

НАУЧНА ИНФОРМАЦИЯ

Генотип I на вируса на Африканската чума по свинете (АЧС) в Китай



Увод

Африканската чума по свинете е инфекциозна вирусна болест по домашните и дивите свине, която може да окаже сериозно въздействие върху съответната популация от животни (понякога до 100% смъртност), върху рентабилността на свиневъдството и може да доведе до продоволствена криза. Наложените рестрикции във връзка с болестта в рамките на Европейския съюз (ЕС) се отразяват пагубно на търговията и износа към трети държави. При поява на огнище на АЧС съществува риск вирусът да се разпространи между животновъдните обекти и в субпопулациите от диви свине. Разпространението на болестта може значително да засегне производителността на животновъдния сектор поради преки и косвени загуби.

Накратко история на разпространението

Африканската чума по свинете (АЧС) е открита от Монтгомъри в Кения през 1921 г. като ново заболяване, причиняващо висока смъртност при наскоро внесени европейски породи прасета. След десетилетия АЧС е наблюдавана в няколко държави на юг от Сахара.

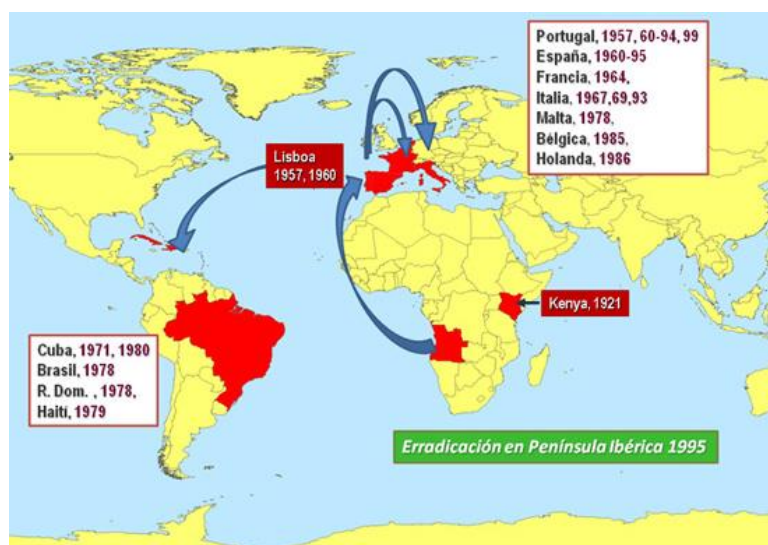
Епидемия от АЧС в Европа от 60-те години на 20-и век е причинена от Генотип I на ASFV

Първата поява на АЧС извън африканския континент е в **Португалия през 1957 г.**, близо до Лисабон, където огнище на АЧС (**Генотип I на ASFV**) причини смъртност при свинете около 100%. Три години по-късно, през 1960 г., след епидемиологично затишие, АЧС се появява отново в Португалия, като бързо се разпространява в целия Иберийски полуостров. Оттогава АЧС (Генотип I на ASFV) остава присъстваща инфекция в Испания и Португалия за повече от двадесет години, докато най-сетне се постига **ликвидирането ѝ през 1994 г. в Португалия и 1995 г. в Испания**, в резултат на големи усилия и икономически разходи.

През тези години на разпространение на АЧС на Иберийския полуостров няколко европейски и американски страни регистрираха огнища на АЧС, причинени главно от

движение на замърсени месни продукти. Тези огнища вече са ликвидирани, освен на остров Сардиния, където болестта (Генотип I на ASFV) остава ендемична от 1978 г. до днес.

Фиг.1: Епидемиология на АЧС от 1957 до 1995 г. (Генотип I на ASFV)



След ликвидирането на АЧС в Испания през 1995 г., с изключение на Сардиния и изолирана епидемия през 1999 г. в Португалия, болестта остава ограничена до африканския континент.

Епидемията от АЧС в Европа след 2007 г., е причинена от Генотип II на ASFV

През 2007 г. обаче АЧС прави голям скок, с повторното навлизане, този път на Генотип II ASFV в европейския континент – в Кавказкия регион. Първите огнища на АЧС се появяват в Грузия, близо до пристанището на гр. Потти. Оттогава болестта се разпространява бързо, засягайки съседните страни – Армения, Азербайджан и Руската федерация (шест месеца по-късно), където АЧС все още присъства.

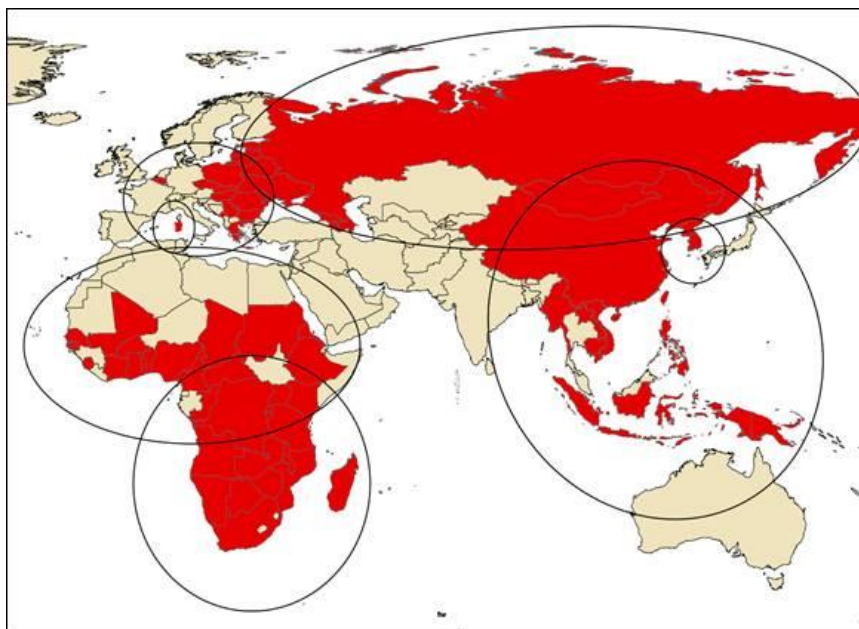


Фиг. 2. Ново навлизане на АЧС от Източна Африка в Грузия през 2007 г. (Генотип II на ASFV)¹

¹ <https://www.sanidadanimal.info/en/104-emerging-diseases/379-african-swine-fever>

През периода 2009 – 2010 г. Русия придоби статус на постоянно засегната държава от АЧС, като 24 федерални субекта съобщават за случаи на заболяването както при диви, така и при домашни свине. Дивите свине представляват резервоар на АЧС и представляват постоянна заплаха от проникване на болестта в други региони.

Понастоящем АЧС присъства на пет континента (**Африка, Европа, Азия, Океания, Америка – Доминиканската република**), надвишавайки всички исторически сценарии, където се наблюдават различни епидемиологични модели (Фигура 3).

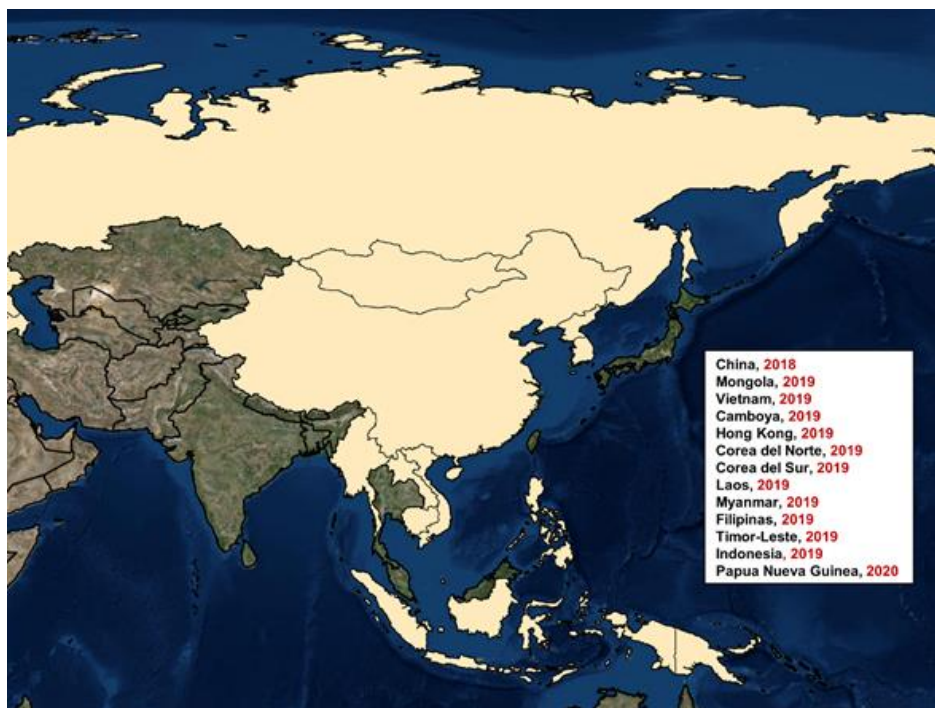


Фигура 3. Текущи епидемиологични сценарии на АЧС – Генотип II на ASFV

В Европа, след повторното си въвеждане през 2007 г. през Грузия, АЧС напредва неконтролируемо. На първо място, болестта започва своята експанзия на север, като през същата година засяга **Армения, Азербайджан и Руската федерация**. След Руската федерация АЧС засяга страни като **Украйна (2012 г.) и Беларус (2013 г.)**.

Впоследствие, през 2014 г., **Генотип II на ASFV** навлезе в ЕС през **Литва, Полша, Латвия и Естония**. През 2016 г. бяха засегнати още девет европейски държави като **Молдова (2016), Румъния (2017), Чехия (2017), България (2018), Унгария (2018), Белгия (2018), Словакия (2019), Сърбия (2019) и наскоро Германия и Гърция (2020)**. Чехия е призната за свободна от АЧС през март 2019 година. След нея и Белгия се освободи от вируса на АЧС. В тези страни инфекцията бе само при диви свине и бе установена своевременно, като бяха предприети скъпоструващи мерки за нейното ерадикиране.

АЧС (Генотип II на ASFV) беше открита за първи път в Азия през август 2018 г. в Китай в домашна свинеферма, разположена в град Шенян. Вероятните източници на въвеждане, базирани на епидемиологични изследвания, са вносът на прасенца от заразени райони и храненето с помия. Генетичните изследвания на изолирания вирус показаха прилики с тези, циркулиращи в Европа.



Фигура 4. Епидемиология на АЧС (Генотип II на ASFV) в Азия от 2018 г. до април 2020 г.

Разпространението на Генотип II на ASFV в Китай е значително бързо в сравнение с други епидемиологични сценарии. Това бързо разпространение е отразено и в трансграничния напредък, който засяга 11 други азиатски държави през 2019 г. (**Монголия, Виетнам, Камбоджа, Хонконг, Северна Корея, Лаос, Мианмар, Филипините, Южна Корея, Източен Тимор и Индонезия**) (Фигура 4). Наскоро, през март 2020 г., **Папуа Нова Гвинея** потвърди наличието на ASFV на своята територия, увеличавайки безпокойството в Австралия поради разстоянието от няколкостотин километра, които разделят нейните брегове.

Риск от по-нататъшно разпространение

Понастоящем африканската чума по свинете може да се счита за ендемична болест при популациите от свине в редица трети държави, съседни на ЕС, и тя представлява постоянна заплаха за свинете в ЕС.

Настоящата обстановка с африканската чума по свинете също крие риск за здравето на домашните свине във все още незасегнатите области на държавите членки на ЕС, които в момента имат огнища на болестта, както и за домашните свине в други държави членки, по-специално с оглед на движението на пратки от свине и на продукти от тях.

Тази ситуация представлява голям риск за държави като Франция, Дания и Испания – едни от най-големите производители на свине в Европейския съюз, така че проникването на АЧС в тези страни може да доведе до значителни икономически загуби.

Епидемиологичната обстановка с АЧС в засегнатите държави-членки на ЕС и на глобално равнище поражда голям риск от по-нататъшното ѝ разпространение както в други незасегнати до момента държави от ЕС, така и по света.

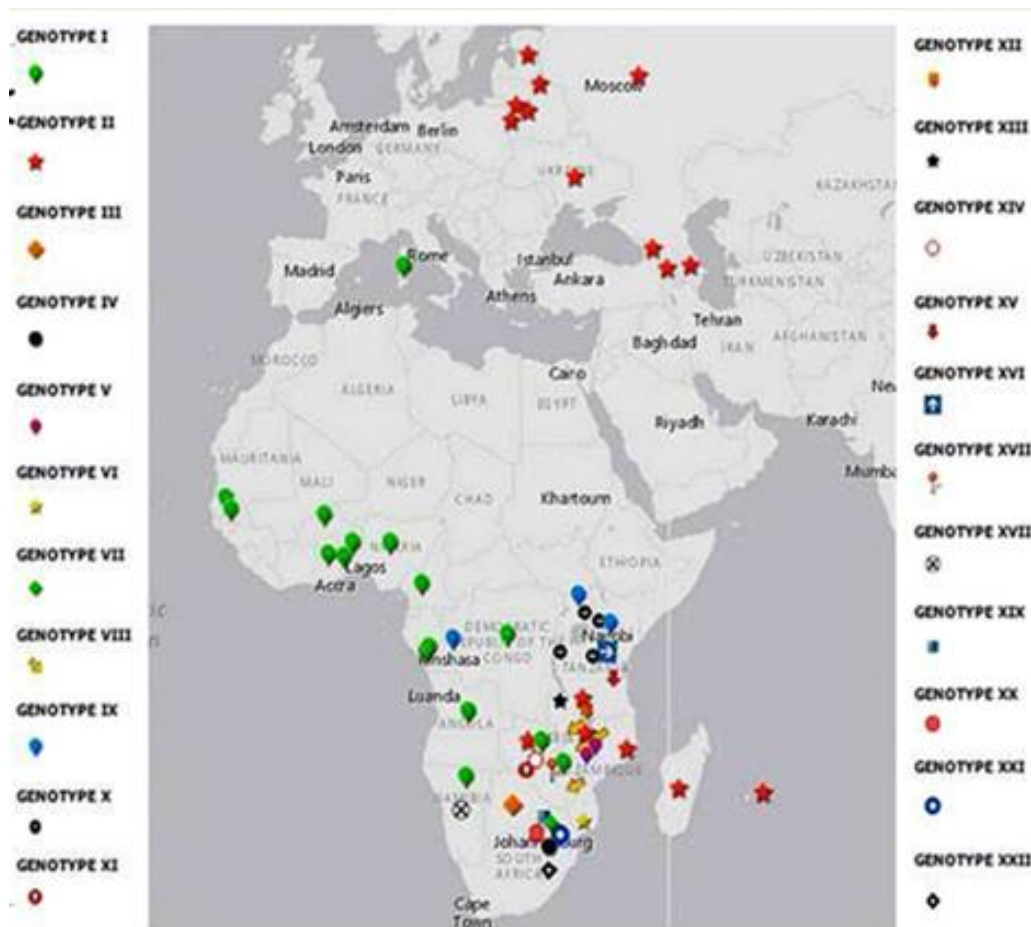
Причинител

Вирусът на африканската чума по свинете (ASFV) е единственият вид от рода *Asfivirus*, семейство *Asfarviridae*, принадлежащ към група големи ДНК-ви вируси.

Общо в света са определени 22 генотипа на ASFV. Всички генотипове присъстват в Африка, но само два от тях (генотип I и II) са открити на други континенти.

Щамът на Генотип I, който съществуваше в Португалия и Испания в продължение на няколко десетилетия през 20-ти век в момента е ендемичен само на италианския остров Сардиния.

Разпространение на генотипове на вируса на АЧС в периода 1957-2015 г. в Африка и Европа



Откакто ASFV навлезе (повторно) в Европа и Азия през 2007 г., щамът е по-

Секвентният геномен анализ се използва за географско и времево разграничаване

За сега конвенционалното генотипизиране на вируса на АЧС не може да направи разлика между вирусите, притежаващи различна вирулентност, но този метод широко се използва през последните години като полезен инструмент за проследяване произхода на вирусите на АЧС по време и място на възникване на епизоотичните огнища.

В ендемичните райони, където болестта прогресира към подостри и субклинични форми на проявление (понякога това се дължи на появата на изолати на вируса на АЧС с умерена и ниска вирулентност), които обикновено по-трудно се диагностицират.

Частичното секвениране на гена B646L, кодиращ основния капсиден протеин р72, досега е довело до идентифицирането на 22 генотипа на ASFV. Всичките те се установяват в Африка, на Юг от Сахара. Двадесет и един от тези генотипове са идентифицирани в изолати от домашни прасета или от гостоприемници – диви животни в Източна и Южна Африка. Нивото на разнообразие между изолати от тези региони се дължи на дългосрочната еволюция на вируса в гостоприемниците от дивата природа. За разлика от другите генотипове, генотип I включва предимно изолати от домашни свине в Западна и Централна Африка, Европа, Карибите и Бразилия.

Ново навлизане на АЧС в Китай – този път Генотип I на ASFV

Общата картина на африканската чума по свинете в Китай стана по-сложна, като сега китайски учени съобщават и за появата на вируси на АЧС от генотип I в страната, с развитие на хронични инфекции.

Генотип I на ASFV беше щамът, който съществуваше в Португалия и Испания в продължение на няколко десетилетия през 20-ти век и в момента е ендемичен на италианския остров Сардиния. Откакто вирусът на АЧС влезе (повторно) в Европа и Азия от 2007 г., **той беше генотип II** – различен и по-вирулентен щам.

В Китай от 2018 г. навлезе, разпространи се и циркулира вече повече от две години генотип II (ASFV), подобен на Georgia-07, с висока вирулентност.

Сега обаче китайските учени съобщават, че откриват ASFV с генотип I.

Учените от Харбинския ветеринарен изследователски институт, Китайската академия за селскостопански науки (CAAS) в Харбин, заключиха в статията си в *Emerging Microbes & Infections*, че появата на генотип I вируси на АЧС „ще предизвика повече проблеми и предизвикателства за контрола и превенцията на африканската чума по свинете в Китай“.

През юни 2021 г. генотип I на ASFV е открит във ферма с домашни свине в провинция Шандонг, Китай, когато прасе за угодяване е показало нервно паралитични симптоми. То е евтаназирано, след което е взета белодробна проба и извършена аутопсия в китайската Национална референтна лаборатория за АЧС.

По-късно в друга ферма в **провинция Хенан, Китай** четири прасета за угодяване са проявили признаци на хронична инфекция, включително загуба на тегло, периодична треска, кожни язви и артрит, завършила със смърт. Резултатите от взетите проби от четирите мъртви прасета (включително лимфни възли и далаци) потвърждават, наличието на **Генотип I на вируса на АЧС**.

Два нехемадсорбиращи щама на генотип I ASFV – SD/DY-I/21 и HeN/ZZ-P1/21 – са изолирани от двете свинеферми, съответно в провинция Шандонг и Хенан. Вирусът от Шандонг получава научното име SD/DY-I/21, а този от Хенан – HeN/ZZ-P1/21.

Филогенетичният анализ на цялата геномна последователност на двата изолата от Китай показва, че те имат голямо сходство с други 2 изолата на генотип I на вируса на АЧС (NH/P68 и OURT88/3), изолирани навремето в Португалия, съответно от 1968 г. и 1988 г.

Установено е, че щамът Шандонг комбинира ниска вирулентност с ефективна трансмисивност при прасета, причинявайки „леко начало на инфекция и продължително заболяване“. Установено е също, че причинява некротични кожни лезии и подуване на ставите.

Нов генотип на АЧС може да присъства и другаде в Азия

Появата на генотип I ASFV ще създаде повече проблеми и предизвикателства за контрола и превенцията на африканската чума по свинете в Китай.

Информационния център за здраве на свинете в САЩ направи оценка, относно разпространението на новопоявилите се генотип I, която гласи, „**че прасетата заразени с тези вируси могат лесно да останат незабелязани в началото на епидемията поради намалената вирулентност на вируса.** Предвид намалената вирулентност и характеристиките им на предаване, твърде вероятно е да се предположи, че тези вируси биха могли да се появят и в други региони на Китай и Югоизточна Азия или дори вече да циркулират в други региони“.

Източникът на тези вируси и естеството на тяхното проникване в Китай не са ясни. Според д-р Дан Рок от университета в Илинойс е възможно да става въпрос за ново проникване на вирус от африкански източник, но поразителната степен на генетично сходство с двата щамове на генотип I на вируса на АЧС, изолирани в Португалия през 60-те години на миналия век, предполага, че те може да произхождат от европейски източник – вероятно внесени законно или незаконно, с цел да бъдат оценени като потенциални кандидати за ваксина срещу АЧС в Китай.

Според д-р Дан Рок намесата в епизоотията в Китай на друг генотип на ASFV може да усложни защитата, която би могла да осигури една потенциална ваксина, базирана на генотип II. Също така малко вероятно е разработваните кандидати за ваксини да осигурят защита срещу вирусите от новонавлезлия генотип (генотип 1, серогрупа 4), поради липсата на кръстосана защита, наблюдавана сред хетероложните щамове на вируса на АЧС.

Източници:

Encheng Sun, Lianyu Huang, Xianfeng Zhang, Jiwen Zhang, Dongdong Shen, Zhenjiang Zhang, Zilong Wang, Hong Huo, Wenqing Wang, Haoyue Huangfu, Wan Wang, Fang Li, Renqiang Liu, Jianhong Sun, Zhijun Tian, Wei Xia, Yuntao Guan, Xijun He, Yuanmao Zhu, Dongming Zhao & Zhigao Bu (2021) Genotype I African swine fever viruses emerged in domestic pigs in China and caused chronic infection, *Emerging Microbes & Infections*, 10:1, 2183-2193, DOI: [10.1080/22221751.2021.1999779](https://doi.org/10.1080/22221751.2021.1999779)

ASF China: Genotype I also reported in China; Vincent ter Beek – editor of Pig Progress; Health News; Nov 5, 2021; <https://www.pigprogress.net/Health/Articles/2021/11/ASF-China-Genotype-I-also-reported-in-China-814108E/>

Sánchez-Vizcaíno JM., Mur L., y Martínez-López B.. "African Swine Fever: An Epidemiological Update". Transboundary and Emerging Diseases. (Published online 2012/01). <https://www.sanidadanimal.info/en/104-emerging-diseases/379-african-swine-fever>

1.12.2021 г.

проф. Георги Георгиев

д-р Мадлен Василева

зооинж. д-р Надежда Луканова, онс



Други научни становища и актуална информация от областта на здравето, хуманното отношение и благосъстоянието на животните, антимикробната резистентност, както и оценка на риска по цялата хранителна верига може да намерите на сайта на Центъра за оценка на риска по хранителната верига:

Както и други материали:

<http://corhv.government.bg/>

<http://corhv.government.bg/?cat=27>

<http://corhv.government.bg/?cat=71>