



НАУЧНО СТАНОВИЩЕ, ОТНОСНО ОЦЕНКА НА РИСКА ЗА ИДЕНТИФИЦИРАНЕ НА ЗОНИ С ВИСОК РИСК И УЯЗВИМИ ПОПУЛАЦИИ В СЕКТОРА НА ПТИЦИТЕ В БЪЛГАРИЯ ПО ОТНОШЕНИЕ НА ВИСОКОПАТОГЕННАТА ИНФЛУЕНЦА А ПО ПТИЦИТЕ

1. Анализ на епизоотичната обстановка относно високопатогенната инфлуенца А по птиците (НРАІ). Характеристика на вирусите, циркулирали в България в периода 2006 - 2021 г.

Всички вируси изолирани до сега в България произлизат от A/Goose/Guangdong/1/96 (Gs/Gd). Това е щам на вируса на инфлуенца А подтип H5N1, който беше открит за първи път в гъска в Гуангдонг през 1996 г., създавайки Z генотип (наречан още „азиатска линия“ НРАІ А H5N1), който се разпространява в световен мащаб и до сега.

За първи път високопатогенна инфлуенца (НРАІ) H5N1 е установена в България през 2006 г. Филогенетичният анализ на вирусите от епидемията през този период показват близка връзка между българските изолати и тези от Европа, Близкия изток и Африка. Вирусите принадлежат към клейд 2.2.

През пролетта на 2010 г. има ново проникване на НРАІ H5N1, в обл. Варна, на вирус от клейд 2.3.2.1c. Вирусът е установен само при една дива птица (мишелов) и повече не се появява до 2015 г.

През 2011 г. се установяват няколко слабопатогенни H5 вируси при диви и домашни патици, определени като EA_nonGsGD.

През зимата на 2015 г. НРАІ H5N1 2.3.2.1c има нова интродукция в страната, която засяга първо пеликани в района на Природозащитен център Пода, област Бургас, и след няколко дни ферма с кокошки, разположена в същия район. По-късно се открива и при други диви и синантропни птици отново в тази част на България, както и при пеликани в резерват Сребърна, обл. Силистра.

В следващите няколко години други прониквания на НРАІ в България не са констатирани.

През декември 2016 г. се наблюдава първото огнище на НРАІ H5N8, след което вирусът се разпространява бързо в различни административни области.

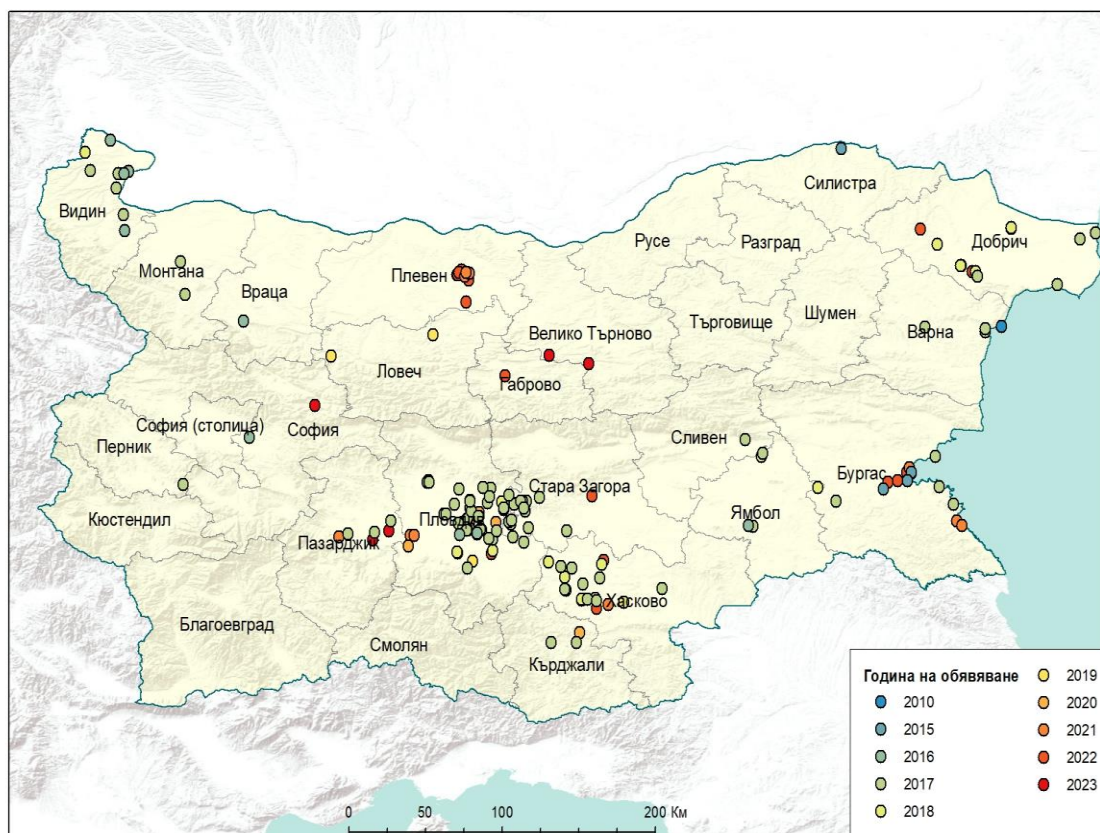
В периода 17 октомври 2017 - 8 април 2018 г., са докладвани 38 огнища на НРАІ H5. Наблюдавани са четири зони на разпространение: Пловдив и Хасково в Централна България, Ямбол в Източна България, Добрич в Североизточна България, Видин и Ловеч в Северозападна България. Засегнати са редица ферми с различни видове птици: патици (19), пилета (7), пуйки (1), яребици (1) и домашни птици, включително кокошки и патици (10). Разпространява се както в заден двор, така и в големи ферми. Огнищата на НРАІ при патици са открити предимно в районите с висока гъстота на тези птици в България.

Филогенетичният анализ показва, че вирусите от България са произлезли от европейски щамове H5N8 от линията 2.3.4.4b. Българските вируси, изолирани през 2017–2018 г., образуват два отделни клъстера, произхождащи от различни предшественици на вируса 2.3.4.4b. Клъстерите са структурирани според географската характеристика на произхода им.

Amber Green White

Щамовете от Добрич, образуват един клъстер на североизток, тези от централните български региони (Пловдив, Хасково и Стара Загора) образуват втори, като към него се включват и вирусите от източните и северозападните региони (Ямбол, Сливен и Видин).

Огнища на ВПИП в България, по данни от ADIS за периода 2010 - 2023



Фигура 1. Огнища на НРАИ в България за периода 2010 г. - 2023 г.

Идентифицирани са две отделни вирусни интродукции, една в североизточния район на Добрич и друга – в централна и източна България. Предполага се, че секторът на патиците е изиграл критична роля в разпространението и поддържането на вируса НРАИ H5N8 в страната (Venkatesh et al. 2020).

Генетичният анализ показва, че предаването на вируса към кокошевите птици най-вероятно се дължи на домашните патици. Вирусите H5N8 вероятно са се поддържали ендемично в сектора на домашните птици. Въпреки това, при секвенирането на матриксния протеин е доказано родство с изолати от множество видове (патици, лебед, фазан) в различни страни (Холандия, Англия, Унгария).

През периода март 2019 - февруари 2021 г. НРАИ H5N8 2.3.4.4b се появява отново на територията на страната, като се отчита и един нов подтип H5N2, вероятно появил се от местно събитие на реасортация.

Източник на загадъчно разпространение и поддръжката на НРАИ H5N8 идва от сектора на домашните патици като основна роля имат фермите за угояване. По това време са засегнати още и Франция и Унгария. Тези страни заедно с България са основните производители на гъши дроб в Европа и поддържат търговски връзки, свързващи фермите за патици (транспорт на патета и яйца) и в трите страни. **Патиците често не показват клинични признаци на заболяване, което прави идентифицирането на инфекцията трудно. В допълнение, кратките производствени цикли, голямото движение на персонал и патици между фермите и предизвикателствата при почистването и дезинфекцията на транспортните средства също допринасят за потенциалното поддържане на грипни вируси без откриване.**

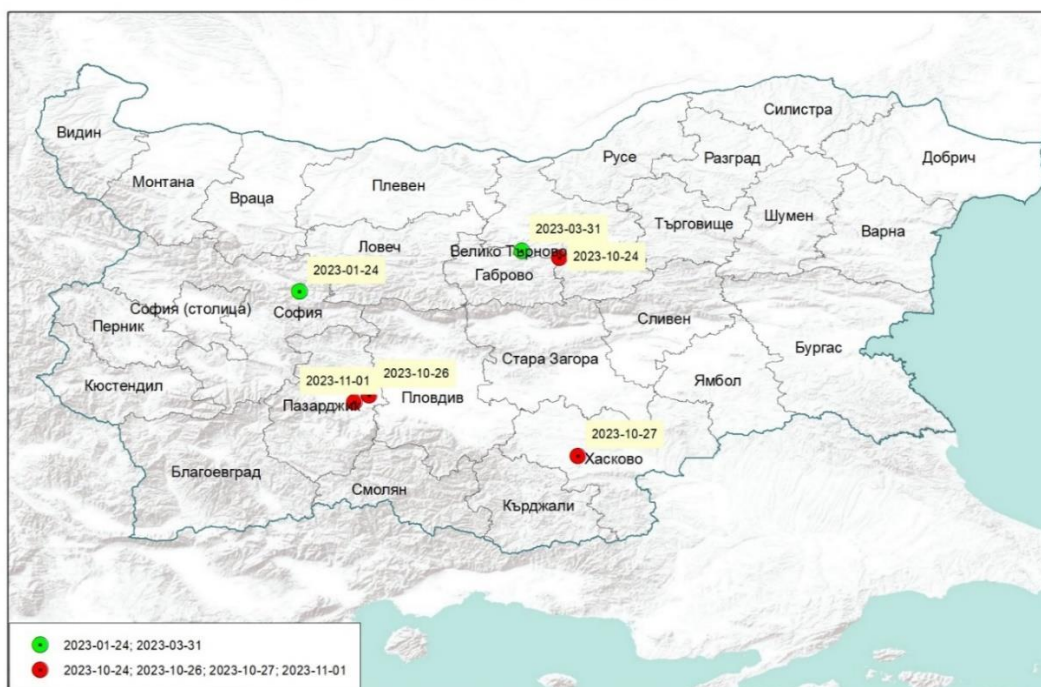
Генетичният анализ показва движение на вируси в България между фермите, но вирусите са до голяма степен и регионално обусловени. Няма данни за движение между регионите, например между Добрич на североизток и Пловдив в Централна България. Въпреки това връзките между Пловдив и Източна България (Ямбол, Сливен), които са географски относително близки, са ясни. Също се наблюдава и непряко предаване - вирусът от района на Видин изглежда е тясно свързан с вируси, открити в Централна България, което показва възможна връзка между тези региони чрез диви птици или пренос по сушата.

През ноември 2021 г. отново се появява H5N1 и до сега той остава доминиращия щам разпространен на територията на страната. Филогенетичният анализ показва, че също като H5N8 принадлежи към клейд 2.3.4.4b.

2. Анализ на генетичната принадлежност на вирусите H5N1 в България през 2022-2023 г. Огнища в България през 2022-2023 г.

За периода 2022-2023 г. има констатирани 33 огнища (Бургас, В. Търново, Габрово, Добрич, Пазарджик, Плевен, Пловдив, Ст. Загора, София област, Хасково) и един случай при дива птица в обл. Бургас. Ако разгледаме карта на огнищата за 2023 г. се вижда, че в близост до засегнатите ферми има малки водоеми, подходяща среда за преминаващи прелетни птици. Времето на появата на заболяването съвпада с миграцията: пролет и есен.

Огнища на ВПИП, регистрирани в България, през 2023 г.



Фигура 2. Огнища на H5N1, регистрирани в България през 2023 г.

Геномна характеристика на 16 вируса субтип H5N1, идентифицирани в България за периода от януари 2022 г. - ноември 2023 г. показва, че вирусните изолати са групирани отново в клейд 2.3.4.4b. Определени са 3 основни циркулиращи генотипове. Тези от април 2022 г. и март 2023 г., принадлежат към генотип **AF**, както и вирусите открити през ноември-декември 2021 г. Един вирусен изолат от огнище при кокошки от заден двор в с. Фелдфебел Денково, обл. Добрич през януари 2022 г., принадлежи към генотип **AP**. Огнището във **фермата за пдпдъци гр. Етрополе** (януари 2023 г.) и вирусните изолати, събрани през октомври-ноември 2023 г. принадлежат към **нов генотип**, наречен **DA**, който е открит и в други държави

членки от септември 2023 г. **Този субтип (DA) е нов за Европа** и се открива при диви птици (основно жерави, лебеди и щъркели).

Поради липсата на публикувани секвенции на вирусите, изолирани в България през периода 2022-2023 г., направихме косвен анализ на генотип DA. От филогенетичното дърво на PB2 гена на **H5N1-A/mute_swan/Slovenia/PER1486-23TA_23VIR10323-22/2023-подобен (референтен шам за генотипа и най-близък до изолатите в България)**, се вижда силното присъствие на вируси при жерави в клъстера с вирусите от генотип DA (фигура 3). **Този генотип се открива и при лебеди и щъркели в Австрия, Румъния, Словакия и др.** Вижда се, че клъстера от българските изолати от 2021 г. е генетично далечно разположен.

На фигури 3, 4 и 5 е представен **анализа на PB2, HA и NP гените**. Прави впечатление сравнителната близост на изолат от Украйна от 2023 г., както и присъствието на вируси от Корея (2021-2022 г.). **Преобладаващият генотип в Корея за 2022–2023 е D**, представляващ 57,5% от всички изолирани вируси. Той е открит **при белочела гъска, бяла чапла и чапла**. Филогенетичните анализи сочат, че вирусът най-вероятно е бил пренесен от Китай в Русия през 2021–2022 г., след което е въведен от Русия в Южна Корея през 2022 г. (*Ye-Ram Seo et al, 2024*).

При анализа на **генотипния DA** вариант на вирусите, се установява **T521A** мутация. При A/common crane/France/23P010623/2023 е установена субституция - **A674T**. Мутация A674T се среща обикновено при инфлуенца вирусни изолати от хора и много рядко при птичи изолати (*Lee et al, 2020; Demirev, A.V. et. Al., 2020*).

При сравняване на мутациите в хемаглутинаина и неврамидазата в един от българските вируси от 2021 г. - A/hen/Bulgaria/757-6_22VIR778-7/2021_11007541 и референтния за генотип DA (A/mute_swan/Slovenia/PER1486-23TA_23VIR10323-like) се установява мутацията T156A, която присъства и в двете HA, и е отговорна за увеличаването на свързването на вируса към α 2-б-свързана сиалова киселина и предаването на вируса при морски свинчета. Мутациите в NA в анализираният вирус не са свързани с антивирусната резистентност. Други представени мутации в HA и NA не са значими.

При анализа на секвенциите, кодиращи NP има голяма отдалеченост при вирусите, изолирани в България от 2021 г. и 2023 г., заради различната генотипна принадлежност. При анализа на секвенциите, кодиращи HA (т.к. е един и същ субтип- H5N1 2.3.4.4b) изолатите изглеждат близкородствени. Във филогенетичното дърво са клъстерирани и вирусите от генотип CN от Полша. Това само показва, че **независимо различните генотипове тези вируси не са толкова различни**.

След като бъдат публикувани секвенциите на вирусите, изолирани в България през 2023 г. ще може да бъде направен още по-детайлен анализ на генотипа.



3.0

Фигура 3. Филогенетичен анализ на PB2 гена на вируси от генотип DA на субтип H5N1 2.3.4.4b (за изработването и построяването на филогенетичното дърво са използвани секвенции публикувани в GSAID, както и софтуерите Mega 11Fig и Tree1.4.4). В тъмночервено са отбелязани вирусите генотип DA, в тъмно синьо тези произхождащи от Корея, а в правоъгълника са маркирани изолати от България от 2021г. (<https://doi.org/10.59496/20241AH4>)



4.0

Фигура 4. Филогенетичен анализ на NP гена на вируси от генотип DA на субтип H5N1 2.3.4.4b (за изработването и построяването на филогенетичното дърво са използвани секвенции, публикувани в GSAID, както и софтуерите Mega 11Fig и Tree1.4.4). В тъмночервено са отбелязани вирусите генотип DA, а в правоъгълника са маркирани изолати от България от 2021г. (<https://doi.org/10.59496/20241AH4>)



8.0

Фигура 5. Филогенетичен анализ на HA гена на вируси от генотип DA на субтип H5N1 2.3.4.4b (за изработването и построяването на филогенетичното дърво са използвани секвенции, публикувани в GSAID, както и софтуерите Mega 11Fig и Tree1.4.4). В тъмночервено са отбелязани вирусите генотип DA, а в правоъгълника са маркирани изолати от България от 2021г.(<https://doi.org/10.59496/20241AH4>)

3. Анализ на огнищата на H5N1 в България през 2024 г.

От януари 2024 г. до днешна дата има обявени **15 огнища в 6 области на страната** (Велико Търново, Добрич, Пазарджик, Пловдив, Кърджали и Хасково) и има един случай на НРАІ при диви птици в обл. Хасково. В засегнатите животновъдни обекти, в които е потвърдено наличието на НРАІ се отглеждат Пекински патици, патици мюлари, бройлери и кокошки носачки. (Таблица 1, Фигура 6).

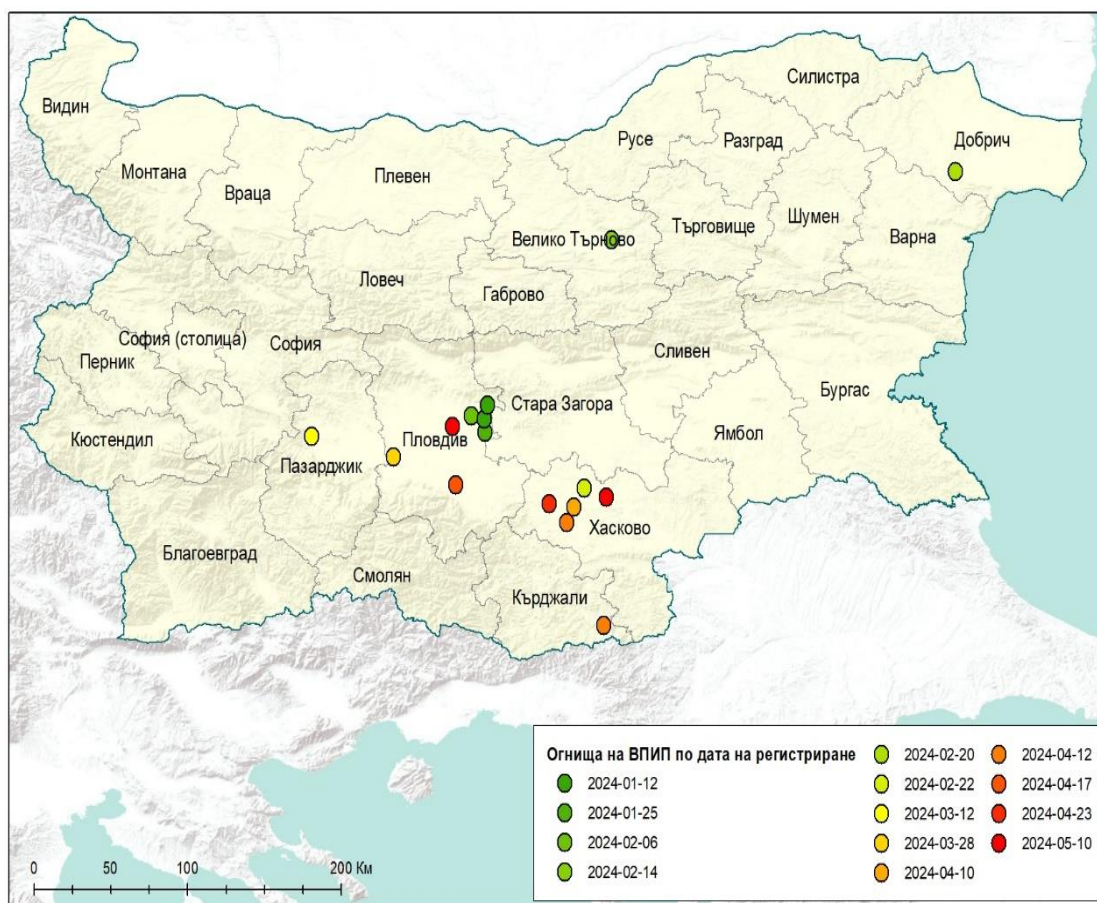
Няма данни до момента за засегнати в България други видове диви птици, бозайници и хора, въпреки широкото разпространение на вируса в други европейски страни сред дивата популация и засегнатите котки, норки, лисици и др.

Таблица 1. Огнища в България през октомври 2023 - февруари 2024 г.

Дата	Област	Населено място	Вид птици	Ширина	Дължина	Податливи	Случаи	Мъртви
2024-05-10	Пловдив	Калояново	Подрастващи патици	42.32	24.89	1800	20	20
2024-05-10	Хасково	Симеоновград	Патици мюлари	41.993	25.793	6300	40	40
2024-04-23	Хасково	Хасково	Бял щъркел	41.964	25.456	2	2	2
2024-04-17	Пловдив	Садово	Кокошки носачки	42.05	24.907	153893	83	83
2024-04-12	Кърджали	Крумовград	Заден двор	41.401	25.775	98	76	76
2024-04-12	Хасково	Хасково	Бройлери	41.875	25.56	396561	300	300
2024-04-10	Хасково	Хасково	Кокошки носачки	41.949	25.6	25028	84	84
2024-03-28	Пловдив	Родопи	Кокошки носачки	42.179	24.544	86054	682	682
2024-03-12	Пазарджик	Септември	Патици мюлари	42.275	24.063	12636	80	0
2024-02-22	Хасково	Димитровград	Кокошки носачки	42.033	25.662	39812	103	103
2024-02-20	Добрич	Добрич	Патици мюлари	43.498	27.838	9510	115	115
2024-02-14	В. Търново	Горна Оряховица	Пекински патици	43.182	25.822	37850	20	20
2024-02-06	Пловдив	Брезово	Патици мюлари	42.37	25.001	8725	20	0
2024-01-25	Пловдив	Брезово	Патици мюлари	42.335	25.081	9000	20	0
2024-01-12	Пловдив	Брезово	Патици мюлари	42.355	25.076	3900	20	0
2024-01-12	Пловдив	Брезово	Патици мюлари	42.348	25.08	4850	20	0

Областите, които са засегнати най-сериозно от вълната на птичи грип през 2024 г. са отново Пловдив и Хасково.

Огнища на ВПИП в България, по данни от ADIS за 2024 г.



Фигура 6. Огнища на НРАИ в България за периода 2024 г.

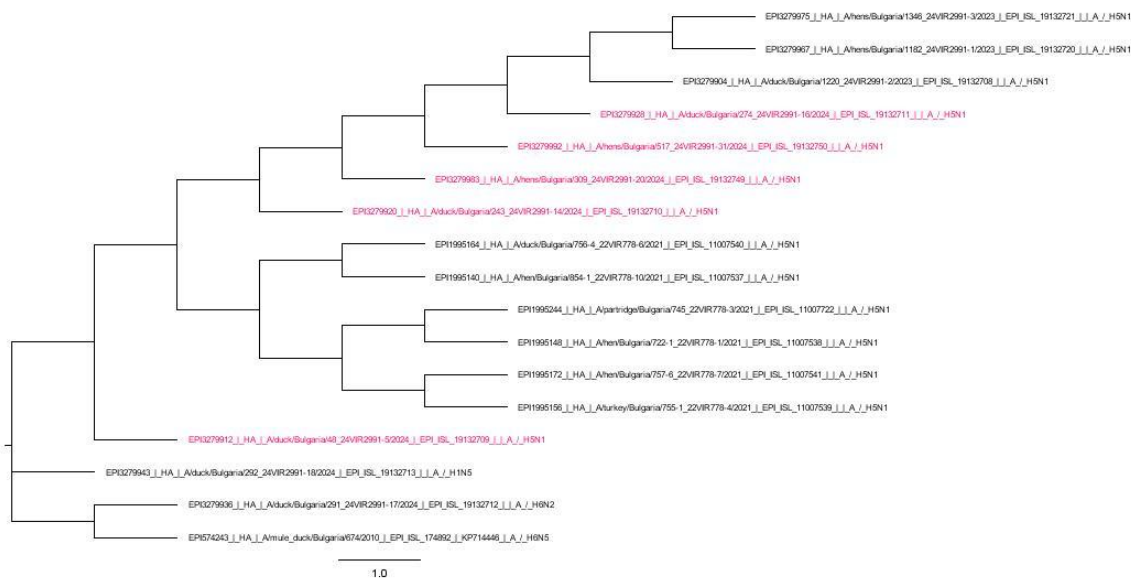
При направения филогенетичен анализ на публикуваните в GISAID секвенции на НРАИ изолирани в България през 2024 г. се установиха следните генетични характеристики (фигури 8, 9 и 10):

- *Хемаглутинин (HA):*

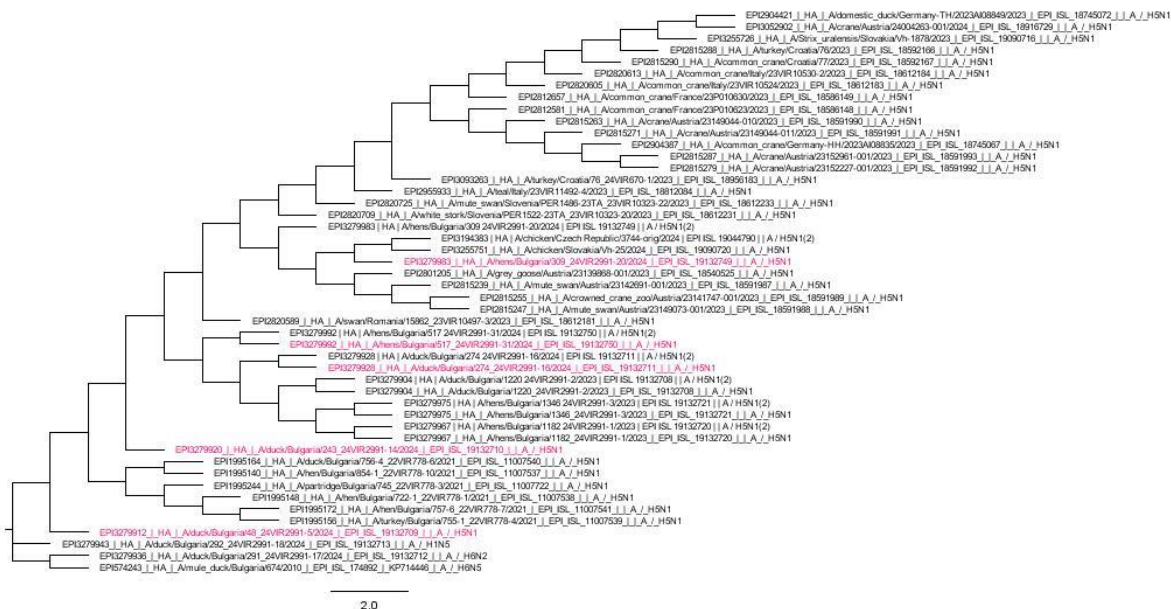
A/duck/Bulgaria/48_24VIR2991-5/2024 (Брезово, Пловдив), генетично е най-близък до тези циркулирали в Европа през 2022 г. в диви птици.

A/duck/Bulgaria/243_24VIR2991-14/2024 (Върбица, Велико Търново) е идентичен с вируси при диви птици изолирани през 2023-2024 г. в Европа (щъркели от Румъния, лебеди от Монголия и Казахстан и др.).

HA при три от изолатите **A/duck/Bulgaria/274_24VIR2991-16/2024 (Стефаново, Добрич)**, **A/hens/Bulgaria/309_24VIR2991-20/2024 (Черногорово, Хасково)** и **A/hens/Bulgaria/517-24VIR2991-31/2024 (Цаланица, Пловдив)** са идентични с **A/chicken/Czech_Republic/3744-orig/2024 (H5N1)**.



A



B

Фигура 7. Филогенетичен анализ на HA гена на вируси от изолирани в България през 2024 г. (A - български изолати; B – изолати от диви птици от Европа). За изработването и построяването на филогенетичното дърво са използвани секвенции, публикувани в GSAID, както и софтуерите Mega 11Fig и Tree1.4.4.

- **Неураминидаза (NA)**

NA показва 98% идентичност между щамовете **A/duck/Bulgaria/48_24VIR2991-5/2024 (Брезово, Пловдив)** и **A/hens/Bulgaria/309_24VIR2991-20/2024 (Черногорово, Хасково)**.

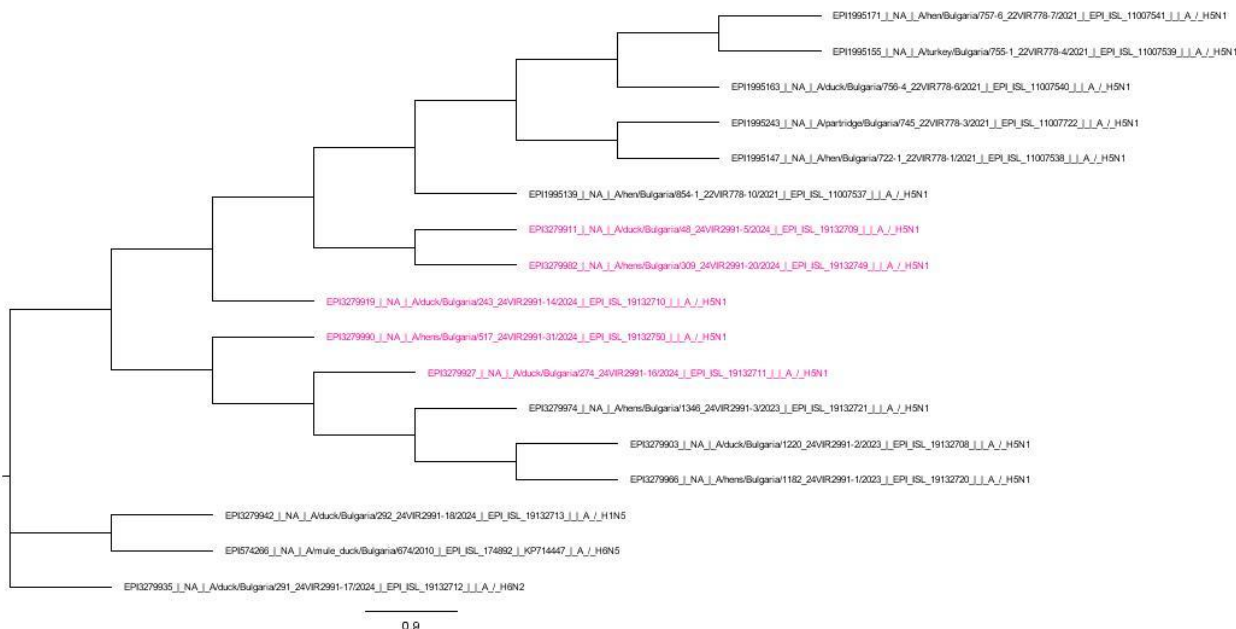
NA на **A/duck/Bulgaria/48_24VIR2991-5/2024** е близкородствена с диви птици от Европа и домашни птици от Великобритания.

A/duck/Bulgaria/243_24VIR2991-14/2024 е идентичен с тези от щъркели от Румъния от 2024 г. и диви птици от Европа от 2023 г.

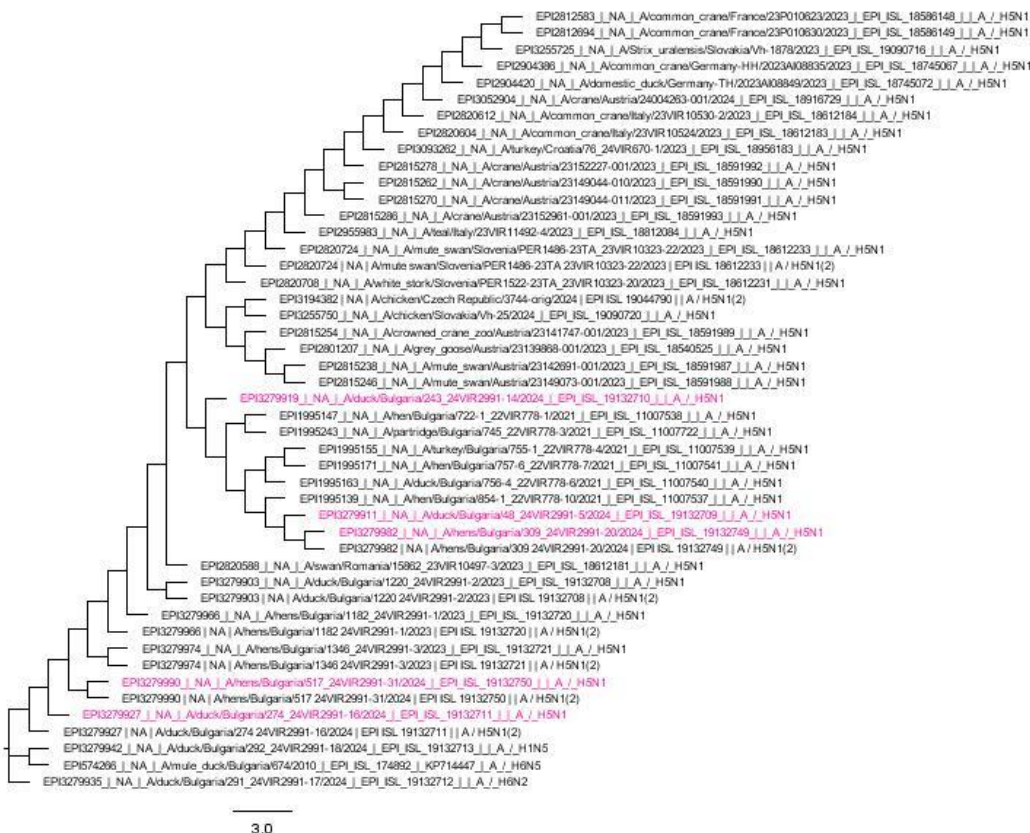
A/duck/Bulgaria/274_24VIR2991-16/2024 е близкородствен с **A/duck/Bulgaria/1220_24VIR2991-2/2023**, **A/hens/Bulgaria/1346_24VIR2991-3/2023** и **A/hens/Bulgaria/1182_24VIR2991-1/2023**, и диви птици от Европа от 2023-2024 г.

A/hens/Bulgaria/309_24VIR2991-20/2024 е 98 % близък с **A/partridge/Bulgaria/745_22VIR778-3/2021**, **A/turkey/Bulgaria/755-1_22VIR778-4/2021**, **A/hen/Bulgaria/854-1_22VIR778-10/2021**.

A/hens/Bulgaria/517-24VIR2991-31/2024 е генетично близък с диви и домашни птици от Европа от 2023-2024 г.



A



B

Фигура 8. Филогенетичен анализ на NA гена на вируси от изолирани в България през 2024 г. (A - български изолати; B – изолати от диви птици от Европа). За изработването и построяването на филогенетичното дърво са използвани секвенции, публикувани в GSAID, както и софтуерите Mega 11Fig и Tree1.4.4.

- *Полимеразен протеин PB2*

PB2 показва 99% близост между **A/duck/Bulgaria/48_24VIR2991-5/2024** и изолати от България от 2021-2023 г.

A/duck/Bulgaria/243_24VIR2991-14/2024 е идентичен с вирус, който циркулираше сред диви птици в Европа през 2023 г.

A/duck/Bulgaria/274_24VIR2991-16/2024, **A/hens/Bulgaria/309_24VIR2991-20/2024** и **A/hens/Bulgaria/517-24VIR2991-31/2024** са близкородствени с **A/duck/Bulgaria/1220_24VIR2991-2/2023**, **A/hens/Bulgaria/1346_24VIR2991-3/2023** и **A/hens/Bulgaria/1182_24VIR2991-1/2023** и **A/chicken/Czech_Republic/3744-orig/2024 (H5N1)**.

От анализа на двата **LPAI A/duck/Bulgaria/291_24VIR2991-17/2024 (H6N2) (Раковски, Пловдив)** и **A/duck/Bulgaria/292_24VIR2991-18/2024 (H1N5) (Раковски, Пловдив)**, са определени следните генетични характеристики:

- *Хемаглютинин (HA)*

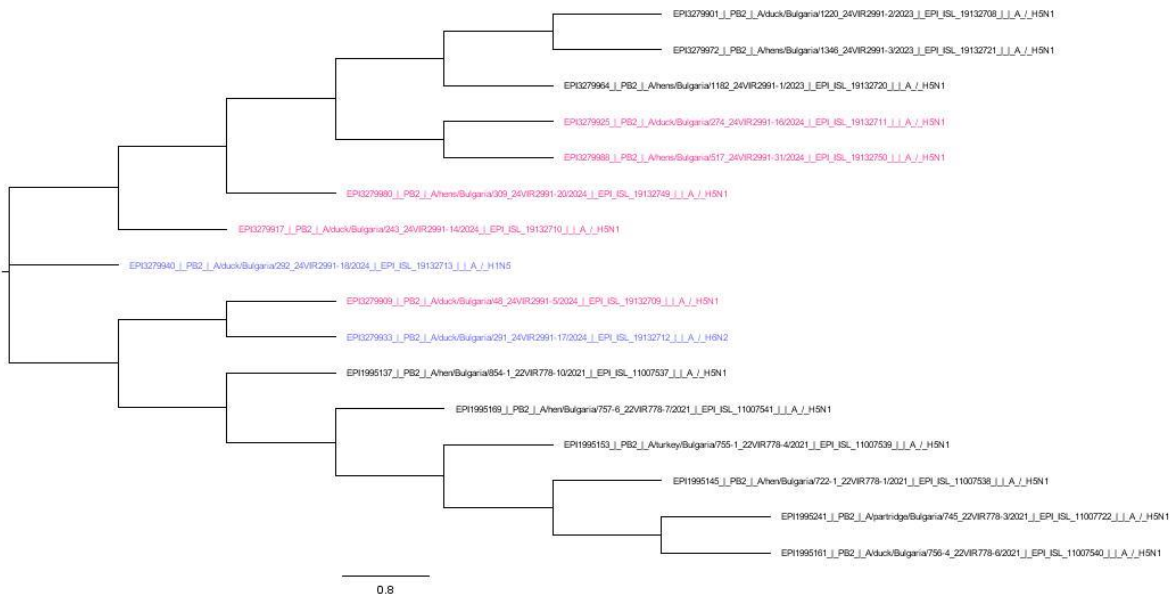
HA на **A/duck/Bulgaria/291_24VIR2991-17/2024 (H6N2)** е близък с вируси, циркулирали през 2021-2023 г. в диви птици от Европа., а **A/duck/Bulgaria/292_24VIR2991-18/2024 (H1N5)** е 98% генетично близък с **A/mule duck/Bulgaria/674/2010 (H6N5)** и с диви птици от Европа и Азия.

- *Неураминидаза (NA)*

NA на **A/duck/Bulgaria/291_24VIR2991-17/2024 (H6N2)** и **A/duck/Bulgaria/292_24VIR2991-18/2024 (H1N5)**, са близки генетично с диви птици от Азия.

- *Полимеразен протеин PB2*

PB2 на **LPAI A/duck/Bulgaria/291_24VIR2991-17/2024 (H6N2)** е близкородствен с този при **HPAI H5N1 A/hen/Bulgaria/757-6_22VIR778-7/2021**, **A/duck/Bulgaria/756-4_22VIR778-6/2021**, **A/turkey/Bulgaria/755-1_22VIR778-4/2021**, **A/hen/Bulgaria/722-1_22VIR778-1/2021**, **A/hen/Bulgaria/854-1_22VIR778-10/2021** и при диви птици от Европа от 2023 г. В PB 2 на **LPAI A/duck/Bulgaria/292_24VIR2991-18/2024 (H1N5)** се откриват прилики с вируси, произхождащи от диви птици от Европа, Азия, Австралия и Канада.



A



3.0

Б

Фигура 9. Филогенетичен анализ на PB2 гена на вируси от изолирани в България през 2024 г. (А - български изолати Б – изолати от диви птици от Европа; ; в розово – НРАИ; в лилаво - LPAI;). За изработването и построяването на филогенетичното дърво са използвани секвенции, публикувани в GSAID, както и софтуерите Mega 11Fig и Tree1.4.4.

Някои от гените на вирусите циркулирали от началото 2024 г. в България показват близка родствениост по между си, но други произхождат от различни предшественици. Ясно си личи, че има интродукции на НРАИ и LPAI от диви птици. Това, че A/duck/Bulgaria/274_24VIR2991-16/2024, A/hens/Bulgaria/309_24VIR2991-20/2024 и A/hens/Bulgaria/517-24VIR2991-31/2024, A/duck/Bulgaria/1220_24VIR2991-2/2023, A/hens/Bulgaria/1346_24VIR2991-3/2023, A/hens/Bulgaria/1182_24VIR2991-1/2023 са близкородствени с вирус при полета от Чехия (A/chicken/Czech_Republic/3744-orig/2024 (H5N1)) показва движението на вирусите чрез популацията на дивите прелетни птици в Европа.

4. Развитие на епидемичния процес, идентифициране на зони с висок риск и уязвими популации в сектора на птиците в България

Какво е епидемичен процес? Взаимодействие на популацията на причинителя с популацията на гостоприемника в определена среда, явяваща се необходимо условие за тяхното съществуване.

Епидемичния процес е биосоциален процес, състоящ се от 3 части:

1. Източник на инфекция

- Amber
- Green
- White

2. Механизъм на предаване

3. Възприемчиви видове

Движещи сили на епидемичния процес, са:

1. Първични:

Източник на зараза

Механизъм на предаване

Възприемчиви животни

2. Вторични:

Ферми за птици

Природни фактори (водни басейни, миграционни пътища.)

Социални фактори

1. Първични:

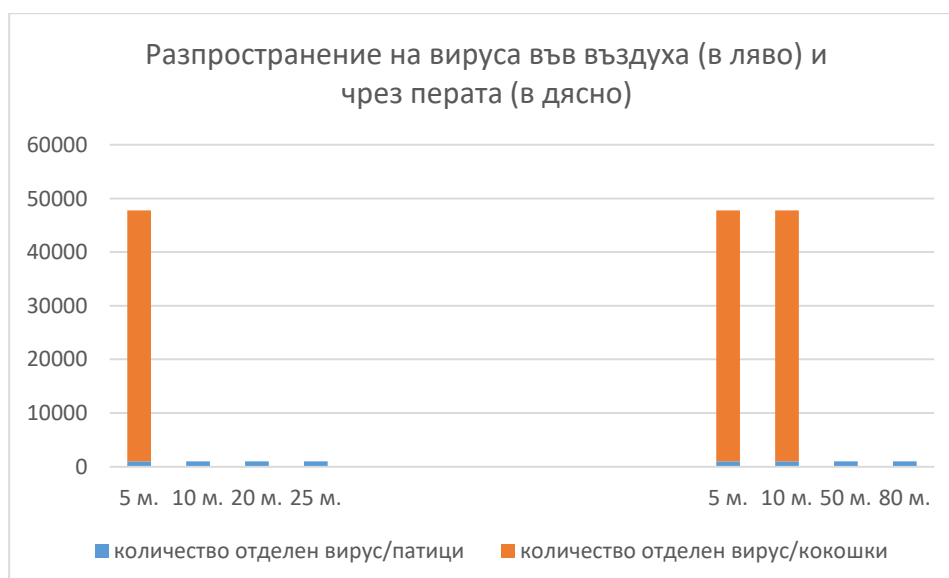
Източник на зараза. Източник на вируса на птичия грип са птиците. Вирусът се разпространява по въздуха и чрез фекалиите. Дивите птици често изпълняват ролята на резервоар, предавайки го на по-чувствителните домашни птици.

Механизъм на предаване.

I фаза– *отделяне на заразата от заразения организъм.* При проведени проучвания (James et al., 2023) е установено, че инфекциозната доза 50 (EID₅₀) необходима да зарази патиците е 10³, а при кокошките е 10^{4.67}. Т.е. необходимо е значително по-малко вирус, за да се инфектират водоплаващите птици, отколкото кокошеви. От друга страна също е доказано, че вирусът по-лесно се разпространява в стада от патици, в сравнение с тези от кокошки.

II фаза– *пребиваване във външната среда.* James et al., доказва че инфектиран въздух при ферми от патици се доказва до 10-25 м извън сградата, докато при кокошките той е инфекциозен само в пряка близост до сградата. При тестване на пера, пренесени от вятъра до 80-100м. от ферма за патици, в която е установена Инфлуенца, се доказва РНК. Това не се наблюдава при огнища в кокошеви ферми (фигура 7). Gaide et al. доказват, че епитела от фоликула на перата е силно инфекциозен, особено при подрастващите патици. НРАI може да оцелее в основата на перата до 160 дни при 4⁰С и до 15 дни при 20⁰С.

III фаза– *внедряване на заразата в макроорганизма.* Scoizec et al., прави проучване върху отделеното количество вирус и доказва, че патиците отделят 4,33 до 6,6.0 log₁₀ RNA копия за м³, а кокошките 4,54 до 6,6,43. Има и пряка зависимост от гъстотата на птиците в самата ферма. Например при гъстота от 7 птици/м² се отделя над 5 log₁₀ RNA копия за м³ и при двата вида птици.



Фигура 10. Разпространение на вируса във въздуха (в ляво) и чрез перата (в дясно)

Възприемчиви животни. Всички домашни птици са възприемчиви, но при патиците може да протече като безсимптомна, до лека или по-тежка инфекция, докато при кокошките е летална.

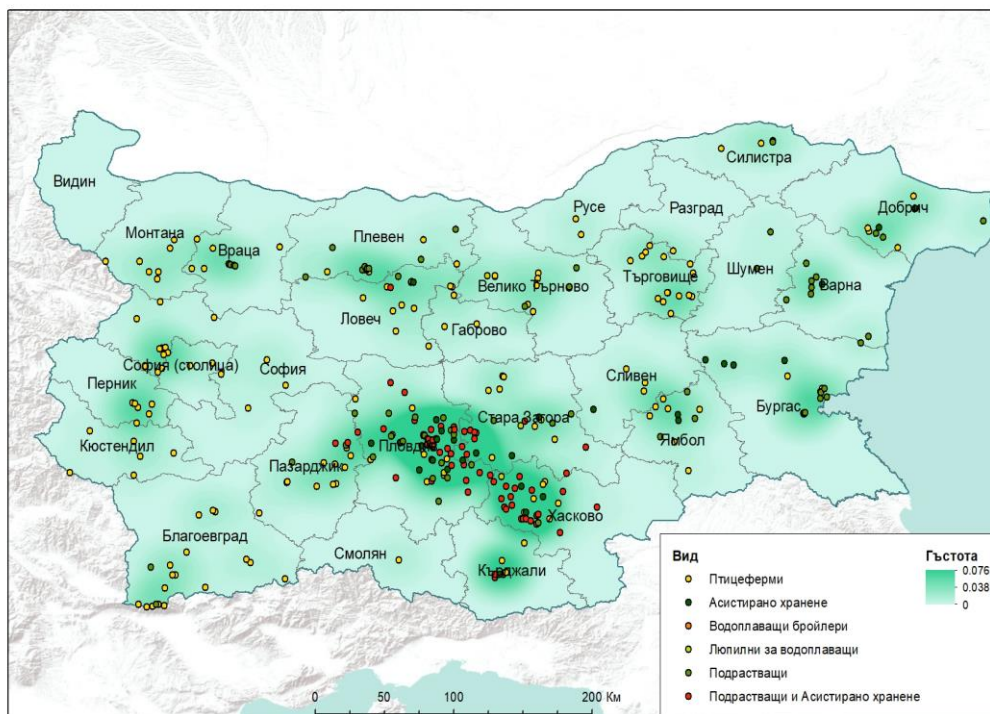
2. Вторични:

Ферми за птици, природни фактори (водни басейни, миграционни пътища.), социални фактори.

- *Ферми за птици.* В наредба № 44 от 20 април 2006 г. за ветеринарномедицинските изисквания към животновъдните обекти, раздел III, се разглеждат специалните ветеринарномедицински и зоохигиенни изисквания към животновъдните обекти за отглеждане на селскостопански животни. Тази наредба предстои да се допълни, но така или иначе в нея са оказани най-важните условия, които собствениците на фермите и работниците в тях трябва да спазват. Дезинфекцията е ветеринарно-санитарна мярка, насочена към предотвратяване и борба с инфекциозните заболявания по селскостопанските животни, причинени от болестотворни микроорганизми. Дезинфекцията и хигиената в животновъдните ферми са важни за здравето на отглежданите животни. **След проведените епизоотични проучвания в част от фермите може, да се заключи, че има места където се установяват пропуски в биосигурността.**

Фермите за патици в България са съсредоточени в южната, централната и източната част на страната, като на север и на запад има относително малко регистрирани стопанства, докато стопанствата за кокошки са по-хомогенно разположени в цялата страна (Фигури 8 и 9). От картите се вижда, че има припокриване на огнищата с районите на висока концентрация на ферми за патици, а именно Пловдив и Хасково.

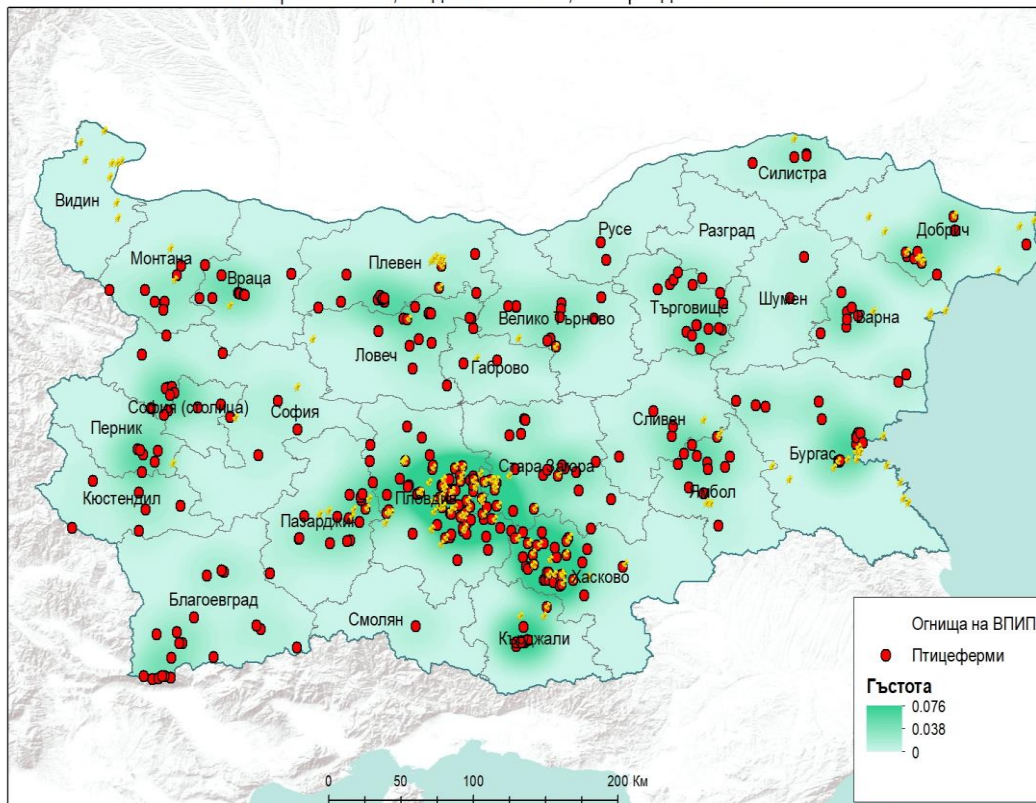
Гъстота на птицефермите в България, ноември 2023, по данни от БАБХ



Фигура 11. Гъстота на фермите за кокошки и патици на територията на България.

https://qgiscloud.com/rootsx2/birds_project/

Гъстота на птицефермите в България, ноември 2023, по данни от БАБХ и
огнища на ВГИП, по данни от ADIS, за периода 2007-2023

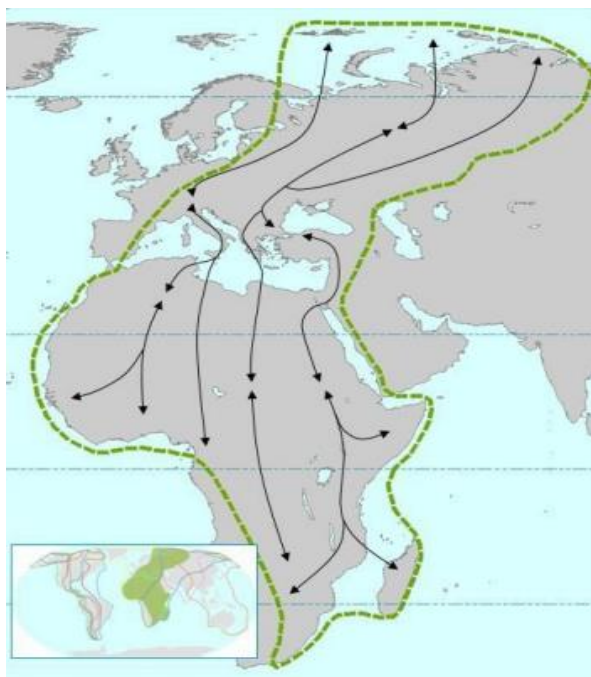


Фигура 12. Гъстота на фермите за кокошки и патици на територията на България и огнища на Инфлуенца А по птиците за периода 2007-2023 г.

- *Водни басейни.* Характерът на климатичните условия, особеностите на геоложкия строеж и значителното разнообразие на земеповърхностните форми, определят разпределението и гъстотата на речната мрежа. Малкият териториален обхват на България и непосредствената и близост до р. Дунав и Черно море, заедно с положението на Стара планина и близостта и до Егейско море са предпоставка за образуване на къси речни артерии и малки речни системи. Най-голяма е водната маса в Югозападна България - 28,9 % от оттока на страната. Най-голямата българска река, която протича в Югозападна България е р. Марица. В България са изградени над 2200 язовира, като голяма част от тях се намират в Южен централен район. Водните басейни и районите около тях са основните местообитания за дивите птици.

- *Миграционни пътища.*

Мигриращи птици могат да се наблюдават над цялата страна. Известните интензивни миграционни пътища обаче са в източната част на страната (*Via Pontica*), в западната част по протежението на река Струма (*Via Aristotelis*) и по поречието на реките Марица и Тунджа.



Фигура 13. Карта на миграционните пътища минаващи през Европа и Африка

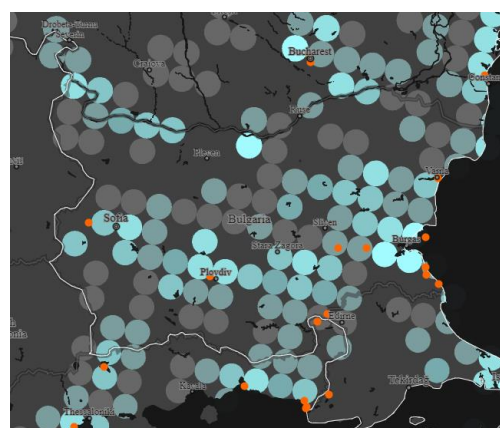
- **Западно-черноморски прелетен път *Via Pontica*** е основният миграционен път, преминаващ през страната. Той преминава покрай черноморското крайбрежие и най-интензивната му част е с ширина до 100 км навътре в сушата. По него ежегодно пролет и есен прелитат милиони водолюбиви, грабливи, дърдавцови и пойни птици от над 110 вида.

- **Струмски прелетен път *Via Aristotelis*** преминава през западната част на страната по долините на реките Струма и Места, и е от регионално значение за Балканския полуостров. Проучвания и отделни наблюдения в района го сочат като важен за прелета на пойните и водолюбивите птици.

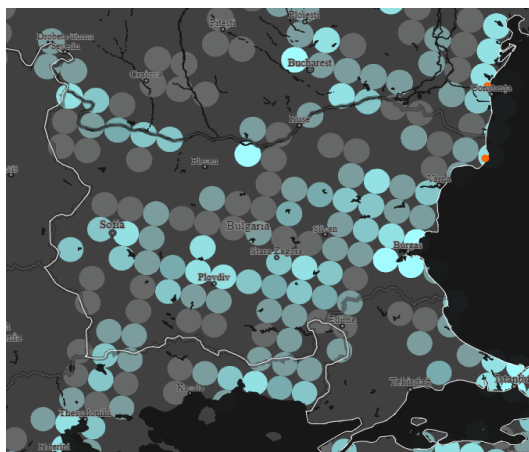
- **Прелетен път по поречието на река Марица**, макар и не интензивен, този прелетен път се ползва от грабливите птици по време на миграция.



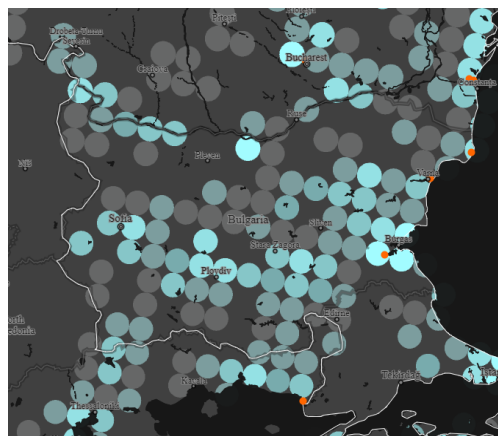
Пролет- март-май



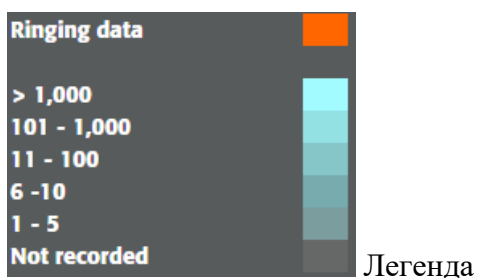
Лято- юни-август



Есен-септември-ноември



Зима-декември-февруари



Фигура 14. Визуално представяне на териториите, обитавани от мигриращи диви птици през различните сезони в България, изготвено чрез инструмент за картографиране на миграцията на EFSA (<https://eurimg.org/research/migration-mapping>)

Основните периоди на масов прелет на птиците са **през пролетта и есента**. Пролетната миграция през територията на страната настъпва с началото на прелета на зимуващите в страната птици. Някои видове като къдроглавия пеликан, египетския лешояд и в топли зими – белия щъркел, започват да прелитат още през февруари. Прелетът на повечето видове обаче започва през март и продължава до средата на май. Късни мигранти се наблюдават дори до края на май. При някои видове миграцията протича равномерно през целия сезон. Есенната миграция при някои видове започва още през втората половина на юли и продължава и през ноември. През втората половина на октомври вече могат да се наблюдават птици, които се установяват да зимуват в страната. Въпреки това за почти всички видове е установено, че мигрират между началото на август и края на октомври. (https://natura2000.egov.bg/PublicDownloads/Auto/OtherDoc/276296/276296_Birds_120.pdf). На фигура 11 са представени териториите, обитавани от диви прелетни птици през различните сезони. От картите се вижда, че има райони в страната, които постоянно са обитавани от мигриращи видове.

Умерено-средиземноморският климат, в съчетание с обилните водни ресурси в региона Югозападна България са важни предпоставки за големият брой диви птици, които го обитават, гнездят или пребиват временно.

- **Социални фактори.** Социалните фактори се определят от материално състояние на населението, видът на селището и др. Фермите за птици са разположени извън градовете, в села или в близост до такива. Работниците, които се наемат обикновено са с основно и средно образование, хора които имат ниска или незадоволителна здравна култура. Собствениците са задължени да провеждат обучения и контрол, но това не винаги е достатъчно ефективно.

Изводи

Като се вземат предвид движещите сили на епидемичния процес могат да се направят следните изводи:

1. За 2024 г. има 9 огнища при патици и 4 при кокошки носачки. Поради факта, че патиците се нуждаят от по-малко количество вирус, за да се заразят, по-лесно си го предават и разпространението на причинителя извън фермата е по-голямо, може да се заключи, че **рискът от разпространение на НРАІ при патици е по-висок.**

2. За да се заразят кокошките е нужно по-голямо количество вирус, отколкото при инфектирането на патиците. **При патиците инфекцията често протича в лека форма, докато при кокошевите птици е фатална.**

3. Основният източник на разпространение и поддръжката на НРАІ H5N8 през 2017-2018 идва от сектора на **домашните патици, като основна роля имат фермите за угояване.**

4. Технологиите на отглеждане на патиците позволява по-лесен достъп на дивите птици до вирусът. Има най-вероятно предаване на НРАІ от диви птици към домашни и обратното от домашни към диви.

5. **Анализът на НРАІ H5N1 от 2024 г. показва генетична близост между изолатите.** Явно вирусът циркулира в страната, съхраняван в околната среда, дивите и домашни патици. Предаване на вируса от ферма на ферма обаче става, най-вероятно чрез дивите птици. Доказателство за това е появата на вирус изолиран от лебед от Румъния (A/swan/Rumania/15862 23 VIR10497-3/2023) в клъстера на Българските изолати от 2021-2024 г.

6. Основните пътища за отделяне на вируса в околната среда са чрез дихателната и отделителната системи. Разпространението на НРАІ чрез заразеното оперение е един подценен начин за контаминация, който обаче трябва бъде взет в предвид, особено при провеждане на дезинфекцията. **Вирусът в перата е силно защитен от маснатата тъкан и е трудно да бъде унищожен.**

7. На територията на България се обособяват два района с концентрация на всички рискови фактори. **Те са разположени в централната част на страната и обхващат обл. Пловдив и Хасково.**

8. **Социалният фактор не е за пренебрегване, за това периодичните обучения на персонала, трябва да останат неизменна стъпка в общата концепция за справяне с НРАІ.**

9. Въпреки въведените мерки за биосигурност, се установяват пропуски в някои ферми. **Необходимо е непрекъснато и неизменно старание в посока подобряване на биосигурността. Тя е ОСНОВНИЯТ метод за предпазване от инфекцията с НРАІ.**

В заключение, като зони с висок риск от предаване и разпространение на вируса на Инфлуенца А по птиците определяме обл. Пловдив и Хасково. Най-чувствителния вид птици, от гледна точка на това кой вид се заразява по-лесно, това са патиците, а от гледна точка на това при кой инфекцията протича най-тежко, това са кокошките.

Използвана литература:

• *Cornelia Adlhoch, Alice Fusaro, José L Gonzales, Thijs Kuiken, Gražina Mirinavičiūtė, Éric Niqueux, Christoph Staubach, Calogero Terregino, Francesca Baldinelli, Alessia Rusinà and Lisa Kohnle. Avian influenza overview June–September 2023, European Food Safety*

Authority, European Centre for Disease Prevention and Control, European Union Reference Laboratory for Avian Influenza.

<https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.2903/j.efsa.2023.8328>

- Demirev, A.V., Park, H., Lee, K., Park, S., Bae, J.Y., Park, M.S. and Kim, J.I., 2023. *Phylodynamics and Molecular Mutations of the Hemagglutinin Affecting Global Transmission and Host Adaptation of H5Nx Viruses. Transboundary and Emerging Diseases*, 2023.

- EFSA Science Report: Avian influenza overview September–December 2023, *EFSA Journal* 2023;21(12):8539. <https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.2903/j.efsa.2023.8539>

- Gabriela Goujgoulova, Krasimira Zaharieva. *Analysis of the genotypes of Influenza A H5N1 in Bulgaria 2021-2023. Bulgarian One Health Journal*, 2024, Volume 1, 7 73-88 ISSN 3033-0408, <https://doi.org/10.59496/20241AH4> Original article

- Gaide Nicolas, Fabien Filaire, Kateri Bertran, Manuela Crispo, Malorie Dirat, Aurélie Secula, Charlotte Foret-Lucas, Bruno Payré, Albert Perlas, Guillermo Cantero, Natàlia Majó, Sébastien Soubies, Jean-Luc Guérin. *The feather epithelium contributes to the dissemination and ecology of clade 2.3.4.4b H5 high pathogenicity avian influenza viruses in ducks. Emerg Microbes Infect.* 2023. doi: 10.1080/22221751.2023.2272644.

- GSAID. *Global Initiative on Sharing All Influenza Data.* <https://gisaid.org/>

- James Joe, Caroline J. Warren, Dilhani De Silva, Thomas Lewis, Katherine Grace, Scott M. Reid, Marco Falchieri, Ian H. Brown, Ashley C. Banyard. *The Role of Airborne Particles in the Epidemiology of Clade 2.3.4.4b H5N1 High Pathogenicity Avian Influenza Virus in Commercial Poultry Production Units Viruses* 2023, 15, 1002. <https://doi.org/10.3390/v15041002>

- James Joe, Elizabeth Billington, Caroline J. Warren, Dilhani De Sliva, Cecilia Di Genova, Maisie Airey, Stephanie M. Meyer, Thomas Lewis, Jacob Peers-Dent, Saumya S. Thomas, Abigail Lofts, Natalia Furman, Alejandro Nunez, Marek J. Slomka, Ian H. Brown, Ashley C. Banyard. *Clade 2.3.4.4b H5N1 high pathogenicity avian influenza virus (HPAIV) from the 2021/22 epizootic is highly duck adapted and poorly adapted to chickens. Journal of General Virology* 2023;104:001852, doi: 10.1099/jgv.0.001852

- Lee Chung-Young, Se-Hee An, Jun-Gu Choi, Youn-Jeong Lee, Jae-Hong Kim, Hyuk-Joon Kwon. *Rank orders of mammalian pathogenicity-related PB2 mutations of avian influenza A viruses. Sci Rep.* 2020 Mar 24;10(1):5359. doi: 10.1038/s41598-020-62036-5.

- Ye-Ram Seo, Andrew Y Cho, Young-Jae Si, Song-I Lee, Dong-Ju Kim, Hyesung Jeong, Jung-Hoon Kwon, Chang-Seon Song, Dong-Hun Lee. *Evolution and Spread of Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Clade 2.3.4.4b Virus in Wild Birds, South Korea, 2022-2023. Emerg Infect Dis.* 2024 Feb;30(2):299-309. doi: 10.3201/eid3002.231274.



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

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

Изготвил: доц. Габриела Гужгулова

Карти и фигури: Емил Симеонов

Център за оценка на риска по хранителната верига

06.06.2024 г.