантропные виды птиц являются своеобразным вектором передачи вируса между резервуаром инфекции в дикой авифауне, восприимчивой домашней птицы и млекопитающими в условиях антропогенной среды. Сочетание описанных факторов в последнее время приводит к регистрации спорадических случаев заболевания у нетипичных для данной инфекции представителей фауны.

Предпосылки инфицирования млекопитающих возбудителем высокопатогенного гриппа птиц.

Контакт с зараженными домашними и дикими водоплавающими птицами, в частности поедание инфицированных птиц, является одним из путей заражения млекопитающих и создает условия, способствующие межвидовой передаче ВГП [20].

В дикой природе риск заражения млекопитающих животными вирусами гриппа типа А обусловлен прежде всего особенностями питания: охотой на птиц или поеданием мертвых птиц. Роль диких млекопитающих, рацион которых включает водоплавающих птиц и их трупы, пока недостаточно изучена в ракурсе изучения эпизоотий ГП. Контакт с синантропными водоплавающими птицами в городах также может послужить причиной заражения млекопитающих животных, в частности кошек и собак [21, 22].

Случаи заражения ВГП подтипа H5N1 домашних собак зафиксированы в литературных источниках. Один из первых случаев задокументирован в 2004 г. в Таиланде и, предположительно, связан с кормлением собаки зараженными тушками уток из неблагополучных по ГП районов [23]. В 2009 г. в Египте изоляты ВГП подтипа H5N1 были выделены из назальных мазков, отобранных у ослов, контактировавших с инфицированной домашней птицей [24]. Исследования показывают восприимчивость к заражению возбудителем ГП подтипа H5N1 лис, куниц и циветт [3, 25, 26, 27].

Восприимчивость представителей семейства Felidae (кошачьи) к высокопатогенному гриппу птиц.

Представители семейства *Felidae* показывают довольно высокую восприимчивость к заражению ВГП подтипа H5N1 [21, 28, 29, 30]. В 2003 и 2004 гг. в зоопарках Таиланда зарегистрирована гибель тигров (*Panthera tigris*) и леопардов (*Panthera pardus*) из-за инфицирования возбудителем ГП подтипа H5N1. В результате произошедшей в зоопарке города Шрирача вспышки заболевания в октябре 2004 г. погибли или были подвержены эвтаназии 147 тигров [31]. Исследователи связывают заражение больших кошек с предшествующей вспышкой высокопатогенного ГП среди домашних птиц [32, 33, 34].

Изучение выделенных от тигров изолятов показало, что вирус подтипа H5N1 более патогенен для кошачьих, чем другие подтипы возбудителя гриппа, кроме того, изменения в структуре геммагглютинина данных изолятов могут способствовать повышению инфекционности вируса для хозяев-млекопитающих [32, 33].

Впервые сообщения о заражении домашних кошек (*Felis catus*) ГП подтипа H5N1 появились в Таиланде в 2004 г. и по времени совпали со вспышками заболевания среди домашней птицы [34, 35].

В 2004 г. вспышка высокопатогенного ГП подтипа H5N1 в Центре спасения дикой природы «Пном Тамао» в Камбодже привела к заражению диких кошек 5 видов: львов (*Panthera leo*), кошек Темминка (*Catopuma temminckii*), дымчатого леопарда (*Neofelis nebulosa*), тигров (*Panthera tigris*) и леопардов (*Panthera pardus*) [36].

Случаи заражения домашних кошек высокопатогенным ВГП подтипа H5N1 с летальным исходом были зарегистрированы в Ираке в начале 2006 г., отмечается, что инфицирование животных произошло во время вспышки заболевания среди домашних птиц [37].

Один из первых случаев заражения высокопатогенным ВГП подтипа H5N1 домашних кошек в Европе зарегистрирован во время вспышки гриппа среди диких птиц на немецком острове Рюген в Балтийском море в феврале 2006 г., где были найдены мертвыми три безнадзорные кошки [38]. Примерно в этот же период были получены изоляты ВГП подтипа H5N1 от трех кошек из приюта для домашних животных в Граце (Австрия) после контакта в том же приюте с инфицированным лебедем. При этом клинических признаков заболевания у кошек не было обнаружено [39]. В 2006 г. был выделен изолят ВГП из внутренних органов павшего кота в Республике Дагестан (Россия) [40].

В начале 2013 г. зарегистрирован случай заражения высокопатогенным ВГП подтипа H5N1 четырехмесячного котенка бенгальского тигра в зоопарке провинции Цзянсу (Китай), закончившийся летальным исходом [41].

Специалисты Медицинского центра Университета имени Эразма Роттердамского (Нидерланды) провели экспериментальное заражение европейских короткошерстных кошек ВГП подтипа H5N1 различными способами. При интратрахеальной инокуляции трем кошкам ВГП подтипа H5N1, выделенного от погибшего после заражения человека, у животных развились тяжелые клинические признаки болезни. Также в данном эксперименте была установлена возможность горизонтальной передачи возбудителя инфекции от кошки к кошке [34]. Данные результаты были примечательны, поскольку в более ранних исследованиях у домашних кошек не отмечали явных клинических признаков заболевания, вызванного инфицированием ВГП [42, 43, 44].

Более поздние исследования продемонстрировали, что домашние кошки могут заражаться несколькими путями и выделять вирус аэрозольно и с фекалиями, что может способствовать реализации горизонтального пути передачи инфекции [45, 46].

В 2010–2012 гг. в Китае были проведены исследования образцов сыворотки крови и смывов из полости носа, отобранных у сотен уличных кошек, живущих в непосредственной близости от птицеводческих ферм или птичьих рынков. В результате определили, что часть животных была инфицирована ВГП подтипа H5N1 [47, 48]. В декабре 2016 г. высокопатогенный ВГП был выявлен у кошек в Южной Корее. Генетический анализ выделенных от зараженных животных изолятов показал их сходство со штаммами ВГП подтипа H5N6, обнаруженными на расположенных поблизости птицефермах [49].

Выделение возбудителя высокопатогенного гриппа птиц от млекопитающих в последние годы. В 2015 г. в ВОЗ поступило сообщение об обнаружении ВГП подтипа H5N1 у тигров в зоопарке Гуанси (Китай) [3].

Первый задокументированный случай заболевания гриппом птиц подтипа H5N1 с характерными клиническими признаками у льва произошел также в Китае в зоопарке Эчжоу провинции Хубэй в 2016 г. [50].

О спорадических случаях инфицирования ВГП морских млекопитающих сообщило Агентство по охране здоровья Великобритании (UK Health Security Agency). Так, по данным агентства, в 2017 г. от серого тюленя (*Halichoerus grypus*) был выделен ВГП подтипа H3N8, а в 2020 г. от серого тюленя и двух обыкновенных тюленей (*Phoca vitulina*) изолировали ВГП подтипа H5N8 [51].

В ноябре 2020 г. на территории графства Суррей в Англии были найдены туши четырех обыкновенных тюленей, одного серого тюленя и одной рыжей лисицы, которые направили в лабораторию для диагностики. При проведении гистопатологического исследования тканей органов лисицы и одного из тюленей выявили поражения, указывающие на острую системную вирусную инфекцию. С помощью вирусологических и молекулярно-биологических методов тестирования образцов установлено инфицирование животных ВГП подтипа H5N8. Две туши тюленей подверглись автолизу, поэтому их утилизировали без проведения диагностики. Поскольку исследования на сопутствующие заболевания не проводились, на тяжесть заболевания, возможно, могли повлиять иные факторы. Ранее подтвержденных случаев заражения лисиц высокопатогенным ВГП подтипа H5N8 зафиксировано не было [3, 52].

Исследователи из Нидерландов при проведении филогенетического анализа изолятов ВГП подтипа H5N1, выделенных в период с декабря 2021 г. по февраль 2022 г. от трех рыжих лисиц, установили их принадлежность к генетической кладе 2.3.4.4b высокопатогенного ВГП, циркулирующего среди диких птиц. Эти изоляты не имели между собой близкого генетического родства, что свидетельствовало о том, что в данном случае вирус не передавался между лисицами [53]. Тем не менее важно отслеживать случаи инфицирования ВГП млекопитающих, чтобы быстро обнаруживать мутации, которые могут увеличить зоонозный потенциал вирусов ГП.

Данные по выявлению инфицирования вирусом гриппа птиц нетипичных хозяев (млекопитающих), представленные в таблице 2 в разделе Дополнительные материалы по адресу <https://doi.org/10.29326/2304-196X-2023-12-4-293-302>, показывают, что в последнее время возбудитель ГП приобрел способность передаваться от птиц в популяцию млекопитающих, таких как куницеобразные (норки, выдры, хорьки, барсуки), кошачьи (домашние кошки, пумы, леопарды, рыси), ластоногие (обыкновенные тюлени, длинномордые тюлени), медведи (бурые, гризли, американские черные), скунсы, афалины, лисы, опоссумы, еноты (рис. 2).

Как правило, случаи заболевания высокопатогенным ГП среди млекопитающих совпадают по времени

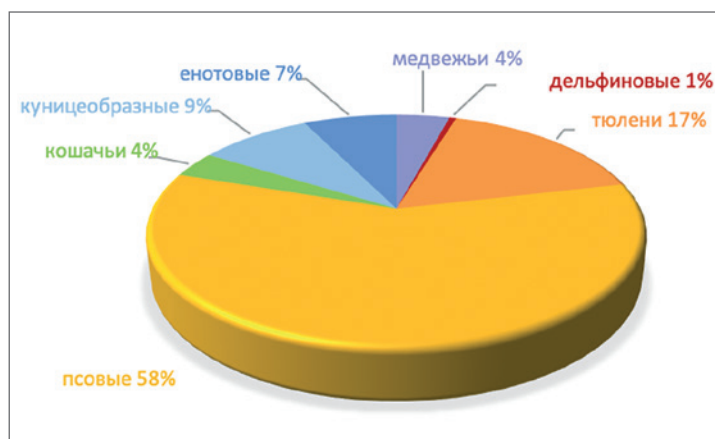


Рис. 2. Доля зараженных вирусом гриппа животных (по семействам)
Fig. 2. Ratio of influenza virus infected animals (by families)

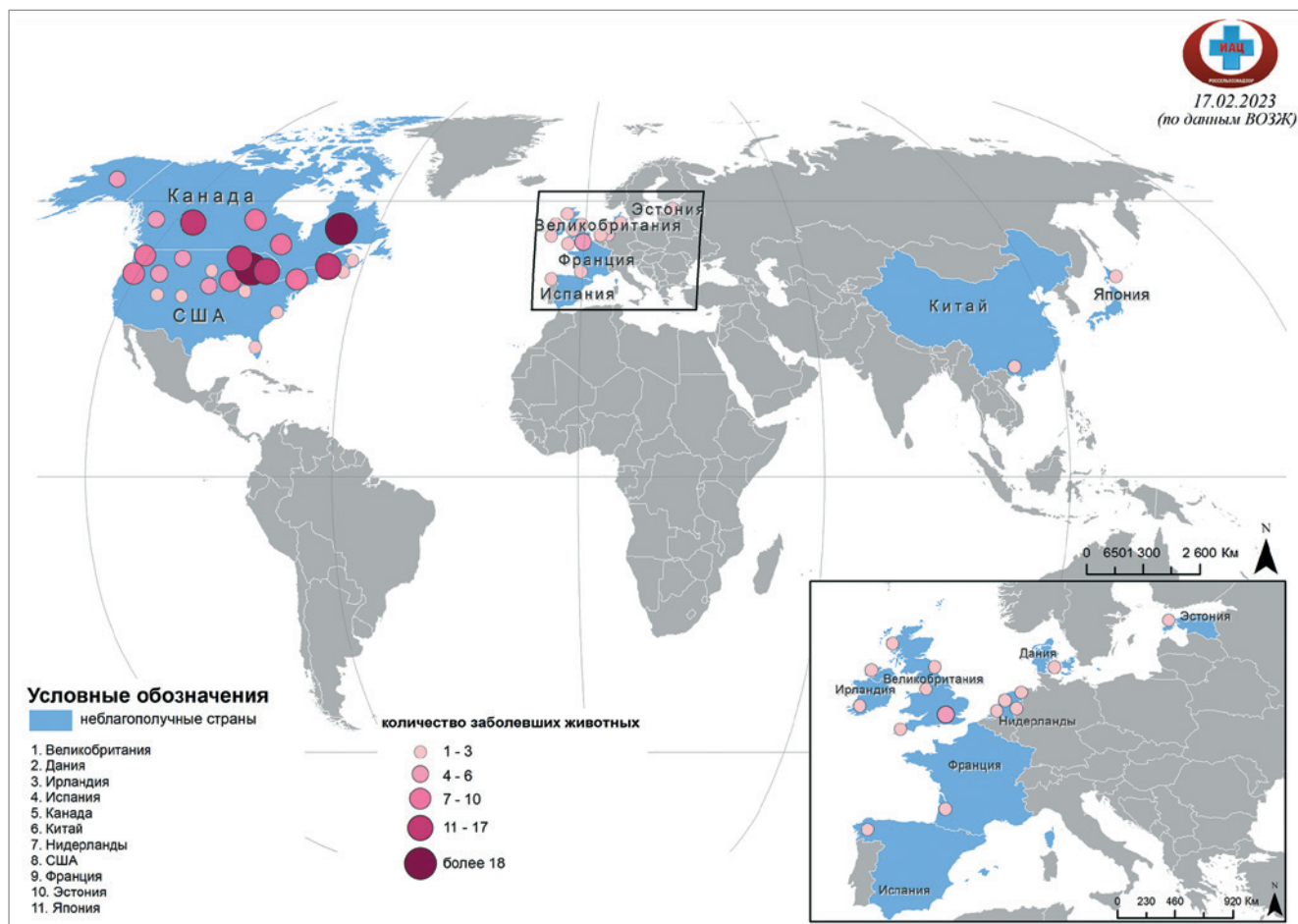


Рис. 3. Распространенность случаев инфицирования млекопитающих вирусом высокопатогенного гриппа птиц (по данным ВОЗЖ)

Fig. 3. Occurrence of HPAI infections in mammals (according to the WOAHA data)

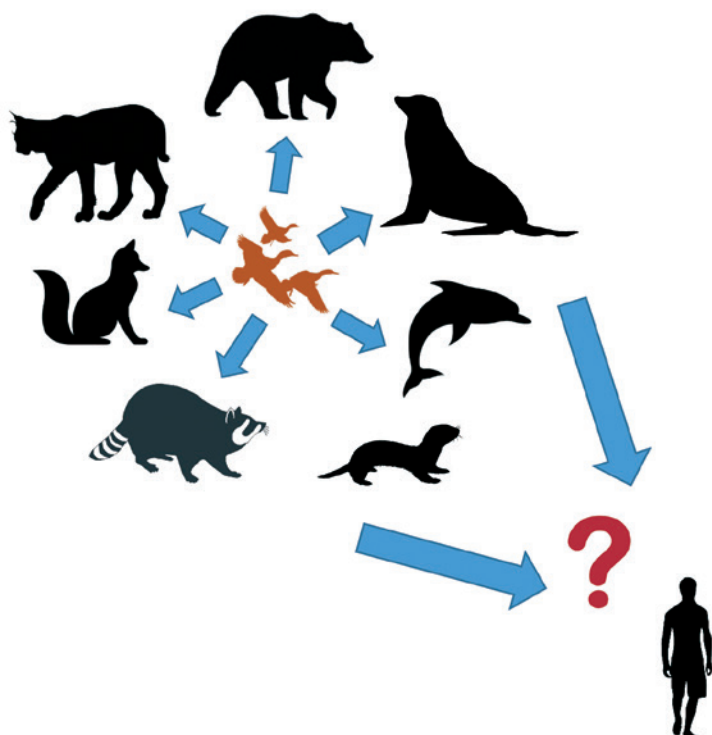


Рис. 4. Риски межвидовой передачи вируса гриппа птиц

Fig. 4. AIV spillover risks

со вспышками инфекции в популяции водоплавающих птиц. Количество зарегистрированных случаев заболевания среди нетипичных хозяев заметно увеличилось: от единичных случаев в 2021 г. до ста с лишним – в 2022-м. Наибольшее количество подобных случаев было зафиксировано в США и Канаде. Об инфицировании млекопитающих ВГП сообщали Франция, Великобритания, Нидерланды, Дания и другие страны (рис. 3).

Мониторинг распространения вируса гриппа у водоплавающих птиц, особенно вне вспышек, – один из способов получения эпизоотологически важной информации.

Передача ГП от птиц к млекопитающим может сыграть важную роль в эволюции новых штаммов вирусов млекопитающих [57, 58]. Расширение ареала распространения высокопатогенного ГП в последние годы, увеличение зарегистрированных случаев заражения млекопитающих вирусами ГП, как показано в таблице 2, значительное увеличение видов, у которых инфекция протекает с выраженной клинической симптоматикой, свидетельствуют о растущем зоонозном потенциале высокопатогенного ВГП подтипа H5N1. Однако исследователи склонны считать, что, для того чтобы спровоцировать серьезную пандемию в человеческой популяции, наличия межвидовой передачи вирусов гриппа как таковой недостаточно [59].

В современных условиях урбанизации количество контактов перелетных птиц с синантропными, домаш-

ними животными и человеком увеличивается многократно, что создает, в свою очередь, провокационные условия как для передачи вируса нетипичным хозяевам, так и для возникновения мутаций, несущих антропоозонозные риски (рис. 4).

Поэтому в настоящее время Научно-консультативная группа по происхождению новых патогенов (SAGO) Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ) изучает новые и возвращающиеся особо опасные инфекции, в том числе и ГП.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Целесообразность проведения всестороннего мониторинга как домашних, так и диких животных, если есть вероятность контакта последних с птицей как дикой, так и домашней (особенно водоплавающей), определяется необходимостью своевременного принятия мер, предотвращающих или снижающих риск циркуляции вируса у нетипичных хозяев. Появление подобного природного резервуара, включающего в себя как типичных хозяев, так и млекопитающих, может создать условия возникновения весьма сложной для мониторинга схемы циркуляции вируса гриппа птиц.

В настоящее время высокопатогенный ГП затрагивает широкий спектр птиц и млекопитающих. Заболевание поражает в том числе редкие, исчезающие виды, что ведет к невосполнимым потерям видового разнообразия.

Изменение (сокращение) ареалов обитания как перелетных птиц, так и млекопитающих вследствие расширения хозяйственной деятельности человека, особенно в Евразии, добавляет эколого-урбанистическую составляющую в вопрос борьбы с распространением ГП и делает более сложным процесс контроля и профилактики инфекции.

Непростая эпизоотическая ситуация по высокопатогенному ГП, сложившаяся в последние годы, требует разработки и внедрения в практику модернизированных мер с учетом последних тенденций в эпизоотологии болезни.

В настоящее время доказательная база в отношении заболевания человека после контакта с инфицированными млекопитающими недостаточна. Тем не менее, поражая широкий круг видов птиц и демонстрируя способность инфицировать млекопитающих, вирус ГП представляет потенциальный риск и для человека.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Онищенко Г. Г., Киселев О. И., Соминина А. А. Усиление надзора и контроля за гриппом как важнейший элемент подготовки к сезонным эпидемиям и очередной пандемии: сборник методических рекомендаций. М.; СПб.; 2004. 77 с.
2. Webster R. G., Hulse-Post D. J., Sturm-Ramirez K. M., Guan Y., Peiris M., Smith G., Chen H. Changing epidemiology and ecology of highly pathogenic avian H5N1 influenza viruses. *Avian Dis.* 2007; 51 (1 Suppl.): 269–272. DOI: 10.1637/7641-050206R.1.
3. World Organisation for Animal Health. Режим доступа: <https://www.woah.org>.
4. Tong S., Li Y., Rivaller P., Conrardy C., Castillo D. A., Chen L. M., et al. A distinct lineage of influenza A virus from bats. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2012; 109 (11): 4269–4274. DOI: 10.1073/pnas.1116200109.
5. Tong S., Zhu X., Li Y., Shi M., Zhag J., Bourgeois M., et al. New World bats harbor diverse influenza A viruses. *PLoS Pathog.* 2013; 9 (10): e1003657. DOI: 10.1371/journal.ppat.1003657.
6. Дудников С. А., Гуленкин В. М. Концепция природной очаговости и гриппа птиц. *Труды Федерального центра охраны здоровья животных.* 2006; 4: 144–162. EDN: MEHSWB.

7. Руководство по вирусологии. Вирусы и вирусные инфекции человека и животных. Под ред. Д. К. Львова. М.: Медицинское информационное агентство; 2013. 1200 с.
8. Атлас вспышек высокопатогенного гриппа птиц на территории Российской Федерации. Сост. В. М. Гуленкин, В. Н. Ирза, А. В. Фролов, А. Е. Пичуев, К. П. Николаева, О. Н. Петрова и др. Владимир: ФГУ «ВНИИЗЖ»; 2009. 553 с.
9. Власов Н. А. Эпизоотическое состояние, стратегия и тактика борьбы с гриппом птиц в РФ. *Материалы II Международного ветеринарного конгресса по птицеводству.* М.; 2006; 23–29.
10. Власов Н. А., Ирза В. Н., Варкентин А. В., Пичуев А. Е., Волков М. С., Фролов А. В. и др. Высокопатогенный грипп птиц. Текущая ситуация и меры контроля. *Ветеринария.* 2010; 1: 3–7. EDN: KZKOWX.
11. Дудникова Н. С., Дрыгин В. В., Щербакова Л. О., Андриясов А. В. Грипп: обзор литературы. Владимир: ФГУ «ВНИИЗЖ»; 2005. 59 с.
12. Шаршов К. А., Марченко В. Ю., Юрлов А. К., Шестопалов А. М. Экология и эволюция высокопатогенного вируса гриппа H5N1 в России (2005–2012 гг.). *Бюллетень ВСНЦ СО РАМН.* 2012; 5-1 (87): 393–396. EDN: PIWESR.
13. Львов Д. К., Щелканов М. Ю., Дерябин П. Г., Прилипов А. Г., Фролов А. В., Федякина И. Т. и др. Эпизоотия среди диких и домашних птиц, вызванная высоковирулентным вирусом гриппа A/H5N1 генотипа 2.2 (Цинхай-сибирский), на пути осенних миграций в северо-восточной части бассейна Азовского моря (Краснодарский край). *Вопросы вирусологии.* 2008; 53 (2): 14–19. EDN: ISFJDL.
14. Бондарев А. Ю. Мониторинг инфекционных болезней диких птиц в лесостепной области Алтайского края: автореф. дис. ... канд. вет. наук. Барнаул; 2010. 23 с.
15. Alexander D. J., Brown I. H. History of highly pathogenic avian influenza. *Rev. Sci. Tech.* 2009; 28 (1): 19–38. DOI: 10.20506/rst.28.1.1856.
16. Webster R. G., Peiris M., Chen H., Guan Y. H5N1 outbreaks and enzootic influenza. *Emerg. Infect. Dis.* 2006; 12 (1): 3–8. DOI: 10.3201/eid1201.051024.
17. Карри-Линдал К. Птицы над сушей и морем: глобальный обзор миграций птиц. М.: Мысль; 1984. 204 с.
18. Львов Д. К., Ильичев В. Д. Миграция птиц и перенос возбудителей инфекции (эколого-географические связи птиц с возбудителями инфекции). М.: Наука; 1979. 270 с.
19. Bui V. N., Ogawa H., Karibe K., Matsuo K., Nguyen T. H., Awad S. S., et al. Surveillance of avian influenza virus in migratory water birds in eastern Hokkaido, Japan. *J. Vet. Med. Sci.* 2011; 73 (2): 209–215. DOI: 10.1292/jvms.10-0356.
20. Kaplan B. S., Webby R. J. The avian and mammalian host range of highly pathogenic avian H5N1 influenza. *Virus Res.* 2013; 178 (1): 3–11. DOI: 10.1016/j.virusres.2013.09.004.
21. Soilemetzidou E. S., De Bruin E., Franz M., Aschenborn O. H. K., Rimmelzwaan G. F., van Beek R., et al. Diet may drive influenza A virus exposure in African mammals. *J. Infect. Dis.* 2020; 221 (2): 175–182. DOI: 10.1093/infdis/jiz032.
22. Тимофеева Т. А., Руднева И. А., Ломакина Н. Ф., Тимофеева Е. Б., Куприянова И. М., Ляшко А. В. и др. Мутации в геноме вирусов гриппа птиц подтипов H1 и H5, ответственные за адаптацию к млекопитающим. *MIR J.* 2021; 8 (1): 50–61. DOI: 10.18527/2500-2236-2021-8-1-50-61.
23. Songserm T., Amonsin A., Jam-on R., Sae-Heng N., Pariyothorn N., Payungporn S., et al. Fatal avian influenza A H5N1 in a dog. *Emerg. Infect. Dis.* 2006; 12 (11): 1744–1747. DOI: 10.3201/eid1211.060542.
24. Abdel-Moneim A. S., Abdel-Ghany A. E., Shany S. A. Isolation and characterization of highly pathogenic avian influenza virus subtype H5N1 from donkeys. *J. Biomed. Sci.* 2010; 17 (1): 25. DOI: 10.1186/1423-0127-17-25.
25. Robertson S. I., Bell D. J., Smith G. J., Nicholls J. M., Chan K. N., Nguyen D. N., et al. Avian influenza H5N1 in viverrids: implications for wildlife health and conservation. *Proc. Biol. Sci.* 2006; 273 (1595): 1729–1732. DOI: 10.1098/rspb.2006.3549.
26. Klopfeisch R., Wolf P. U., Wolf C., Harder T., Starick E., Niebuhr M., et al. Encephalitis in a stone marten (*Martes foina*) after natural infection with highly pathogenic avian influenza virus subtype H5N1. *J. Comp. Pathol.* 2007; 137 (2–3): 155–159. DOI: 10.1016/j.jcpa.2007.06.001.
27. Rijks J. M., Hesselink H., Lollinga P., Wesselink R., Prins P., Weesendorp E., et al. Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus in wild red foxes, the Netherlands, 2021. *Emerg. Infect. Dis.* 2021; 27 (11): 2960–2962. DOI: 10.3201/eid2711.211281.
28. Marschall J., Hartmann K. Avian influenza A H5N1 infections in cats. *J. Feline Med. Surg.* 2008; 10 (4): 359–365. DOI: 10.1016/j.jfms.2008.03.005.
29. Frymson T., Belák S., Egberink H., Hofmann-Lehmann R., Marsilio F., Addie D. D., et al. Influenza virus infections in cats. *Viruses.* 2021; 13 (8): 1435. DOI: 10.3390/v13081435.
30. Kim H. M., Park E. H., Yum J., Kim H. S., Seo S. H. Greater virulence of highly pathogenic H5N1 influenza virus in cats than in dogs. *Arch. Virol.* 2015; 160 (1): 305–313. DOI: 10.1007/s00705-014-2284-z.

31. Thanawongnuwech R., Amonsin A., Tantilertcharoen R., Damrongwatanapokin S., Theamboonlers A., Payungporn S., et al. Probable tiger-to-tiger transmission of avian influenza H5N1. *Emerg. Infect. Dis.* 2005; 11 (5): 699–701. DOI: 10.3201/eid1105.050007.
32. Keawcharoen J., Oraveerakul K., Kuiken T., Fouchier R. A., Amonsin A., Payungporn S., et al. Avian influenza H5N1 in tigers and leopards. *Emerg. Infect. Dis.* 2004; 10 (12): 2189–2191. DOI: 10.3201/eid1012.040759.
33. Amonsin A., Payungporn S., Theamboonlers A., Thanawongnuwech R., Suradhat S., Pariyothorn N., et al. Genetic characterization of H5N1 influenza A viruses isolated from zoo tigers in Thailand. *Virology.* 2006; 344 (2): 480–491. DOI: 10.1016/j.virol.2005.08.032.
34. Kuiken T., Rimmelzwaan G., van Riel D., van Amerongen G., Baars M., Fouchier R., et al. Avian H5N1 influenza in cats. *Science.* 2004; 306 (5694): 241. DOI: 10.1126/science.1102287.
35. Thiry E., Zicola A., Addie D., Egberink H., Hartmann K., Lutz H., et al. Highly pathogenic avian influenza H5N1 virus in cats and other carnivores. *Vet. Microbiol.* 2007; 122 (1–2): 25–31. DOI: 10.1016/j.vetmic.2006.12.021.
36. Desvaux S., Marx N., Ong S., Gaidet N., Hunt M., Manuguerira J. C., et al. Highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) outbreak in captive wild birds and cats, Cambodia. *Emerg. Infect. Dis.* 2009; 15 (3): 475–478. DOI: 10.3201/eid1503.071410.
37. Yingst S. L., Saad M. D., Felt S. A. Qinghai-like H5N1 from domestic cats, northern Iraq. *Emerg. Infect. Dis.* 2006; 12 (8): 1295–1297. DOI: 10.3201/eid1208.060264.
38. Klopfeisch R., Wolf P. U., Uhl W., Gerst S., Harder T., Starick E., et al. Distribution of lesions and antigen of highly pathogenic avian influenza virus A/Swan/Germany/R65/06 (H5N1) in domestic cats after presumptive infection by wild birds. *Vet. Pathol.* 2007; 44 (3): 261–268. DOI: 10.1354/vp.44-3-261.
39. Leschnik M., Weikel J., Möstl K., Revilla-Fernández S., Wodak E., Bagó Z., et al. Subclinical infection with avian influenza A (H5N1) virus in cats. *Emerg. Infect. Dis.* 2007; 13 (2): 243–247. DOI: 10.3201/eid1302.060608.
40. Чвала И. А., Манин Т. Б., Дрыгин В. В., Белик Е. В. Биологические свойства вируса гриппа птиц подтипа H5N1, выделенного в Российской Федерации в 2006 году. *Ветеринарная патология.* 2007; 4 (23): 118–121. EDN: OFAAGJ.
41. He S., Shi J., Qi X., Huang G., Chen H., Lu C. Lethal infection by a novel reassortant H5N1 avian influenza A virus in a zoo-housed tiger. *Microbes Infect.* 2015; 17 (1): 54–61. DOI: 10.1016/j.micinf.2014.10.004.
42. Paniker C. K., Nair C. M. Infection with A2 Hong Kong influenza virus in domestic cats. *Bull. World Health Organ.* 1970; 43 (6): 859–862. PMID: 5314017.
43. Paniker C. K., Nair C. M. Experimental infection of animals with influenza virus types A and B. *Bull. World Health Organ.* 1972; 47 (4): 461–463. PMID: 4196340.
44. Hinshaw V. S., Webster R. G., Easterday B. C., Bean W. J. Jr. Replication of avian influenza A viruses in mammals. *Infect. Immun.* 1981; 34 (2): 354–361. DOI: 10.1128/iai.34.2.354-361.1981.
45. Rimmelzwaan G. F., van Riel D., Baars M., Bestebroer T. M., van Amerongen G., Fouchier R. A., et al. Influenza A virus (H5N1) infection in cats causes systemic disease with potential novel routes of virus spread within and between hosts. *Am. J. Pathol.* 2006; 168 (1): 176–183. DOI: 10.2353/ajpath.2006.050466.
46. Vahlenkamp T. W., Harder T. C. Influenza virus infections in mammals. *Berl. Munch. Tierarztl. Wochenschr.* 2006; 119 (3–4): 123–131. PMID: 16573202.
47. Zhou H., He S. Y., Sun L., He H., Ji F., Sun Y., et al. Serological evidence of avian influenza virus and canine influenza virus infections among stray cats in live poultry markets, China. *Vet. Microbiol.* 2015; 175 (2–4): 369–373. DOI: 10.1016/j.vetmic.2014.12.018.
48. Zhao F. R., Zhou D. H., Zhang Y. G., Shao J. J., Lin T., Li Y. F., et al. Detection prevalence of H5N1 avian influenza virus among stray cats in eastern China. *J. Med. Virol.* 2015; 87 (8): 1436–1440. DOI: 10.1002/jmv.24216.
49. Lee K., Lee E. K., Lee H., Heo G. B., Lee Y. N., Jung J. Y., et al. Highly pathogenic avian influenza A (H5N6) in domestic cats, South Korea. *Emerg. Infect. Dis.* 2018; 24 (12): 2343–2347. DOI: 10.3201/eid2412.180290.
50. Chen Q., Wang H., Zhao L., Ma L., Wang R., Lei Y., et al. First documented case of avian influenza (H5N1) virus infection in a lion. *Emerg. Microbes Infect.* 2016; 5 (12): e125. DOI: 10.1038/emi.2016.127.
51. Influenza of avian origin in UK seal populations: qualitative assessment of the risk to the UK human population: research and analysis. *UK Health Security Agency.* July 19, 2022. Режим доступа: <https://www.gov.uk/government/publications/avian-influenza-in-uk-seal-populations-hairs-risk-assessment/influenza-of-avian-origin-in-uk-seal-populations-qualitative-assessment-of-the-risk-to-the-uk-human-population>.
52. Floyd T., Banyard A. C., Lean F. Z. X., Byrne A. M., Fullick E., Whitard E., et al. Encephalitis and death in wild mammals at a rehabilitation center after infection with highly pathogenic avian influenza A (H5N8) virus, United Kingdom. *Emerg. Infect. Dis.* 2021; 27 (11): 2856–2863. DOI: 10.3201/eid2711.211225.
53. Bordes L., Vreman S., Heutink R., Roose M., Venema S., Pritz-Verschuren S. B. E., et al. Highly pathogenic avian influenza H5N1 virus infections in wild red foxes (*Vulpes vulpes*) show neurotropism and adaptive virus mutations. *Microbiol. Spectr.* 2023; 11 (1): e0286722. DOI: 10.1128/spectrum.02867-22.
54. Confirmed findings of influenza of avian origin in non-avian wildlife: research and analysis. *Animal & Plant Health Agency; Department for Environment Food & Rural Affairs.* March 15, 2023. Режим доступа: <https://www.gov.uk/government/publications/bird-flu-avian-influenza-findings-in-non-avian-wildlife/confirmed-findings-of-influenza-of-avian-origin-in-non-avian-wildlife>.
55. HPAI confirmed in 3 baby red foxes in Michigan. *PoultryMed: Infectious Diseases.* May 12, 2022. Режим доступа: <https://www.poultrymed.com/Poultrymed/Templates/showpage.asp?DBID=1&LNGID=1&TMID=178&FID=4985&PID=0&IID=82484>.
56. Spain: Avian influenza H5N1 in a mink farm. *PoultryMed: Infectious Diseases.* October 21, 2022. Режим доступа: <https://www.poultrymed.com/Poultrymed/Templates/showpage.asp?DBID=1&LNGID=1&TMID=178&FID=4985&PID=0&IID=82869>.
57. Karlsson E. A., Ip H. S., Hall J. S., Yoon S. W., Johnson J., Beck M. A., et al. Respiratory transmission of an avian H3N8 influenza virus isolated from a harbour seal. *Nat. Commun.* 2014; 5:4791. DOI: 10.1038/ncomms5791.
58. Reperant L. A., Rimmelzwaan G. F., Kuiken T. Avian influenza viruses in mammals. *Rev. Sci. Tech.* 2009; 28 (1): 137–159. DOI: 10.20506/rst.28.1.1876.
59. Van Reeth K. Avian and swine influenza viruses: our current understanding of the zoonotic risk. *Vet. Res.* 2007; 38 (2): 243–260. DOI: 10.1051/vetres:2006062.

REFERENCES

- Onishchenko G. G., Kiselev O. I., Sominina A. A. Enhancement of influenza surveillance and control as the most important factor in preparation to seasonal epidemics and another pandemic: guideline. Moscow; Saint Petersburg; 2004. 77 p. (in Russ.)
- Webster R. G., Hulse-Post D. J., Sturm-Ramirez K. M., Guan Y., Peiris M., Smith G., Chen H. Changing epidemiology and ecology of highly pathogenic avian H5N1 influenza viruses. *Avian Dis.* 2007; 51 (1 Suppl): 269–272. DOI: 10.1637/7641-050206R.1.
- World Organisation for Animal Health. Available at: <https://www.woah.org>.
- Tong S., Li Y., Rivaller P., Conrardy C., Castillo D. A., Chen L. M., et al. A distinct lineage of influenza A virus from bats. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2012; 109 (11): 4269–4274. DOI: 10.1073/pnas.1116200109.
- Tong S., Zhu X., Li Y., Shi M., Zhag J., Bourgeois M., et al. New world bats harbor diverse influenza A viruses. *PLoS Pathog.* 2013; 9 (10): e1003657. DOI: 10.1371/journal.ppat.1003657.
- Doudnikov S. A., Gulyonkin V. M. Wildlife reservoir and avian influenza. *Proceedings of the Federal Centre for Animal Health.* 2006; 4: 144–162. EDN: MEHSWB. (in Russ.)
- Guidance on Virology. Human and Animal Viruses and Viral Infections. Ed. by D. K. Lvov. Moscow: Meditsinskoe informatsionnoe agentstvo; 2013. 1200 p. (in Russ.)
- The atlas of highly pathogenic avian influenza outbreaks in the territory of the Russian Federation. Compiled by V. M. Gulenkin, V. N. Irza, A. V. Frolov, A. Ye. Pichuyev, K. P. Nikolaeva, O. N. Petrova, et al. Vladimir: FGI "ARRIAH"; 2009. 553 p. (in Russ.)
- Vlasov N. A. Epizooticheskoe sostoyanie, strategiya i taktika bor'by s grippom ptits v RF = Avian influenza situation, control strategy and tactics in the RF. *Materialy II Mezhdunarodnogo veterinarnogo kongressa po ptitsevodstvu = Proceedings of the II International Veterinary Congress on Poultry Farming.* Moscow; 2006; 23–29. (in Russ.)
- Vlasov N. A., Irza V. N., Varkentin A. V., Pichuyev A. Ye., Volkov M. S., Frolov A. V., et al. Highly pathogenic avian influenza. Current situation and control measures. *Veterinariya.* 2010; 1: 3–7. EDN: KZKOWX. (in Russ.)
- Dudnikova H. S., Drygin V. V., Scherbakova L. O., Andriyasov A. V. Influenza: Review of literature. Vladimir: FGI "ARRIAH"; 2005. 59 p. (in Russ.)
- Sharshov K. A., Marchenko V. Yu., Yurlov A. K., Shestopalov A. M. Ecology and evolution of highly pathogenic avian influenza H5N1 in Russia (2005–2012). *Bulletin of ESSC SB RAMS.* 2012; 5-1 (87): 393–396. EDN: PIWESR. (in Russ.)
- Lvov D. K., Shchelkanov M. Yu., Deryabin P. G., Prilipov A. G., Frolov A. V., Fedyakina I. T., et al. Epizooty caused by high-virulent influenza virus A/H5N1 of genotype 2.2 (Tzinkhai-Siberian) among wild and domestic birds on the paths of fall migrations to the north-western part of the Azov Sea basin (Krasnodar Territory). *Problems of Virology.* 2008; 53 (2): 14–19. EDN: ISFJDL. (in Russ.)

14. Bondarev A. Yu. Monitoring of infectious diseases in wild birds of forest-steppe areas of the Altay Krai: Author's Abstract of Thesis for degree of Candidate of Science (Veterinary Medicine). Barnaul; 2010. 23 p. (in Russ.)
15. Alexander D. J., Brown I. H. History of highly pathogenic avian influenza. *Rev. Sci. Tech.* 2009; 28 (1): 19–38. DOI: 10.20506/rst.28.1.1856.
16. Webster R. G., Peiris M., Chen H., Guan Y. H5N1 outbreaks and enzootic influenza. *Emerg. Infect. Dis.* 2006; 12 (1): 3–8. DOI: 10.3201/eid1201.051024.
17. Curry-Lindahl K. Fåglar över land och hav: En global översikt av fåglarnas flyttning. Stockholm: Albert Bonniers Förlag; 1975. 243 p. (in Swedish)
18. Lvov D. K., Ilyichev V. D. Migrations of birds and spread of infection agents (ecological and geographical links between birds and infectious agents). Moscow: Nauka; 1979. 270 p. (in Russ.)
19. Bui V. N., Ogawa H., Karibe K., Matsuo K., Nguyen T. H., Awad S. S., et al. Surveillance of avian influenza virus in migratory water birds in eastern Hokkaido, Japan. *J. Vet. Med. Sci.* 2011; 73 (2): 209–215. DOI: 10.1292/jvms.10-0356.
20. Kaplan B. S., Webby R. J. The avian and mammalian host range of highly pathogenic avian H5N1 influenza. *Virus Res.* 2013; 178 (1): 3–11. DOI: 10.1016/j.virusres.2013.09.004.
21. Soilemetzidou E. S., De Bruin E., Franz M., Aschenborn O. H. K., Rimmelzwaan G. F., van Beek R., et al. Diet may drive influenza A virus exposure in African mammals. *J. Infect. Dis.* 2020; 221 (2): 175–182. DOI: 10.1093/infdis/jiz032.
22. Timofeeva T. A., Rudneva I. A., Lomakina N. F., Timofeeva E. B., Kupriyanova I. M., Lyashko A. V., et al. Mutations in the genome of avian influenza viruses of H1 and H5 subtypes responsible for adaptation to mammals. *MIR J.* 2021; 8 (1): 50–61. DOI: 10.18527/2500-2236-2021-8-1-50-61. (in Russ.)
23. Songserm T., Amonsin A., Jam-on R., Sae-Heng N., Pariyothorn N., Payungporn S., et al. Fatal avian influenza A H5N1 in a dog. *Emerg. Infect. Dis.* 2006; 12 (11): 1744–1747. DOI: 10.3201/eid1211.060542.
24. Abdel-Moneim A. S., Abdel-Ghany A. E., Shany S. A. Isolation and characterization of highly pathogenic avian influenza virus subtype H5N1 from donkeys. *J. Biomed. Sci.* 2010; 17 (1):25. DOI: 10.1186/1423-0127-17-25.
25. Robertson S. I., Bell D. J., Smith G. J., Nicholls J. M., Chan K. N., Nguyen D. N., et al. Avian influenza H5N1 in viverrids: implications for wildlife health and conservation. *Proc. Biol. Sci.* 2006; 273 (1595): 1729–1732. DOI: 10.1098/rspb.2006.3549.
26. Klopfeisch R., Wolf P. U., Wolf C., Harder T., Starick E., Niebuhr M., et al. Encephalitis in a stone marten (*Martes foina*) after natural infection with highly pathogenic avian influenza virus subtype H5N1. *J. Comp. Pathol.* 2007; 137 (2–3): 155–159. DOI: 10.1016/j.jcpa.2007.06.001.
27. Rijks J. M., Hesselink H., Lollinga P., Wesselman R., Prins P., Weesendorp E., et al. Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus in wild red foxes, the Netherlands, 2021. *Emerg. Infect. Dis.* 2021; 27 (11): 2960–2962. DOI: 10.3201/eid2711.211281.
28. Marschall J., Hartmann K. Avian influenza A H5N1 infections in cats. *J. Feline Med. Surg.* 2008; 10 (4): 359–365. DOI: 10.1016/j.jfms.2008.03.005.
29. Frymus T., Belák S., Egberink H., Hofmann-Lehmann R., Marsilio F., Addie D. D., et al. Influenza virus infections in cats. *Viruses.* 2021; 13 (8):1435. DOI: 10.3390/v13081435.
30. Kim H. M., Park E. H., Yum J., Kim H. S., Seo S. H. Greater virulence of highly pathogenic H5N1 influenza virus in cats than in dogs. *Arch. Virol.* 2015; 160 (1): 305–313. DOI: 10.1007/s00705-014-2284-z.
31. Thanawongnuwech R., Amonsin A., Tantilertcharoen R., Damrongwatanapokin S., Theamboonlers A., Payungporn S., et al. Probable tiger-to-tiger transmission of avian influenza H5N1. *Emerg. Infect. Dis.* 2005; 11 (5): 699–701. DOI: 10.3201/eid1105.050007.
32. Keawcharoen J., Oraveerakul K., Kuiken T., Fouchier R. A., Amonsin A., Payungporn S., et al. Avian influenza H5N1 in tigers and leopards. *Emerg. Infect. Dis.* 2004; 10 (12): 2189–2191. DOI: 10.3201/eid1012.040759.
33. Amonsin A., Payungporn S., Theamboonlers A., Thanawongnuwech R., Suradhat S., Pariyothorn N., et al. Genetic characterization of H5N1 influenza A viruses isolated from zoo tigers in Thailand. *Virology.* 2006; 344 (2): 480–491. DOI: 10.1016/j.virol.2005.08.032.
34. Kuiken T., Rimmelzwaan G., van Riel D., van Amerongen G., Baars M., Fouchier R., et al. Avian H5N1 influenza in cats. *Science.* 2004; 306 (5694):241. DOI: 10.1126/science.1102287.
35. Thiry E., Zicola A., Addie D., Egberink H., Hartmann K., Lutz H., et al. Highly pathogenic avian influenza H5N1 virus in cats and other carnivores. *Vet. Microbiol.* 2007; 122 (1–2): 25–31. DOI: 10.1016/j.vetmic.2006.12.021.
36. Desvaux S., Marx N., Ong S., Gaidet N., Hunt M., Manuquer J. C., et al. Highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) outbreak in captive wild birds and cats, Cambodia. *Emerg. Infect. Dis.* 2009; 15 (3): 475–478. DOI: 10.3201/eid1503.071410.
37. Yingst S. L., Saad M. D., Felt S. A. Qinghai-like H5N1 from domestic cats, northern Iraq. *Emerg. Infect. Dis.* 2006; 12 (8): 1295–1297. DOI: 10.3201/eid1208.060264.
38. Klopfeisch R., Wolf P. U., Uhl W., Gerst S., Harder T., Starick E., et al. Distribution of lesions and antigen of highly pathogenic avian influenza virus A/Swan/Germany/R65/06 (H5N1) in domestic cats after presumptive infection by wild birds. *Vet. Pathol.* 2007; 44 (3): 261–268. DOI: 10.1354/vp.44-3-261.
39. Leschnik M., Weikel J., Möstl K., Revilla-Fernández S., Wodak E., Bagó Z., et al. Subclinical infection with avian influenza A (H5N1) virus in cats. *Emerg. Infect. Dis.* 2007; 13 (2): 243–247. DOI: 10.3201/eid1302.060608.
40. Chvala I. A., Manin T. B., Drygin V. V., Belik Ye. V. Biological characteristics of avian influenza subtype H5N1 virus isolated in the Russian Federation in 2006. *Veterinary Pathology.* 2007; 4 (23): 118–121. EDN: OFAAGJ. (in Russ.)
41. He S., Shi J., Qi X., Huang G., Chen H., Lu C. Lethal infection by a novel reassortant H5N1 avian influenza A virus in a zoo-housed tiger. *Microbes Infect.* 2015; 17 (1): 54–61. DOI: 10.1016/j.micinf.2014.10.004.
42. Paniker C. K., Nair C. M. Infection with A2 Hong Kong influenza virus in domestic cats. *Bull. World Health Organ.* 1970; 43 (6): 859–862. PMID: 5314017.
43. Paniker C. K., Nair C. M. Experimental infection of animals with influenza virus types A and B. *Bull. World Health Organ.* 1972; 47 (4): 461–463. PMID: 4196340.
44. Hinshaw V. S., Webster R. G., Easterday B. C., Bean W. J. Jr. Replication of avian influenza A viruses in mammals. *Infect. Immun.* 1981; 34 (2): 354–361. DOI: 10.1128/iai.34.2.354-361.1981.
45. Rimmelzwaan G. F., van Riel D., Baars M., Bestebroer T. M., van Amerongen G., Fouchier R. A., et al. Influenza A virus (H5N1) infection in cats causes systemic disease with potential novel routes of virus spread within and between hosts. *Am. J. Pathol.* 2006; 168 (1): 176–183. DOI: 10.2353/ajpath.2006.050466.
46. Vahlenkamp T. W., Harder T. C. Influenza virus infections in mammals. *Berl. Munch. Tierarztl. Wochenschr.* 2006; 119 (3–4): 123–131. PMID: 16573202.
47. Zhou H., He S. Y., Sun L., He H., Ji F., Sun Y., et al. Serological evidence of avian influenza virus and canine influenza virus infections among stray cats in live poultry markets, China. *Vet. Microbiol.* 2015; 175 (2–4): 369–373. DOI: 10.1016/j.vetmic.2014.12.018.
48. Zhao F. R., Zhou D. H., Zhang Y. G., Shao J. J., Lin T., Li Y. F., et al. Detection prevalence of H5N1 avian influenza virus among stray cats in eastern China. *J. Med. Virol.* 2015; 87 (8): 1436–1440. DOI: 10.1002/jmv.24216.
49. Lee K., Lee E. K., Lee H., Heo G. B., Lee Y. N., Jung J. Y., et al. Highly pathogenic avian influenza A (H5N6) in domestic cats, South Korea. *Emerg. Infect. Dis.* 2018; 24 (12): 2343–2347. DOI: 10.3201/eid2412.180290.
50. Chen Q., Wang H., Zhao L., Ma L., Wang R., Lei Y., et al. First documented case of avian influenza (H5N1) virus infection in a lion. *Emerg. Microbes Infect.* 2016; 5 (12):e125. DOI: 10.1038/emi.2016.127.
51. Influenza of avian origin in UK seal populations: qualitative assessment of the risk to the UK human population: research and analysis. *UK Health Security Agency.* July 19, 2022. Available at: <https://www.gov.uk/government/publications/avian-influenza-in-uk-seal-populations-hairs-risk-assessment/influenza-of-avian-origin-in-uk-seal-populations-qualitative-assessment-of-the-risk-to-the-uk-human-population>.
52. Floyd T., Banyard A. C., Lean F. Z. X., Byrne A. M., Fullick E., Whitford E., et al. Encephalitis and death in wild mammals at a rehabilitation center after infection with highly pathogenic avian influenza A (H5N8) virus, United Kingdom. *Emerg. Infect. Dis.* 2021; 27 (11): 2856–2863. DOI: 10.3201/eid2711.211225.
53. Bordes L., Vreman S., Heutink R., Roose M., Venema S., Pritz-Verschuren S. B. E., et al. Highly pathogenic avian influenza H5N1 virus infections in wild red foxes (*Vulpes vulpes*) show neurotropism and adaptive virus mutations. *Microbiol. Spectr.* 2023; 11 (1):e0286722. DOI: 10.1128/spectrum.02867-22.
54. Confirmed findings of influenza of avian origin in non-avian wildlife: research and analysis. *Animal & Plant Health Agency; Department for Environment Food & Rural Affairs.* March 15, 2023. Available at: <https://www.gov.uk/government/publications/bird-flu-avian-influenza-findings-in-non-avian-wildlife/confirmed-findings-of-influenza-of-avian-origin-in-non-avian-wildlife>.
55. HPAI confirmed in 3 baby red foxes in Michigan. *PoultryMed: Infectious Diseases.* May 12, 2022. Available at: <https://www.poultrymed.com/Poultrymed/Templates/showpage.asp?DBID=1&LNGID=1&TMID=178&FID=4985&PID=0&IID=82484>.
56. Spain: Avian influenza H5N1 in a mink farm. *PoultryMed: Infectious Diseases.* October 21, 2022. Available at: <https://www.poultrymed.com/Poultrymed/Templates/showpage.asp?DBID=1&LNGID=1&TMID=178&FID=4985&PID=0&IID=82869>.
57. Karlsson E. A., Ip H. S., Hall J. S., Yoon S. W., Johnson J., Beck M. A., et al. Respiratory transmission of an avian H3N8 influenza virus isolated from a harbour seal. *Nat. Commun.* 2014; 5:4791. DOI: 10.1038/ncomms5791.

58. Reperant L. A., Rimmelzwaan G. F., Kuiken T. Avian influenza viruses in mammals. *Rev. Sci. Tech.* 2009; 28 (1): 137–159. DOI: 10.20506/rst.28.1.1876.

59. Van Reeth K. Avian and swine influenza viruses: our current understanding of the zoonotic risk. *Vet. Res.* 2007; 38 (2): 243–260. DOI: 10.1051/vetres:2006062.

Поступила в редакцию / Received 25.07.2023

Поступила после рецензирования / Revised 28.08.2023

Принята к публикации / Accepted 09.10.2023

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ / INFORMATION ABOUT THE AUTHORS

Жильцова Милена Владимировна, кандидат ветеринарных наук, ведущий научный сотрудник информационно-аналитического центра ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия; <https://orcid.org/0000-0002-0264-9351>, e-mail: zhiltsova@arriah.ru.

Акимова Татьяна Петровна, ведущий ветеринарный врач информационно-аналитического центра ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия; <https://orcid.org/0000-0003-3502-1146>, e-mail: akimova@arriah.ru.

Варкентин Андрей Владимирович, кандидат ветеринарных наук, заведующий сектором информационно-аналитического центра ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия; <https://orcid.org/0000-0002-9732-1083>, e-mail: varkentin@arriah.ru.

Митрофанова Мария Николаевна, кандидат ветеринарных наук, младший научный сотрудник информационно-аналитического центра ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия; <https://orcid.org/0000-0003-0126-9653>, e-mail: mitrofanova@arriah.ru.

Мазнева Анастасия Владимировна, аспирант ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия; <https://orcid.org/0000-0002-3442-2004>, e-mail: a.v.mazneva@gmail.com.

Семакина Валентина Петровна, заведующий сектором информационно-аналитического центра ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия; <https://orcid.org/0000-0002-4078-4458>, e-mail: semakina@arriah.ru.

Выставкина Евгения Сергеевна, ведущий специалист информационно-аналитического центра ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия; e-mail: vistavkina@arriah.ru.

Milena V. Zhiltsova, Candidate of Science (Veterinary Medicine), Leading Researcher, Information and Analysis Centre, FGBI "ARRIAH", Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0002-0264-9351>, e-mail: zhiltsova@arriah.ru.

Tatyana P. Akimova, Leading Veterinarian, Information and Analysis Centre, FGBI "ARRIAH", Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0003-3502-1146>, e-mail: akimova@arriah.ru.

Andrey V. Varkentin, Candidate of Science (Veterinary Medicine), Head of Sector, Information and Analysis Centre, FGBI "ARRIAH", Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0002-9732-1083>, e-mail: varkentin@arriah.ru.

Mariya N. Mitrofanova, Candidate of Science (Veterinary Medicine), Junior Researcher, Information and Analysis Centre, FGBI "ARRIAH", Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0003-0126-9653>, e-mail: mitrofanova@arriah.ru.

Anastasia V. Mazneva, Postgraduate Student, FGBI "ARRIAH", Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0002-3442-2004>, e-mail: a.v.mazneva@gmail.com.

Valentina P. Semakina, Head of Sector, Information and Analysis Centre, FGBI "ARRIAH", Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0002-4078-4458>, e-mail: semakina@arriah.ru.

Evgeniya S. Vystavkina, Leading Specialist, Information and Analysis Centre, FGBI "ARRIAH", Vladimir, Russia; e-mail: vistavkina@arriah.ru.