

Мониторинг вирусов гриппа птиц на прудах Москвы и Московской области в 2006-2021 годах

Трещалина Анастасия Андреевна

Сотрудник

Федеральный научный центр исследований и разработки иммунобиологических препаратов им. М.П. Чумакова РАН, Москва, Россия

E-mail: Narmoriel5991@gmail.com

Первичными хозяевами вирусов гриппа типа А являются представители отрядов ржанкообразные (Charadriiformes) и гусеобразные (Anseriformes) [1]. Во время пролетов дикие птицы могут быть источником инфекций для синантропных видов птиц и млекопитающих, а также человека [2]. Мониторинг вирусов гриппа диких птиц необходим для оценки потенциальной опасности этих вирусов для домашней птицы и человека. Пруды, находящиеся на территории г. Москвы и Подмосковья, во время осеннего пролета птиц являются местом крупных скоплений утки кряквы, являющейся одним из самых многочисленных видов водоплавающих птиц в Европе и основным переносчиком вируса гриппа птиц.

С целью выявления биологического разнообразия, экологических особенностей и потенциальной опасности вирусов гриппа птиц, разносимых дикими утками во время осеннего перелёта, собирали и анализировали фекалии диких уток на берегах прудов Москвы и Московской области. В период с 2006-2021 года из 3000 собранных образцов было выделено больше 50 вирусов гриппа, из которых для 38 определена первичная структура полного генома. Исследованные изоляты принадлежат к шести разным субтипам по гемагглютиниру и нейраминидазе. Динамика выделения вирусов сильно отличалась по годам. Все выделенные вирусы хорошо размножаются в десятидневных растущих куриных эмбрионах, не вызывая их гибель. При заражении кур и мышей вирусы стимулировали выработку специфических антител, не вызывая у зараженных животных симптомов заболевания.

Был проведен филогенетический анализ каждого из восьми сегментов генома для оценки родственных связей с патогенными куриными вирусами сероподтипов H5, H7 и H9. Подавляющее большинство генов выделенных вирусов принадлежит утиным эволюционным линиям без формирования ветвей в домашних птицах. Оценка родственных связей изолятов с другими вирусами по географическому признаку показала, что основная часть вирусов принадлежит к европейскому пулу, хотя есть единичные заносы генов из Азии. Также выявлены родственные связи вирусов, выделенных на одном пруду между собой и отмечены случаи реассортации.

1.

Источники и литература

- 1) V.J. Munster *, R.A.M. Fouchier «Avian influenza virus: Of virus and bird ecology», 2009
- 2) Wille et al. «Urbanization and the dynamics of RNA viruses in Mallards (Anas platyrhynchos)», 2017