

УДК 619:578.832.1:598.293.1(574)

Краткое сообщение



Открытый доступ

DOI: 10.32634/0869-8155-2024-389-12-41-44

Е.Д. Бурашев ✉
М.Б. Орынбаев
К.Т. Султанкулова
З.Д. Омарова
А.Б. Тулендибаев
Т.У. Аргимбаева
Н.А. Аубакир
Т.Т. Ермекбай

Научно-исследовательский институт
 проблем биологической безопасности,
 пос. Гвардейский, Кордайский р-н,
 Жамбылская обл., Казахстан

✉ yerbol.burashev@biosafety.kz

Поступила в редакцию: 30.07.2024
 Одобрена после рецензирования: 12.11.2024
 Принята к публикации: 26.11.2024

© Бурашев Е.Д., Орынбаев М.Б.,
 Султанкулова К.Т., Омарова З.Д.,
 Тулендибаев А.Б., Аргимбаева Т.У., Аубакир Н.А.,
 Ермекбай Т.Т.

Short communications



Open access

DOI: 10.32634/0869-8155-2024-389-12-41-44

Yerbol D. Burashev ✉
Mukhit B. Orynbayev
Kulyaisan T. Sultankulova
Zamira D. Omarova
Ali B. Tulendibayev
Takhmina U. Argimbayeva
Nurdos A. Aubakir
Tanat T. Yermekbay

Scientific Research Institute of Biological
 Safety Problems, village of Gvardeysky,
 Kordaysky district, Zhambyl region,
 Kazakhstan

✉ yerbol.burashev@biosafety.kz

Received by the editorial office: 30.07.2024
 Accepted in revised: 12.11.2024
 Accepted for publication: 26.11.2024

© Burashev Y.D., Orynbayev M.B., Sultankulova K.T.,
 Omarova Z.D., Tulendibayev A.B., Argimbayeva T.U.,
 Aubakir N.A., Yermekbay T.T.

Мониторинг распространения вируса гриппа птиц на территории Казахстана

РЕЗЮМЕ

Грипп птиц, вызываемый вирусами гриппа типа А, представляет серьезную угрозу для промышленного птицеводства и здоровья человека ввиду способности некоторых подтипов вируса преодолевать межвидовой барьер. По данным исследований, в 2020 г. в Республике Казахстан были зарегистрированы 98 случаев вспышек гриппа А/Н5N8 среди птиц. В результате анализа выделенные вирусы А/Н5N8 по сайту расщепления с последовательностью PLREKRRKR/G были отнесены к высокопатогенному вирусу гриппа птиц (ВПГП). Филогенетический анализ выделенных изолятов по гемагглютинину позволил отнести их к клайду 2.3.4.4b евразийской линии II (Eurasian HPAIV H5N8 Lineage II). Уровень гомологии казахстанских штаммов вируса гриппа А со штаммами, выделенными в Китае в 2020–2021 гг., составил 98,42–98,70%.

Ключевые слова: грипп птиц, эпизоотологический мониторинг, ОТ-ПЦР, Казахстан, филогенетический анализ, штамм

Для цитирования: Бурашев Е.Д. и др. Мониторинг распространения вируса гриппа птиц на территории Казахстана. *Аграрная наука*. 2024; 389(12): 41–44.
<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-389-12-41-44>

Monitoring the spread of avian influenza virus in Kazakhstan

ABSTRACT

Avian influenza caused by influenza A viruses poses a serious threat to industrial poultry farming and human health due to the ability of some virus subtypes to cross the species barrier. According to production data, in 2020, 98 cases of outbreaks of influenza A/H5N8 among birds were registered in the Republic of Kazakhstan. As a result of the analysis, the isolated A/H5N8 viruses at the PLREKRRKR/G gradual change sites were derived from highly pathogenic avian influenza virus (HPAI). Phylogenetic analysis of the isolated isolates based on hemagglutinin allows them to be classified as clade 2.3.4.4b of the Eurasian Lineage II (Eurasian HPAIV H5N8 Lineage II). The homology level of Kazakhstani influenza A virus strains with strains isolated in China in 2020–2021 was 98.42–98.70%.

Key words: avian influenza, epizootological monitoring, RT-PCR, Kazakhstan, phylogenetic analysis, strain

For citation: Burashev Y.D. *et al.* Monitoring the spread of avian influenza virus in Kazakhstan. *Agrarian science*. 2024; 389(12): 41–44 (in Russian).
<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-389-12-41-44>

Введение/Introduction

Грипп птиц, вызываемый вирусами гриппа типа А, представляет серьезную угрозу для промышленного птицеводства и здоровья человека ввиду способности некоторых подтипов вируса преодолевать межвидовой барьер [1]. По данным МЭБ¹, в последние годы наблюдается значительное осложнение эпизоотической ситуации по высокопатогенному гриппу птиц (ВГП) в мире, обусловленное распространением вируса подтипа H5N8. Только в 2020 г. вспышки ВГП H5N8 были зарегистрированы в 46 странах Европы и Азии². Особую тревогу вызывает риск заноса ВГП в Казахстан, территория которого находится на пересечении основных трансконтинентальных миграционных путей диких птиц [2, 3].

Несмотря на многолетнюю историю изучения экологии вирусов гриппа А в Казахстане [4], многие аспекты современной эпизоотологии ВГП остаются недостаточно исследованными. В частности, отсутствует целостная картина динамики заносов ВГП в популяции домашних птиц, не до конца ясны механизмы трансграничного распространения инфекции, требуют уточнения молекулярно-генетические характеристики циркулирующих штаммов. Восполнение этих пробелов необходимо для научно обоснованного совершенствования системы эпизоотологического надзора и противоэпизоотических мероприятий.

Цели исследования — на основе многолетних данных эпизоотологического мониторинга охарактеризовать закономерности распространения вируса гриппа птиц на территории Казахстана, оценить современный уровень эпизоотической опасности и обосновать ключевые направления оптимизации эпизоотологического контроля.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Исследование охватывает период с 1978 по 2022 г. и территорию 14 областей Казахстана. Сбор полевого материала (трахеальные и клоакальные смывы, образцы внутренних органов павших птиц) проводился в ходе сезонных обследований мест концентрации диких птиц, а также при расследовании вспышек заболеваемости среди сельскохозяйственной птицы. Общий объем выборки составил более 50 тыс. проб от 130 видов диких и 5 видов домашних птиц.

Выделение и идентификацию вирусов гриппа А проводили по стандартной методике с использованием развивающихся куриных эмбрионов и реакции гемагглютинации³. Для субтипирования выделенных изолятов применялся набор референтных сывороток против 15 подтипов гемагглютинаина и 9 подтипов нейраминидазы производства ФГБУ «ВНИИЗЖ». Патогенность вирусов оценивали путем определения индекса интравенозной патогенности (ИВИП) на цыплятах по методике МЭБ⁴.

Молекулярно-генетические исследования включали ПЦР-детекцию генома вируса гриппа А с субтипоспецифичными праймерами [5, 6], сиквенс гена HA с последующим филогенетическим анализом и определением уровня гомологии нуклеотидных последовательностей в программе Mega X⁵ (США).

Для выявления закономерностей пространственно-временного распространения вируса применялись методы кластерного анализа и построения эпизоотических карт на основе геоинформационных технологий⁶. Статистический анализ проводился в программном пакете Statistica 12 (США).

Результаты и обсуждение / Results and discussion

С 1978 по 2022 год на территории Казахстана от диких птиц 15 отрядов выделены 105 изолятов вируса гриппа А с 13 различными комбинациями подтипов гемагглютинаина (H1, H3-H5, H7, H10-H11, H13, H16) и нейраминидазы (N1-N3, N5-N9). Наибольшее количество положительных находок приходится на представителей отрядов гусеобразных (68,6%) и ржанкообразных (21,0%) (табл. 1). Максимальные показатели инфицированности отмечены для кряквы (6,3%), шилохвости (3,7%), озерной чайки (4,8%).

Таблица 1. Количество изолятов вируса гриппа А, выделенных от диких птиц в Казахстане в 1978–2022 гг.

Table 1. Number of influenza A virus isolates recovered from wild birds in Kazakhstan in 1978–2022

Отряд	Количество изолятов	Подтипы вируса (количество изолятов)
Гусеобразные	72	H1N1 (5), H3N8 (28), H4N6 (18), H5N1 (3), H5N3 (2), H10N7 (4), H11N6 (8), H11N9 (4)
Ржанкообразные	22	H13N6 (12), H16N3 (6), H5N1 (2), H7N7 (2)
Аистообразные	4	H5N1 (4)
Журавлеобразные	3	H7N7 (3)
Пеликанообразные	2	H3N6 (1), H4N6 (1)
Прочие	2	H10N7 (1), H11N9 (1)

Доля высокопатогенных вирусов в общей структуре выделенных изолятов составила 8,6% (9 изолятов подтипа H5N1). Все ВГП-изоляты получены на территории Павлодарской (4), Северо-Казахстанской (2), Акмолинской, Карагандинской и Мангистауской (по 1) областей в период вспышек ВГП 2005–2006 гг. среди домашней птицы. Средний показатель ИВИП для ВГП H5N1 составил $2,68 \pm 0,22$ (min 2,15, max 3,00).

С 2014 года в Казахстане регистрируются спорадические находки низкопатогенных вирусов подтипа H5N8 от диких и домашних птиц. Однако начиная с сентября 2020 г. наблюдается драматическое усиление циркуляции ВГП H5N8, приведшее к возникновению 98 эпизоотических очагов в 11 областях республики с суммарным падежом более 1,5 млн голов птицы (табл. 2). По результатам филогенетического анализа штаммы ВГП H5N8 2020–2022 гг. были отнесены к клайду 2.3.4.4b.

Таблица 2. Эпизоотическая ситуация по ВГП H5N8 среди домашней птицы в Казахстане в 2020–2022 гг.

Table 2. Epizootic situation of H5N8 avian influenza virus among poultry in Kazakhstan in 2020–2022

Год	Количество неблагополучных пунктов	Падеж, тыс. гол.	Подверглось уничтожению, тыс. гол.
2020	54	890,5	5602,1
2021	32	420,7	1349,4
2022	12	205,3	816,0

¹ OIE World Animal Health Information System [электронный ресурс]. — URL: <https://wahis.oie.int> (дата обращения: 21.10.2022).

² FAO. H5N8 HPAI Global situation update [электронный ресурс]. — URL: https://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/empres/H5N8/situation_update.html

³ WHO manual on animal influenza diagnosis and surveillance [электронный ресурс]. — URL: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/68026> (дата обращения: 21.10.2022).

⁴ OIE. Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals 2022. Chapter 3.3.4. Avian influenza [электронный ресурс]. — URL: <https://www.oie.int/en/what-we-do/standards/codes-and-manuals/terrestrial-manual-online-access> (дата обращения: 21.10.2022).

⁵ <https://www.megasoftware.net/>

⁶ Noronha J.M.D., Hysen E., Zhang F., Li Zh. Geoinformatics for crossborder surveillance of priority animal diseases // OIE Panorama. 2021; 2: 25–30.

При анализе эпизоотических данных выявлена четкая приуроченность заносов ВГП к периодам сезонных миграций дикой водоплавающей птицы. Так, до 84% вспышек среди домашней птицы были зарегистрированы в сентябре — ноябре, что совпадает со сроками осеннего пролета. Пространственно-временная динамика распространения ВГП H5N8 указывает на ведущую роль трансграничных заносов возбудителя из приграничных регионов России и Китая.

Молекулярно-генетическая характеристика казахстанских изолятов ВГП H5N8 2020–2022 гг. выявила их высокий уровень гомологии (98,42–98,70%) со штаммами вируса, выделенными в тот же период в Китае. По сайту расщепления HA изоляты из Казахстана содержат последовательность PLREKRRKR/G, типичную для высокопатогенного фенотипа. Выявлено наличие в геноме маркерных мутаций, ассоциированных с повышенной вирулентностью и способностью к репликации в клетках млекопитающих. Результаты многоуровневого анализа свидетельствуют об исключительной эпизоотической опасности текущей волны ВГП H5N8 для птицеводства Казахстана (табл. 3).

Широкая циркуляция вируса в популяциях диких птиц в сочетании с его высоким эпизоотическим потенциалом создает постоянный риск новых заносов и распространения инфекции. В этих условиях критически важными являются поддержание функционирования системы эпизоотологического мониторинга и своевременная актуализация планов противоэпизоотических мероприятий с учетом трансграничного характера эпизоотического процесса.

Многолетний эпизоотологический мониторинг выявил широкую циркуляцию вирусов гриппа А среди диких птиц Казахстана с доминированием подтипов H3N8 (26,7%), H4N6 (17,1%), H13N6 (11,4%). Суммарная доля потенциально опасных для человека подтипов H5 и H7 составила 13,3%.

С 2020 года отмечен резкий рост эпизоотической активности ВГП H5N8: зарегистрированы 98 вспышек в 11 областях, падеж 1,5 млн птиц. Филогенетический анализ показал принадлежность казахстанских изолятов ВГП H5N8 к клауду 2.3.4.4b с высоким

Таблица 3. Парные значения генетической дистанции (D) по гену HA между казахстанскими и зарубежными штаммами вируса гриппа H5N8

Table 3. Pairwise values of genetic distance (D) for the HA gene between Kazakh and foreign strains of the H5N8 influenza virus

Штамм	D (A/Kostanay/83/21)	D (A/Kazakhstan/23/20)
A/chicken/Kazakhstan/23/2020	0,00430	–
A/Cygnus columbianus/Hubei/56/2020	0,01447	0,01447
A/duck/Poland/299/2020	0,02068	0,02064
A/chicken/Czech Republic/2169/2017	0,03761	0,03769
A/gray heron/Germany/N1568/2020	0,03519	0,03999
A/chicken/England/053902/2020	0,01669	0,02135

уровнем гомологии (98,42–98,70%) к штаммам из Китая.

Полученные результаты существенно дополняют современные представления об экологии вирусов гриппа в Центральной Азии и механизмах трансконтинентального распространения ВГП [7, 8]. Впервые для Казахстана получены масштабные данные по многолетней динамике вирусциркуляции среди диких птиц и эпизоотологии ВГП. Установлена ведущая роль диких птиц как резервуара и вектора вирусов гриппа. Доказана связь заносов ВГП в популяции домашней птицы с сезонными миграциями. Показано, что по характеру эволюции и степени эпизоотической опасности казахстанская популяция ВГП H5N8 соответствует глобальным трендам [9].

Выводы/Conclusions

Результаты исследования имеют важное прикладное значение для оптимизации системы эпизоотологического надзора за гриппом птиц в Казахстане. Стратегическими направлениями являются: усиление мониторинга вирусциркуляции среди диких птиц в местах их концентрации; молекулярно-генетический мониторинг эволюции вируса; координация противоэпизоотических мероприятий с приграничными странами; risk-based подход к вакцинопрофилактике в промышленном птицеводстве.

Дальнейшие исследования должны быть направлены на изучение экологии вирусов гриппа в экосистемах Центральной Азии, оценку эпидемического потенциала циркулирующих штаммов, моделирование рисков трансграничного распространения ВГП.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу. Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data. All authors made an equal contribution to the work. The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism. The authors declare no conflict of interest.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Данная работа выполнена в рамках проекта грантового финансирования ИРН АР19676553 «Эпидемиологический мониторинг и разработка современных средств диагностики особо опасных вирусных болезней птиц».

FUNDING

This work was carried out within the framework of the IRN grant funding project AP19676553 "Epidemiological monitoring and development of modern diagnostic tools for especially dangerous viral diseases of birds".

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Swayne D.E., Suarez D.L. Highly pathogenic avian influenza. *Rev Sci Tech*. 2000; 19(2): 463–482.
- <https://doi.org/10.20506/rst.19.2.1230>
- Webster R.G., Govorkova E.A. Continuing challenges in influenza. *Annals of the New York Academy of Sciences*. 2014; 1323: 115–139. <https://doi.org/10.1111/nyas.12462>
- Sayatov M.Kh., Bogdanova V.S., Mamadaliyev S.M. Ecology of influenza viruses in Kazakhstan. *International Journal of Biology and Chemistry*. 2020; 13(1): 39–45. <https://doi.org/10.26577/ijbch.2020.v13.i1.05>
- Payungporn S. et al. Single-Step Multiplex Reverse Transcription-Polymerase Chain Reaction (RT-PCR) for Influenza A Virus Subtype H5N1 Detection. *Viral Immunology*. 2004; 17(4): 588–593.

REFERENCES

- Swayne D.E., Suarez D.L. Highly pathogenic avian influenza. *Rev Sci Tech*. 2000; 19(2): 463–482. <https://doi.org/10.20506/rst.19.2.1230>
- Webster R.G., Govorkova E.A. Continuing challenges in influenza. *Annals of the New York Academy of Sciences*. 2014; 1323: 115–139. <https://doi.org/10.1111/nyas.12462>
- Sayatov M.Kh., Bogdanova V.S., Mamadaliyev S.M. Ecology of influenza viruses in Kazakhstan. *International Journal of Biology and Chemistry*. 2020; 13(1): 39–45. <https://doi.org/10.26577/ijbch.2020.v13.i1.05>
- Payungporn S. et al. Single-Step Multiplex Reverse Transcription-Polymerase Chain Reaction (RT-PCR) for Influenza A Virus Subtype H5N1 Detection. *Viral Immunology*. 2004; 17(4): 588–593.

5. Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C., and Tamura K. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*. 2018; 35: 1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>.

6. Lewis N.S. *et al.* Emerging avian influenza viruses: Current knowledge on zoonotic risk and biosafety recommendations. *Epidemiology and Infection*. 2022; 150: (e71): 1–13. <https://doi.org/10.1017/S0950268822000474>

7. Yamaji R. *et al.* Pandemic potential of highly pathogenic avian influenza clade 2.3.4.4 A(H5) viruses. *Reviews in Medical Virology*. 2020; 30(3): e2099. <https://doi.org/10.1002/rmv.2099>

8. Adlhoch C. *et al.* Avian influenza overview December 2020 — February 2021. *EFSA Journal* 2021; 19(3): 6497: 73. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2021.6497>

9. Bi Y. *et al.* Genesis, Evolution and Prevalence of H5N6 Avian Influenza Viruses in China. *Cell Host & Microbe*. 2016; 20(6): 810–821. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2016.10.022>

5. Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C., and Tamura K. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*. 2018; 35: 1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>.

6. Lewis N.S. *et al.* Emerging avian influenza viruses: Current knowledge on zoonotic risk and biosafety recommendations. *Epidemiology and Infection*. 2022; 150: (e71): 1–13. <https://doi.org/10.1017/S0950268822000474>

7. Yamaji R. *et al.* Pandemic potential of highly pathogenic avian influenza clade 2.3.4.4 A(H5) viruses. *Reviews in Medical Virology*. 2020; 30(3): e2099. <https://doi.org/10.1002/rmv.2099>

8. Adlhoch C. *et al.* Avian influenza overview December 2020 — February 2021. *EFSA Journal* 2021; 19(3): 6497: 73. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2021.6497>

9. Bi Y. *et al.* Genesis, Evolution and Prevalence of H5N6 Avian Influenza Viruses in China. *Cell Host & Microbe*. 2016; 20(6): 810–821. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2016.10.022>

ОБ АВТОРАХ

Ербол Досанович Бурашев

кандидат ветеринарных наук
yerbol.burashev@biosafety.kz
<https://orcid.org/0000-0002-4701-1992>

Мухит Бармакулы Орынбаев

кандидат ветеринарных наук, профессор,
член-корреспондент Национальной академии наук
Республики Казахстан,
главный научный сотрудник
omb65@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-5882-4964>

Куляйсан Турлыбаевна Султанкулова

кандидат биологических наук, профессор,
заведующая лабораторией
sultankul70@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-1332-1247>

Замира Даулеткызы Омарова

научный сотрудник
zarina-omarova-80@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4215-2638>

Али Бакытжанович Тулендибаев

научный сотрудник
tulendibaev93@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0001-7741-0938>

Тахмина Уразбековна Аргимбаева

научный сотрудник
98.constantine.98@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-5656-0678>

Нурдос Аманжанович Аубакир

младший научный сотрудник
nurdos.aubakirov@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-0878-9168>

Танат Талайбекович Ермекбай

младший научный сотрудник
t.yermekbai@biosafety.kz
<https://orcid.org/0000-0002-1597-7784>

Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности,
ул. Момышулы, 15, пос. Гвардейский, Кордайский р-н,
Жамбылская обл., 080409, Казахстан

ABOUT THE AUTHORS

Erbol Dosanovich Burashev

Candidate of Veterinary Sciences
yerbol.burashev@biosafety.kz
<https://orcid.org/0000-0002-4701-1992>

Mukhit Barmakuly Orynbayev

Candidate of Veterinary Sciences, Professor,
Corresponding Member of the National Academy
of Sciences of the Republic
of Kazakhstan, Chief Researcher
omb65@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-5882-4964>

Kulyaisan Turlybayevna Sultankulova

Candidate of Biological Sciences, Professor,
Head of the Laboratory
sultankul70@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-1332-1247>

Zamira Dauletkyzy Omarova

Research Associate
zarina-omarova-80@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4215-2638>

Ali Bakytzhanovich Tulendibayev

Research Associate
tulendibaev93@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0001-7741-0938>

Takhmina Urazbekovna Argimbayeva

Research Associate
98.constantine.98@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-5656-0678>

Hurdos Amanzhanovich Aubakir

Junior Research Assistant
nurdos.aubakirov@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-0878-9168>

Tanat Talaibekovich Ermekbai

Junior Research Assistant
t.yermekbai@biosafety.kz
<https://orcid.org/0000-0002-1597-7784>

Scientific Research Institute
of Biological Safety Problems,
15 Momysuly Str., Gvardeisky, Kordaysky district, Zhambyl region,
080409, Kazakhstan