

Puławy, 22.12.2016

Raport z aktualnej sytuacji i oceny ryzyka w związku z występowaniem w Polsce i Europie wirusa wysoce zjadliwej grypy ptaków podtypu H5N8

Pierwsze informacje nt. wirusa wysoce zjadliwej grypy ptaków H5N8 pochodzą z Azji z 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 r.

Między 3 listopada a 21 grudnia 2016 r., 13 państw europejskich zgłosiło obecność wirusa HPAI podtypu H5N8 u dzikich ptaków, a są to: Austria, Chorwacja, Dania, Finlandia, Francja, Holandia, Niemcy, Polska, Rumunia, Serbia, Szwajcaria, Szwecja i Węgry. Gatunki dzikich ptaków u których stwierdzono wirus HPAI/H5N8 obejmują najczęściej kaczkę czernicę, u której wykryto ponad 1/3 wszystkich przypadków, a ponadto inne gatunki kaczek, łabędzie, mewy i inne ptaki siewkowe oraz ptaki drapieżne. Należy podkreślić, że wszystkie przypadki pochodzą od ptaków związanych ze środowiskiem wodnym, lub polujących na ptaki wodne. Wszystkie zakażone ptaki były znajdowane jako padłe. Dotychczas wykryto wirusa u ptaków dzikich w ponad 250 lokalizacjach. 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.



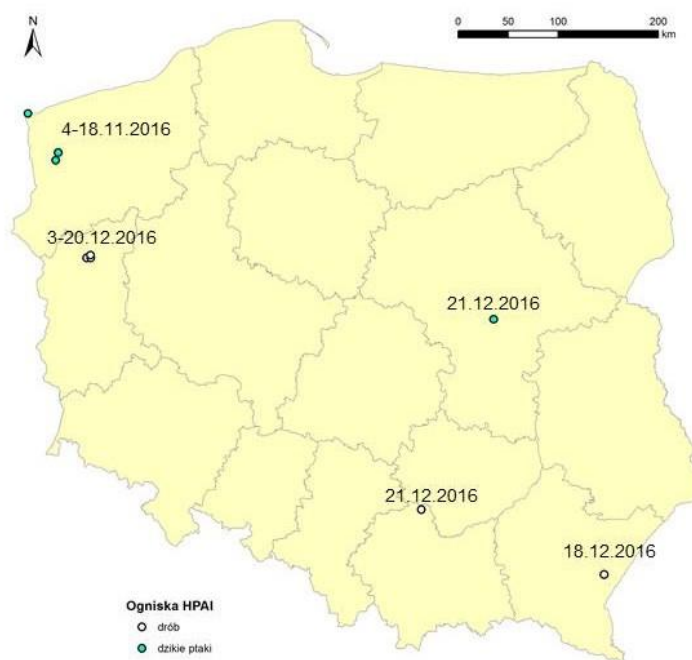
OIE Reference Laboratory for
Classical swine fever
Enzootic bovine leucosis
Porcine reproductive and respiratory syndrome
Q fever

al. Partyzantów 57
24-100 Puławy
<http://www.piwet.pulawy.pl>
tel. +48 81 889 32 65
faks +48 81 887 71 00
sekretariat@piwet.pulawy.pl

W ośmiu krajach potwierdzono obecność wirusa HPAI/H5N8 u drobiu: na Węgrzech, w Niemczech, Austrii, Szwecji, Danii, Holandii, Francji, i w Polsce. Ogółem zdiagnozowano ponad 160 ognisk tej choroby. 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. Do zakażenia drobiu dochodzi przez kontakt bezpośredni z ptactwem dzikim, lub pośredni, przez użytkowanie zbiorników wodnych lub obszarów, na których znajdują się odchody dzikich ptaków. W szerzeniu się zakażeń pomiędzy fermami drobiu dużą rolę odgrywa człowiek, gdyż wirus łatwo przenosi się na odzieży, sprzęcie czy środkach transportu.

Opis sytuacji w Polsce

W dniach 4.11. – 21.12. rozpoznano w Polsce 8 ognisk HPAI H5N8 u drobiu i 4 wystąpienia zakażeń tym wirusem u ptaków dzikich (Ryc. 1).



Ryc. 1 Lokalizacja wystąpień HPAI H5N8 u drobiu i dzikich ptaków w Polsce (stan na 21.12.2016)

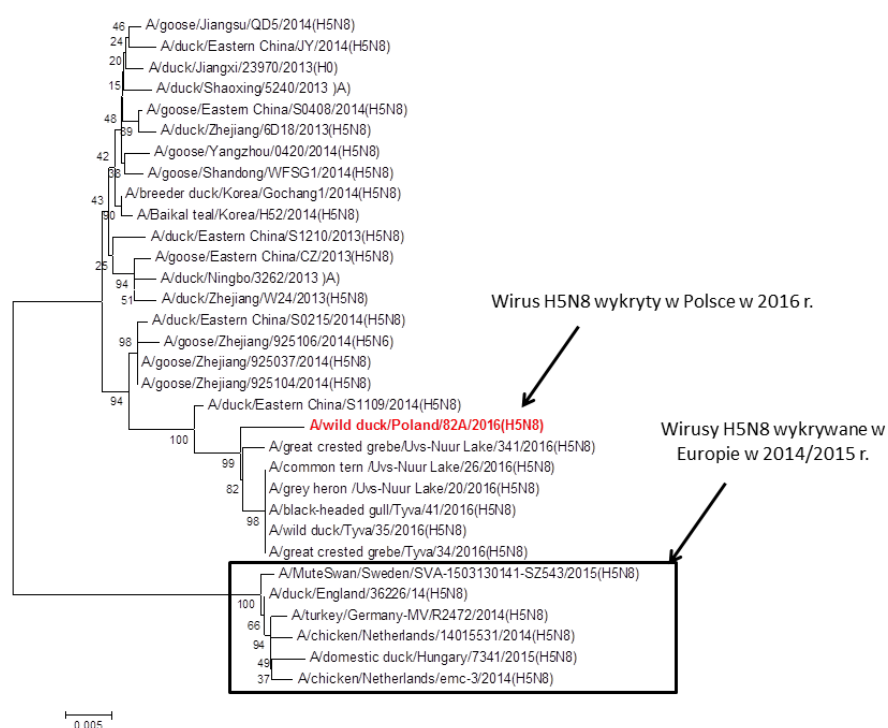
W województwie lubuskim ogniska choroby dotyczą drobiu utrzymywanego w chowie fermowym (indyki i gęsi). W województwie podkarpackim i małopolskim wirus wykryto u drobiu w chowie przyzagrodowym. Objawy kliniczne u drobiu obejmują spadek pobierania paszy i wody, duszność, apatię, zapalenie spojówek i zwiększoną śmiertelność. Wirus u padłych dzikich ptaków wykrywany był w województwie zachodniopomorskim w powiatach

goleniowskim i świnoujskim (dzikie kaczkę, mewa srebrzysta) oraz w województwie mazowieckim w powiecie otwockim (łabędź niemy).

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

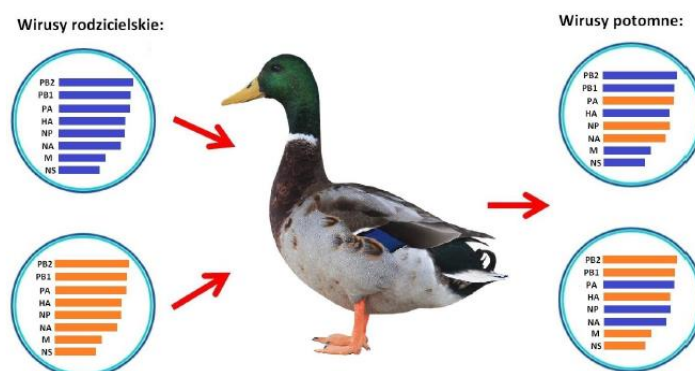
- najbliższe pokrewieństwo (choć nie identyczność) w stosunku do wirusów wykrywanych w 2016 r. u dzikich kaczek, rybitw, perkozów, czapli i mewy w okolicach jeziora Uws-nur na pograniczu Mongolii i Rosji (Ryc. 2).



Ryc. 2 Pokrewieństwo filogenetyczne wirusów grypy ptaków podtypu H5N8 wykrywanych w ostatnich latach w Polsce

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. kładu 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.

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 prawdopodobnie przeniesiony do Europy przez dzikie ptaki migrujące. Wstępne badania 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 (blaszkodziobe, siewkowe, żurawiowe), 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 gwałtowane 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 roku

Gatunek	Odsetek wystąpień
Czernica	26%
Kaczka (bez identyfikacji gatunku)	18%
Mewa (bez identyfikacji gatunku)	10%
Łabędź (bez identyfikacji gatunku)	9%
Mewa srebrzysta	7%
Łabędź niemy	5%
Mewa siodłata	4%
Gęś (bez identyfikacji gatunku)	3%
Perkoz dwuczuby	3%
Głowienka	3%
Myszołów zwyczajny	2%
Czapla (bez identyfikacji gatunku)	2%
Krzyżówka	2%
Perkozek	2%

Ponadto 1% lub mniej przypadków wykryto m.in. u hełmiatki, cyraneczki, krakwy, edredona, ohara, kulika, samotnika, łyski, mewy pospolitej, rybitwy, kormorana, rybitwy, sroki.