

## RAPORT NAUKOWY OPRACOWANY PRZEZ EFSA

### Wysoco zjadliwa grypa ptaków A podtypu H5N8<sup>1</sup>

#### Europejski Urząd ds. Bezpieczeństwa Żywności<sup>23</sup>

Europejski Urząd ds. Bezpieczeństwa Żywności (EFSA), Parma, Włochy

#### ABSTRAKT

Od stycznia i listopada 2014 r. odnotowywano wystąpienia ognisk wysoco zjadliwej grypy ptaków (HPAI) H5N8 w gospodarstwach drobiarskich, odpowiednio w Azji i Europie. Wprowadzenie wirusa HPAI H5N8 do Europy i jego późniejsze rozprzestrzenienie się na tym kontynencie to dwa odrębne zdarzenia związane prawdopodobnie z dwoma różnymi wektorami. Po przeprowadzeniu badań epidemiologicznych w gospodarstwach drobiarskich, w których wystąpiło zakażenie, nadal nie ma pewności, co do źródła wirusa. Nie są znane żadne bezpośrednie trasy migracji ptaków z Azji do Europy Zachodniej. Postawiono hipotezę, że przeniesienie wirusów HPAI pomiędzy tak odległymi obszarami mogło wystąpić w wyniku zakażeń krzyżowych między różnymi ptakami na obszarach lęgowych w północnej Eurazji, jednak hipoteza ta wymaga dalszych badań. Wysoco zjadliwa ptasia grypa podtypu H5N8 została wykryta w populacjach dzikich ptaków w Niemczech i Holandii. Istnieje bardzo małe prawdopodobieństwo bezpośredniego kontaktu pomiędzy dzikimi ptakami a ptactwem hodowlanym w gospodarstwach, w których wystąpiło zakażenie. Bardziej prawdopodobne jest pośrednie wprowadzenie wysoco zjadliwej grypy ptaków podtypu H5N8 do gospodarstw drobiarskich poprzez ludzi, pojazdy, sprzęt, inne przedmioty, żywe zwierzęta i/lub produkty pochodzenia zwierzęcego zakażone wirusem (na przykład w kale) zainfekowanych ptaków. Badania przeprowadzone w Holandii wskazują, że w czterech przypadkach na pięć objętych tymi badaniami wirus pochodził ze źródeł innych niż inne gospodarstwo. Zalecane jest przeprowadzenie oceny procedur bezpieczeństwa biologicznego, ze szczególnym uwzględnieniem segregacji, czyszczenia i dezynfekcji, i, w razie konieczności, ich poprawy. Biorąc pod uwagę niską zjadliwość wirusa HPAI H5N8 obserwowaną w przypadku kilku gatunków dzikiego ptactwa, odpowiednio ukierunkowane, strategiczne i proporcjonalne wzmocnienie czynnego i pasywnego nadzoru w zakresie żywych i martwych dzikich ptaków na obszarach wysokiego ryzyka, byłoby pomocne w zrozumieniu ryzyka przeniesienia wirusa na drób. Mogłoby także ułatwić opracowanie ukierunkowanych działań mających na celu ograniczenie ryzyka przeniesienia wirusa między drobiem a dzikim ptactwem. Konieczne jest terminowe przeprowadzanie aktualizacji analiz w zakresie rozwoju sytuacji w Unii Europejskiej, jak również ocena wszystkich szlaków, którymi wirusy HPAI mogą być przenoszone z Azji do Europy.

<sup>1</sup> Na wniosek Komisji Europejskiej, Pytanie nr EFSA-Q-2014-00838, przyjęto 5 grudnia 2014 r.

<sup>2</sup> Korespondencja: [alpha@efsa.europa.eu](mailto:alpha@efsa.europa.eu)

<sup>3</sup> Podziękowania: EFSA pragnie złożyć podziękowania następującym osobom: Ruth Bouwstra, Andrew Breed, Adam Brouwer, Ian Brown, Franz Conraths, Wolfgang Fiedler, Ron Fouchier, Thijs Kuiken, Helen Roberts, Carola Sauter-Louis, Arjan Stegeman oraz David Stroud z sieci AHAW; Aline De Koeijer, Klaus Depner, Arjan Stegeman (recenzent zewnętrzny) oraz Ivar Vågsholm z panelu AHAW; Conni Adlhoch, Celine Gossner, Piotr Kramarz oraz Pasi Penttinen z Europejskiego Centrum ds. Zapobiegania i Kontroli Chorób (ECDE) za prace przygotowawcze nad niniejszym opracowaniem naukowym; jak również następującym członkom personelu EFSA: Frank Verdonck, Jane Richardson, Andrea Bau, José Cortinas Abrahantes, Matthew Watts oraz Gabriele Zancanaro za wsparcie udzielone przy pracach nad tym opracowaniem.

## SŁOWA KLUCZOWE

Wysoce zjadliwa grypa ptaków, H5N8, droga wprowadzenia, dzikie ptactwo

## STRESZCZENIE

Wystąpienie ognisk HPAI H5N8 w gospodarstwach drobiarskich zostało odnotowane w Republice Korei, Japonii, Chinach, Niemczech, Wielkiej Brytanii i Holandii. Pierwsze ognisko choroby wśród kaczek domowych na terytorium Republiki Korei zostało odnotowane w styczniu 2014 r. Jeśli chodzi o fermy w Europie, pierwsze doniesienie o wystąpieniu ogniska wirusa pochodziło z regionu Maklemburgia – Pomorze Przednie, Niemcy. Zgłoszenie miało miejsce w dniu 4 listopada 2014 r. i dotyczyło fermy indyków. Wystąpienie HPAI H5N8 zostało następnie potwierdzone na fermie kaczek w hrabstwie East Riding Yorkshire, Wielkie Brytania, i w pięciu gospodarstwach drobiarskich w prowincji Holandia Południowa, Holandia.

Raport naukowy odnosi się do sposobu wprowadzenia HPAI H5N8 na terytorium Europy i ewentualnego dalszego rozprzestrzeniania się choroby, jednak w obu ww. kwestiach istnieje wiele wątpliwości. Wykorzystując dostępne dane przeprowadzono analizę zarówno pierwszego jak i późniejszych przypadków, której celem było określenie, czy były one wynikiem pierwotnego wprowadzenia wirusa, czy też innych określonych czynników wskazujących na wtórne rozprzestrzenianie się choroby. Analiza uwzględniała sytuację epidemiologiczną i informacje zgromadzone do dnia 5 grudnia 2014 r.

Jedną z możliwych dróg wprowadzenia wirusa do Europy mogły być migrujące ptaki. Przypuszczenie to oparto na roli, jaką odegrały migrujące ptaki w przypadku innych ognisk grypy ptaków. Wirus HPAI H5N8 został wykryty w Azji u dzikich ptaków (głowienki (*Aythya ferina*), łabędzia czarnodziobego (*Cygnus columbianus*), czapli białej (*Ardea alba*), gęsi zbożowej (*Anser fabalis*), bajkałówki (*Anas formosa*), chruściela (przypuszczalnie łyski zwyczajnej (*Fulica atra*)), kaczki krzyżówki (*Anas platyrhynchos*), gęsi białoczelnej (*Anser albifrons*), cyraneczki zwyczajnej (*Anas crecca*) oraz kaczki pstrodziobej (*Anas poecilorhyncha*). Nie są znane żadne bezpośrednie szlaki wędrówek ptaków z Azji Południowo-Wschodniej do Europy Zachodniej. Nie można wykluczyć przemieszczeń pojedynczych ptaków, jest to jednak bardzo mało prawdopodobne. Postawiono hipotezę, że przeniesienie wirusów HPAI pomiędzy tak odległymi obszarami mogło wystąpić w wyniku zakażeń krzyżowych między różnymi ptakami na obszarach lęgowych w północnej Eurazji, na których pokrywają się ze sobą różne szlaki wędrówek populacji dzikich ptaków, jednakże ta hipoteza wymaga dalszych badań. Przyszłe analizy sekwencji genomu wirusów HPAI H5N8 z Azji do Europy będą cennym źródłem informacji wykorzystywanych podczas badania hipotez dotyczących dróg jego rozprzestrzeniania się. Ponadto nie ma pewności, co do tempa ewolucji wirusa w różnych populacjach zarówno drobiu jak i dzikich ptaków. Jednakże dane historyczne sugerują szybsze tempo ewolucji wirusa, szczególnie po wprowadzeniu go do gatunków kuraków domowych.

Wystąpienie HPAI H5N8 w populacjach dzikich ptaków w Europie zostało potwierdzone jak dotąd w próbkach pobranych od jednej cyraneczki zwyczajnej w Niemczech i w dwóch próbkach kału świstuna zwyczajnego (*Anas penelope*) w Holandii. Wspomniana cyraneczka została zastrzelona w Niemczech (wyspa Rügen) i nic nie wskazywało na to, że wystąpiły u niej jakiegokolwiek zaburzenia zdrowotne. Dane zgromadzone w terenie oraz wstępne doświadczenia przeprowadzone na ptakach wskazują, że w przypadku niektórych gatunków dzikich ptaków HPAI H5N8 może cechować się relatywnie umiarkowaną zjadliwością, przy ograniczonym wskaźniku śmiertelności (<20%). Jednakże należy zaznaczyć, że u osobników gatunku kaczka krzyżówka zakażonych HPAI H5N8 replikacja wirusa następowała szybko, a stopień wydalania wirusa był wyższy niż w przypadku wirusa HPAI H5N1, osiągając poziomy wskazujące na możliwość przenoszenia go drogą kontaktową. W przypadku gdy wirus krąży wśród dzikich ptaków, miejsca, w których dzikie ptaki mogą mieć kontakt z drobiem hodowlanym mogą stanowić drogę wprowadzenia wirusa do gospodarstw drobiarskich. Rozprzestrzeniający się wirus może być także przenoszony z drobiu na dzikie ptaki. Badania przeprowadzone w Holandii w oparciu o pełne sekwencjonowanie (nowej generacji) genomu i analizę drzewa filogenetycznego wskazywały, że w czterech przypadkach miało miejsce odrębne

wprowadzenie wirusa na farmy, natomiast w piątym przypadku wirus został przeniesiony między gospodarstwami. Głęboka homologia wśród genów wirusów HPAI H5N8 wykrytych w Wielkiej Brytanii, Holandii i Niemczech sugeruje, że wszystkie z nich mają przodka wspólnego także dla wirusów HPAI H5N8 wyizolowanych ostatnio u dzikich kaczek, którego wystąpienie jest szacowane na czerwiec 2014 r. Jednakże nie ma możliwości przeprowadzenia rzetelnej interpretacji topologii klastra europejskiego i japońskiego z wykorzystaniem tych podobnych sekwencji. W rozwiązaniu kwestii tych zależności pomoże analiza filogenetyczna innych segmentów genów wirusów oraz, co jest równie ważne, sekwencji genów większej liczby wirusów.

Ogniska odnotowane w Europie wśród drobiu wystąpiły w obiektach zamkniętych, dlatego też bezpośredni kontakt pomiędzy dzikim ptactwem wodnym i ptakami hodowanymi na zainfekowanych fermach jest mało prawdopodobny. Jeśli wirus krąży wśród populacji dzikich ptaków wodnych, mogło dojść do skażenia powierzchni pomieszczeń, w których przebywa drób poprzez kał, lub skażenia wód stojących przez wydalany wirus. Jednak dane dotyczące miana wirusa w środowisku w związku z wydalaniem wirusa przez dzikie ptactwo nie są obecnie dostępne. Przeprowadzone badania wykazały jednakże, że w temperaturze 4°C wirus może przetrwać przez kilka tygodni w wodzie, co może wskazywać, że wirus może być przenoszony poprzez przedmioty przemieszczane ze skażonego środowiska do zamkniętych gospodarstw drobiarskich, w których procedury bezpieczeństwa biologicznego nie są przestrzegane w wystarczającym stopniu.

Biorąc pod uwagę oczywistą obecność HPAI H5N8 w pewnych populacjach dzikich ptaków w Europie oraz wystąpienie zakażenia HPAI H5N8 w kilku gospodarstwach drobiarskich, bardziej prawdopodobne jest pośrednie wprowadzenie HPAI H5N8 przenoszonego przez zakażone ptactwo do gospodarstw drobiarskich poprzez ludzi, pojazdy, sprzęt, inne przedmioty, żywe zwierzęta i/lub produkty pochodzenia zwierzęcego skażone wirusem (obecnym na przykład w kale). Aby zapobiec przeniesieniu wirusa na teren farmy lub spoza tego terenu, konieczne jest wdrożenie odpowiedniego systemu bezpieczeństwa biologicznego, ponieważ nietolni nosiciele pośredni gatunków takich jak myszy, koty, lisy, psy i łasicowate mogą pełnić rolę co najmniej wektorów mechanicznych. Systemy bezpieczeństwa biologicznego powinny także uwzględniać strumienie przedmiotów, odpadów i wody opuszczające teren farmy, w celu uniknięcia wydostania się wirusa poza teren farmy, na której wystąpiło zakażenie. Należy kontynuować szczegółowe badania epidemiologiczne dotyczące ferm w Europie, na których doszło do zakażenia, jak również szczegółową ocenę wszystkich możliwych dróg przenoszenia wirusów HPAI z Azji Południowo-Wschodniej na teren Unii Europejskiej, w celu określenia ryzyka wprowadzenia HPAI na teren Europy oraz do europejskich gospodarstw drobiarskich.

Na obszarach wysokiego ryzyka zalecane jest prowadzenie oceny stosowanych procedur bezpieczeństwa biologicznego na poziomie ferm i obszarów, ze szczególnym uwzględnieniem procesów segregacji, czyszczenia oraz dezynfekcji, oraz, jeśli jest to konieczne, poprawa tychże procedur. Prawdopodobieństwo wprowadzenia i rozprzestrzeniania się HPAI H5N8 poprzez skażonych ludzi, pojazdy, sprzęt, inne przedmioty, żywe zwierzęta i/lub produkty pochodzenia zwierzęcego zależy od kilku czynników, takich jak częstość występowania zakażeń wirusem, stabilność wirusa w warunkach panujących w danym czasie oraz właściwości danego przedmiotu (np. zawartość wody w materiale). Aby lepiej zrozumieć ryzyko przeniesienia wirusa na drób, mające istotne znaczenie w procesie opracowywania strategii zarządzania ryzykiem, konieczna jest wiedza na temat częstości występowania i patogenezы zakażeń HPAI H5N8 w populacjach dzikich ptaków. W związku z niską zjadliwością wirusa HPAI H5N8 obserwowaną w przypadku kilku gatunków dzikich ptaków, zalecane jest odpowiednio ukierunkowane, strategiczne i proporcjonalne wzmocnienie czynnego (ukierunkowanego) i pasywnego (skanowanie) nadzoru w zakresie zarówno żywych jak i martwych dzikich ptaków na obszarach wysokiego ryzyka.

## SPIS TREŚCI

ABSTRAKT.....	1
STRESZCZENIE.....	2
SPIS TREŚCI.....	4
OGÓLNE INFORMACJE PRZEDSTAWIONE PRZEZ KOMISJĘ EUROPEJSKĄ.....	5
ZAKRES ZADAŃ I OBOWIĄZKÓW PRZEWIDZIANYCH PRZEZ KOMISJĘ EUROPEJSKĄ.....	5
OCENA.....	6
1. Wprowadzenie.....	6
2. Opis zgłoszonych ognisk HPAI H5N8.....	6
3. Charakterystyka obecnie krążących wirusów HPAI H5N8 .....	13
4. Ocena możliwych dróg wprowadzenia wirusa H5N8 do Europy .....	16
4.1.    Możliwe rozprzestrzenianie się wirusa HPAI H5N8 przenoszonego na długich dystansach do Europy za pośrednictwem migrujących ptaków .....	16
4.2.    Możliwe lokalne przeniesienie HPAI H5N8 przez dzikie ptactwo na drób hodowany w europejskich gospodarstwach .....	20
4.3    Możliwe wprowadzenie przez osoby, pojazdy, sprzęt i inne przedmioty .....	25
4.4    Możliwe wprowadzenie podczas przemieszczania żywych zwierząt lub produktów pochodzenia zwierzęcego .....	26
<b>WNIOSKI I ZALECENIA.....</b>	<b>27</b>
PIŚMIENNICTWO.....	28
ZAŁĄCZNIK .....	32
GLOSSARIUSZ I SKRÓTY .....	35

## **OGÓLNE INFORMACJE PRZEDSTAWIONE PRZEZ KOMISJĘ EUROPEJSKĄ**

Przypadki występowania wirusów wysoce zjadliwej grypy ptaków (HPAI) H5N8 są odnotowywane w Azji od 2010 r., a ostatnio, tj. w styczniu 2014 r. także w Republice Korei. Zgłaszane przypadki dotyczą zakażeń zarówno wśród drobiu jak i dzikiego ptactwa. W Japonii zakażenie u drobiu zostało stwierdzone w kwietniu 2014 r., natomiast w Chinach – w październiku tego samego roku. W dwóch wyżej wymienionych państwach zakażenia HPAI H5N8 stwierdzano u różnych gatunków dzikich ptaków; ostatnio wirus został wykryty w połowie października w Japonii u łabędzie czarnodziobego.

W dniu 6 listopada 2014 r. potwierdzono ognisko HPAI H5N8 w jednym z pięciu kurników na fermie indyków w północno-wschodniej części Niemiec. Określono, że wirus ten był podobny do wirusa zidentyfikowanego uprzednio w Korei Południowej. Drugie ognisko zgłoszone 15 listopada w Holandii. Zgłoszenie dotyczyło fermy kurek niosek trzymany w zamkniętych pomieszczeniach, zlokalizowanej na północny-wschód od Rotterdamu. Potwierdzono, że był to wirus HPAI H5N8. Dzień później zgłoszone zostało ognisko wirusa HPAI podtypu H5 na fermie kaczek trzymany w zamkniętych pomieszczeniach w hrabstwie East Riding of Yorkshire, Wielka Brytania. Także w tym przypadku potwierdzono, że był to wirus HPAI H5N8.

Państwa członkowskie, w których potwierdzono zakażenie, zastosowały bezzwłocznie środki przewidziane w dyrektywie Rady 2005/94/WE w celu kontroli rozprzestrzeniania się wirusa, a Komisja Europejska przyjęła szybko w odniesieniu do tych ognisk HPAI H5N8 pewne działania ochronne. Ponadto wdrożono natychmiast działania mające na celu wyznaczenie odpowiednich stref w precyzyjnie określonym obszarze, na którym stwierdzono wystąpienie choroby (strefy, w którym wystąpiło zakażenie). Podjęte działania gwarantują powstrzymanie dalszego rozprzestrzeniania się wirusa do innych części Unii Europejskiej oraz na terytoria partnerów handlowych.

Trzy wyżej wspomniane ogniska H5N8 w Europie zostały zgłoszone w krótkim okresie. Wystąpiły one w znacznie oddalonych od siebie miejscach i dotyczyły trzech różnych gatunków drobiu i systemów produkcyjnych. Nadal prowadzone są badania epidemiologiczne ognisk w państwa członkowskich, w których wystąpiły, a ich głównym celem jest wykrycie możliwego źródła wirusa. Fakt, że ostatnie ogniska potwierdzone w Niemczech i w Holandii wystąpiły w pobliżu wilgotnych obszarów o wysokim zagęszczeniu dzikiego ptactwa, przy jednoczesnym braku dowodów świadczących o jakimkolwiek innym powiązaniu epidemiologicznym między tymi przypadkami wskazuje, że źródłem wirusa mogły być dzikie ptaki wędrowne. Wydaje się, że pewne gatunki dzikich kaczek i łabędzi mogły być nosicielami choroby pomimo braku jej widocznych objawów. Państwa członkowskie UE przeprowadzają obecnie ocenę znajdujących się w ich posiadaniu danych dotyczących nadzoru nad dzikim ptactwem i wzmacniają monitoring w tym zakresie.

Laboratorium Referencyjne UE ds. grypy ptaków (EURL) prowadzi zestawienie danych dotyczących działań w zakresie nadzoru nad dzikim ptactwem i drobiem, przekazywanych Komisji przez państwa członkowskie, innych danych dostarczanych w ramach raportów epidemiologicznych przekazywanych przez państwa członkowskie, w których wystąpiło zakażenie oraz danych laboratoryjnych uzyskiwanych w ramach prowadzonych badań. Europejski Urząd ds. Bezpieczeństwa Żywności mógłby wspomóc EURL w pewnych działaniach prowadzonych przez laboratorium poprzez udzielenie wsparcia naukowego w zakresie identyfikacji danych epidemiologicznych koniecznych w celu lepszego zrozumienia sytuacji epidemiologicznej, jak również poprzez ułatwienie interakcji między EURL i państwami członkowskimi za pośrednictwem sieci ds. zdrowia i dobrostanu zwierząt. Wykorzystanie Ram Gromadzenia Danych opracowanych przez EFSA jako portalu wymiany danych będzie cennym narzędziem służącym gromadzeniu dodatkowych informacji przekazywanych przez państwa członkowskie w znormalizowany sposób.

## **ZAKRES ZADAŃ I OBOWIĄZKÓW PRZEWIDZIANYCH PRZEZ KOMISJĘ EUROPEJSKĄ**

1. Analiza epidemiologiczna obecnej sytuacji w zakresie wysoce zjadliwej grypy ptaków podtypu H5N8 w Europie, w celu przeprowadzenia oceny możliwych dróg wprowadzenia wirusa oraz, w szczególności, roli pełnionej w tym zakresie przez dzikie ptactwo.

## 2. Przegląd sytuacji epidemiologicznej w zakresie HPAI podtypu H5N8 na świecie.

### OCENA

#### 1. Wprowadzenie

Od stycznia 2014 r. HPAI H5N8 spowodował wystąpienie ognisk choroby u drobiu w Republice Korei, Japonii oraz w Chinach (zob. rozdział 2). Wirus ten stanowi szczególne zagrożenie w zakresie produkcji drobiu; do chwili obecnej nie odnotowano doniesień dotyczących zakażeń u ludzi. Uważa się, że ryzyko przeniesienia wirusa ze zwierząt na ludzi w krajach UE/EOG jest niezwykle niskie (ECDC, 2014).

Choć HPAI H5N8 został wykryty także u wolno żyjących dzikich ptaków w Republice Korei (Jeong i in., 2014), ich rola w epidemiologii tego wirusa nie jest jasna. W listopadzie 2014 r. otrzymano kolejne zgłoszenia dotyczące wykrycia wirusa HPAI H5N8 zarówno u drobiu jak i dzikiego ptactwa, pochodzące już nie tylko z Japonii, ale także z Niemiec, Holandii i Wielkiej Brytanii. Niniejszy raport naukowy zawiera przegląd potwierdzonych przypadków wykrycia HPAI H5N8 u drobiu i dzikiego ptactwa, opis cech genetycznych obecnie krążących wirusów HPAI H5N8 oraz opis możliwych dróg wprowadzenia HPAI H5N8 do Europy. Analiza uwzględniała sytuację epidemiologiczną i informacje zgromadzone do dnia 5 grudnia 2014 r.

#### 2. Opis zgłoszonych ognisk HPAI H5N8

**Republika Korei:** W połowie stycznia 2014 r. zgłoszone zostało ognisko H5N8, które spowodowało wystąpienie choroby w hodowlach kaczek i kur (Lee i in., 2014) (Rys. 1 i Rys. 2). Ogniska wykryte u zwierząt hodowlanych były także kojarzone z martwą bajkałówką (*Anas ferina*) i martwymi gęsiami zbożowymi (*Anser fabalis*) znalezionymi w pobliżu miejsc, w których zgłoszono pierwsze przypadki zakażenia u drobiu w prowincji Jeonbuk (Jeong i in., 2014). Autorzy donosili, że jezioro Donglim jest uważane za jedno z najważniejszych miejsc dla wędrownej bajkałówki, która zimuje w Republice Korei, Japonii i Chinach (Kear, 2005). Wykrycie drobiu i dzikich ptaków zakażonych wirusami HPAI H5N8 wykazującymi się wysokim poziomem zbieżności sekwencji nukleotydów w bardzo niewielkiej odległości od siebie, i w tym samym czasie, sugerowało, że wirusy te mają wspólnego przodka (Jeong i in., 2014; Kim i in., 2014; Lee i in., 2014).

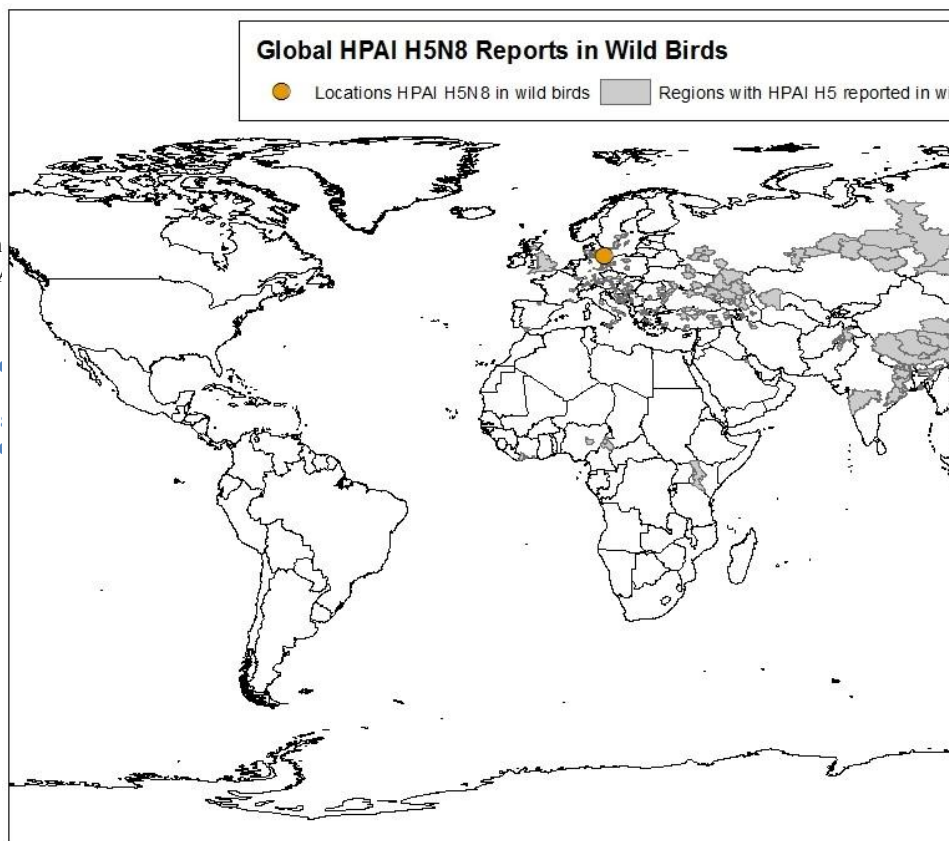
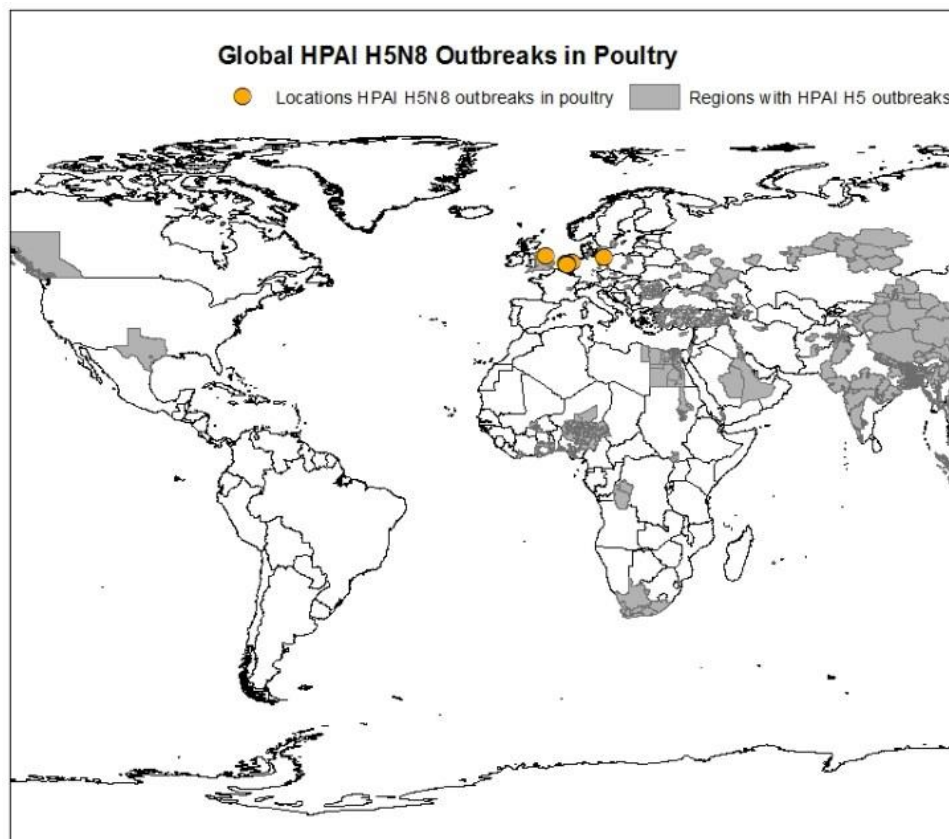
W ostatnim tygodniu stycznia 2014 r. ognisko rozprzestrzeniło się na obszarach siedlisk wędrownych ptaków w zachodniej Korei w kierunku północnym i południowym – zdarzenie to zostało nazwane fazą II występowania ognisk w Korei – a wirusy HPAI H5N8 zostały wykryte w zwłokach bajkałówki, kaczki krzyżówki (*Anas platyrhynchos*), gęsi zbożowej i chruściela (przypuszczalnie łyski zwyczajnej (*Fulica atra*)) (Rys. 1 i Rys. 2). Potwierdzono wystąpienie zakażenia HPAI H5N8 na fermach kurzych i gospodarstwach drobiarskich w sześciu prowincjach. W każdej z tych prowincji miejsca, w których wykryto zakażenie u dzikich ptaków znajdowały się w niewielkiej odległości od gospodarstw drobiarskich (Jeong i in., 2014).

Ognisko rozprzestrzeniało się dalej. W lutym 2014 r. Ku i współpracownicy (2014) wyizolowali H5N8 u ptactwa wodnego w rzece Pungse w prowincji Chungnam. Do 8 maja 2014 r. HPAI H5N8 wykryto na kolejnych 161 gospodarstwach drobiarskich i u 20 dzikich ptaków (faza III) (Rys. 3) (Jeong i in., 2014).

Kolejne przypadki zakażeń u kaczek i gęsi domowych odnotowano w czerwcu, lipcu i sierpniu 2014 r. (Rys. 3).

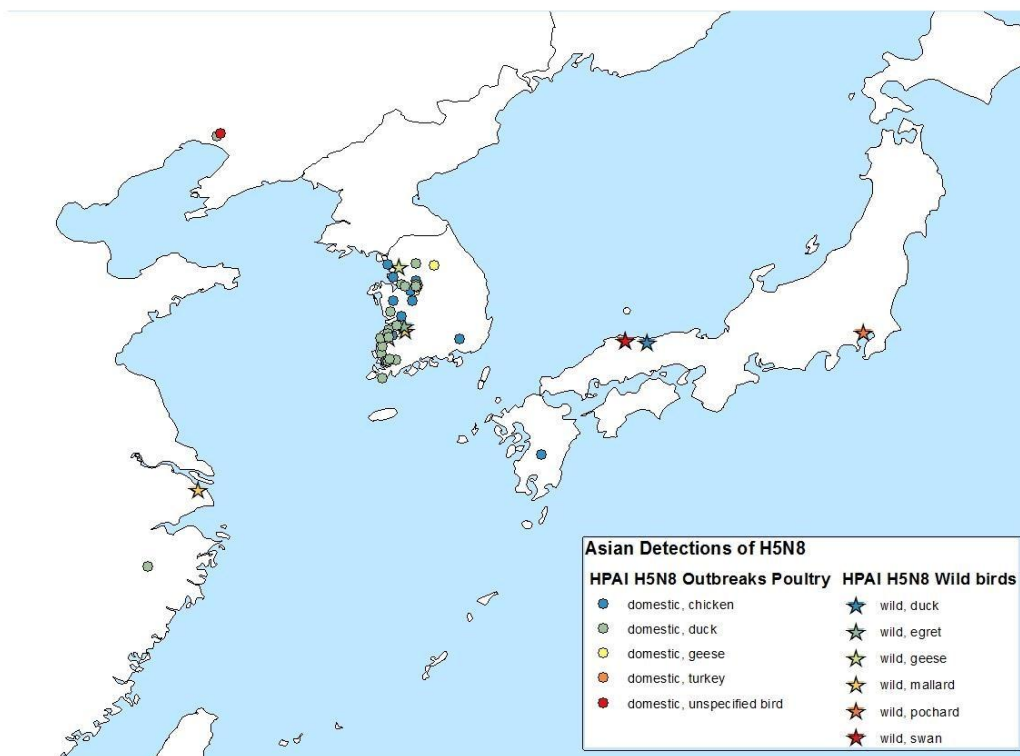
**Japonia:** W marcu 2014 r. odnotowano ognisko na fermie kurzej (Rys. 1 i Rys. 2). Od tego czasu nie odnotowywano kolejnych zgłoszeń, aż do wykrycia HPAI H5N8 u łabędzia czarnodziobego (*Cygnus columbianus*) w dniu 3 listopada, u głowienki (*Aythya ferina*) w dniu 13 listopada i u niezidentyfikowanej dzikiej kaczki w dniu 18 listopada 2014 r. Na terenie Japonii i Korei łączą się szlaki wędrówek dzikich ptaków, co wynika z faktu, że obydwa kraje leżą na głównym szlaku przelotu ptaków z Azji Wschodniej do Australazji, łączącym obszary lęgowe ptactwa wodnego w arktycznej Rosji z obszarami nielegowymi w Australazji (McCure, 1998; Miyabayashi, Y. i Mundkur, T. 1999;

Straw i in.) 2006).



Zgłoszenia zakażenia HPAI H5N8 u dzikich  
 Miejsca, w których wystąpiło zakażenie HP/

**Rys. 1:** Geograficzne rozmieszczenie regionów drobiu jak i u ptaków dzikich (zaznaczone HPAI H5N8 (zaznaczone kolorem pomarańczowym) przypadków grypy ptaków, obejmujące okro



Przypadki wykrycia H5N8 w Azji  
Ogniska HPAI H5N8 u drobiu

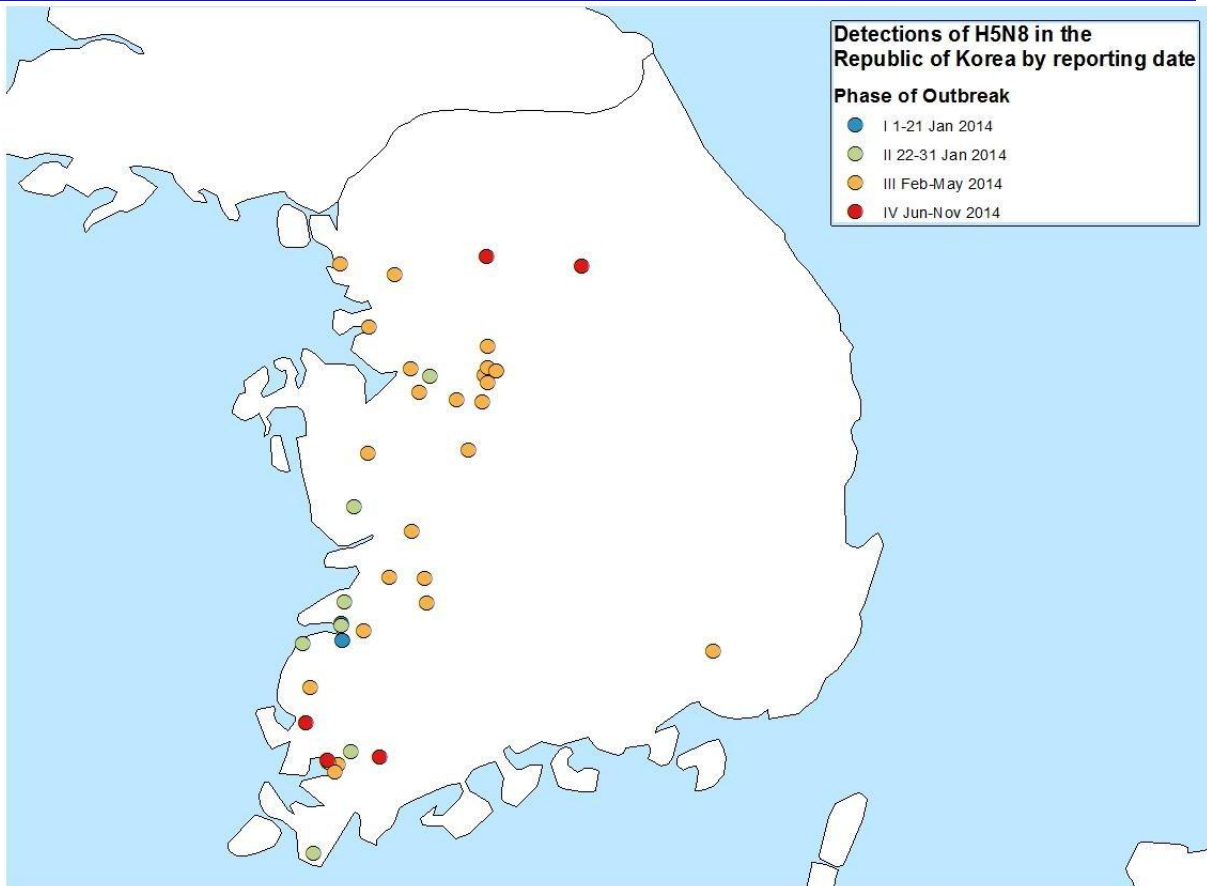
kura domowa  
 kaczka domowa  
 gęś domowa  
 indyk domowy  
 ptak domowy nieokreślonego gatunku

Ogniska HPAI H5N8 u dzikiego ptactwa

kaczka dzika  
 czapla  
 gęś dzika  
 kaczka krzyżówka  
 głowienka  
 łabędź

**Rys 2: Miejsca i gatunki, u których potwierdzono zakażenie HPAI H5N8 w Republice Korei, Japonii i Chinach (dane Empress pobrane w dniu 28 listopada 2014 r. dla przypadków grypy ptaków w latach 2003-2014)**





Przypadki wykrycia H5N8 w Republice Korei według daty zgłoszenia

Faza występowania ognisk

- I 1-21 stycznia 2014 r.
- II 22-31 stycznia 2014 r.
- III luty-marzec 2014 r.
- IV czerwiec-listopad 2014 r.

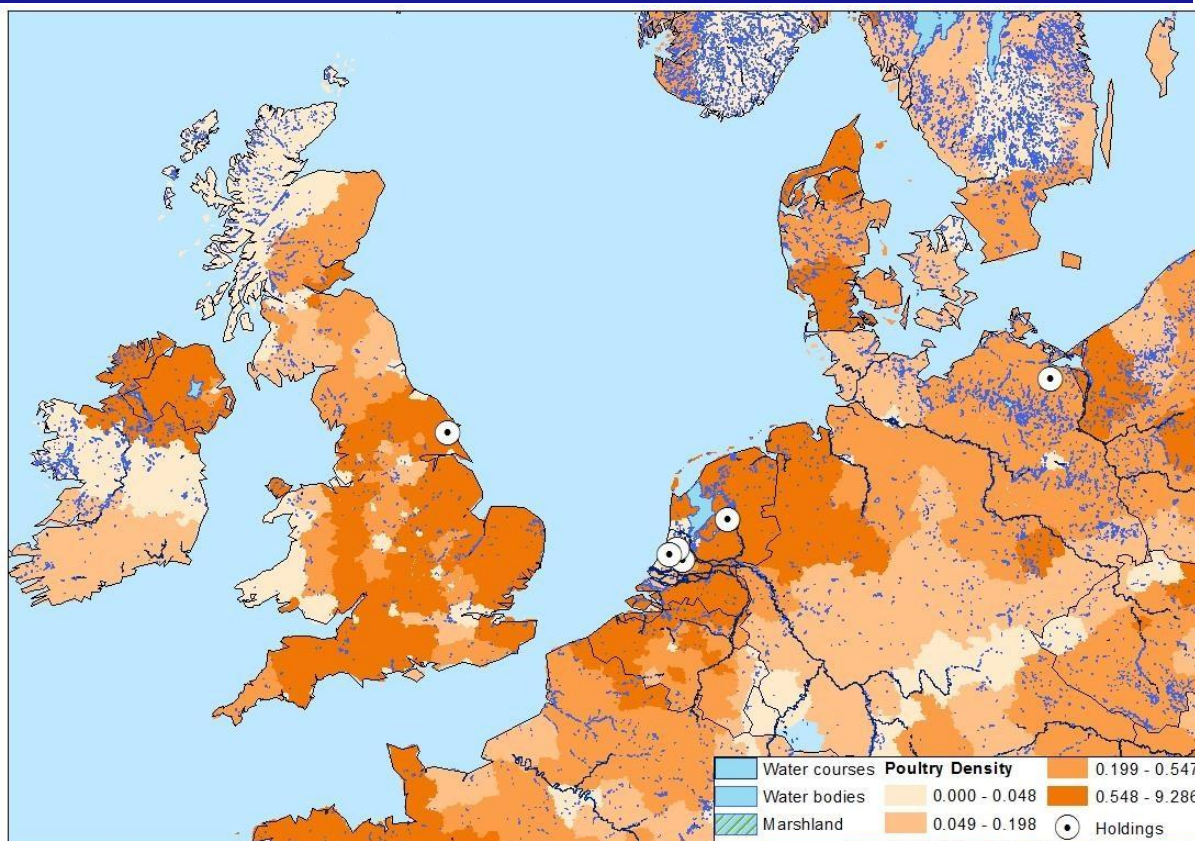
**Rys. 3: Przypadki wykrycia HPAI H5N8 w Republice Korei według faz występowania ognisk**

**Chiny:** Szczepy progenitorowe obecnie krążącego wirusa HPAI H5N8 zostały wykryte u dzikich ptaków na terytorium Chin już w 2010 r. (zob. rozdział 3). W maju 2014 r. wirus HPAI H5N8 został wykryty u kaczek domowych w Zhejiang Sheng, a we wrześniu 2014 r. HPAI H5N8 został wykryty u drobiu w Liaoning Sheng – zgodnie z doniesieniami na podmokłych terenach wzdłuż rzeki Liao (Rys. 1). Kim i współpracownicy (2014) nie byli zdziwieni faktem, że HPAI H5N7 krąży w Chinach, Republice Korei i Japonii, ponieważ nad terytoriami tych państw łączą się szlaki wędrówek dzikiego ptactwa. W związku z brakiem szczegółowej analizy można sądzić, że stwierdzenie jest oparte na podobnych obserwacjach dotyczących ognisk HPAI H5N8 wykrytych w tym regionie (Sonnberg i in., 2013). Należy odnotować, że ognisko wykryte w maju znajduje się na południe od Korei i Japonii, podczas gdy migracja ptaków w okresie wiosennym odbywa się z południa na północ. Być może należy rozważyć także udział wektorów innych niż dzikie ptaki.

**Europa:** Na dzień 5 grudnia 2014 r. potwierdzono zakażenie HPAI H5N8 w siedmiu gospodarstwach drobiarskich w Europie (Tabela 1, Rys. 1 i Rys. 4). Pierwszy przypadek został odnotowany na fermie indyków 4 listopada 2014 r. w kraju związkowym Maklemburgia – Pomorze Przednie (Mecklenburg-Vorpommern) w Niemczech. Wystąpienie kolejnych zakażeń HPAI H5N8 zostało potwierdzone w jednym obiekcie, w którym hodowano kaczki w hrabstwie East Riding of Yorkshire w Wielkiej Brytanii oraz na czterech fermach kurzych i jednej fermie kaczek w Holandii, w prowincjach Utrecht, Zuid-Holland i Overijssel. Na wszystkich siedmiu fermach drób był trzymany w zamkniętych pomieszczeniach.

**Tabela 1: Charakterystyka gospodarstw w Europie, w których wystąpiło zakażenie**

<i>Kraj</i>	<i>Region, miasto</i>	<i>Gatunek</i>	<i>Wielkość stada</i>	<i>Miesiąc zgłoszenia</i>	<i>Dzień zgłoszenia</i>	<i>Potwierdzony podtyp wirusa</i>	<i>Hodowla zamknięta</i>
DE	MecklenburgVorpommern	Indyk (rzeźny)	30939	11	4	H5N8	Tak
NL	Utrecht, Hekendorp	Kura (brojlery, nioski)	150000	11	14	H5N8	Tak
NL	Zuid-Holland, Ten Aar	Kura (nioski)	43000	11	19	H5N8	Tak
NL	Overijssel, Kamperveen	Kura (hodowla)	10000	11	21	H5N8	Tak
NL	Overijssel, Kamperveen	Kaczka	15000	11	22	H5N8	Tak
GB	East Riding of Yorkshire, Nafferton	Kaczka (hodowla)	6178	11	1	H5N8	Tak
NL	Zuid-Holland, Zoeterwoude	Kura (nioski)	28000	11	29	H5N8	Tak



Zagęszczenie drobiu

Cieki wodne  
Akweny wodne  
Mokradła

Gospodarstwa

Rys. 4: Lokalizacja gospodarstw, w których potwierdzono laboratoryjnie wystąpienie HPAI H5N8 (Corine 2000/2006 cieki wodne, akweny wodne i mokradła (Europejska Agencja Środowiska), Zagęszczenie drobiu 1000 sztuk drobiu/km<sup>2</sup> zgodnie z NUTS3/NUTS2 (badanie struktury gospodarstw przeprowadzone przez Eurostat, 2010 r.)

W badaniu gospodarstw drobiarskich przeprowadzonym przez Eurostat w 2010 r. określono liczbę gospodarstw drobiarskich oraz liczbę sztuk drobiu na poziomie NUTS3/2. Zagęszczenie drobiu w Europie wynosi od zera do 9286 sztuk drobiu na km<sup>2</sup> (wartość mediany wynosi 196 sztuk drobiu na km<sup>2</sup>). Regiony w Holandii i w Wielkiej Brytanii, gdzie wystąpiło zakażenie mieszczą się w górnym kwartyle wartości zagęszczenia drobiu w Europie. Holenderskie farmy, na których wykryto wirus nie były zlokalizowane w regionach o najwyższym zagęszczeniu drobiu w kraju.

Tabela 2: Liczba gospodarstw drobiarskich i liczba sztuk drobiu w regionach, w których wystąpiło zakażenie (badanie struktury gospodarstw przeprowadzone przez Eurostat w 2010 r.)

<i>Kraj</i>	<i>Region</i>	<i>Drób (1000 sztuk)</i>	<i>Liczba gospodarstw drobiarskich</i>	<i>Liczba sztuk drobiu/km<sup>2</sup></i>	<i>Liczba gospodarstw/km<sup>2</sup></i>
DE	Mecklenburg-Vorpommern	9160	740	397	0.032
NL	Utrecht	2350	120	1615	0.082
NL	Noord-Overijssel	4170	110	2790	0.074
NL	Oost-Zuid-Holland	280	20	590	0.042
UK	East Riding of Yorkshire	2740	260	1144	0.109

Doniesienia o ogniskach zawierały informacje na temat następujących cech tych ognisk, jak również następujące obserwacje:<sup>4</sup>

DE:

- Podejrzenie zostało oparte na objawach klinicznych i znaczącym wzroście śmiertelności
- Indyki przeznaczone na tucz trzymane na fermie w sześciu pomieszczeniach od 21.07 – 29.09.2014 r. (zakup jednodniowych indyków z wylęgarni w Niemczech)
- Objawy patologiczne obserwowane u indyków: stada, u których wystąpiła martwica trzustki związana z wysiękami włóknikowymi, martwica migdałów w okolicy krętniczo-kątniczej; w okolicach osierdzia i w okolicach ponadnasilniczych obecne były niewielkie wybroczyny krwotoczne; mocno wypełnione naczynia krezkowe wypełniały trzewia jamy brzusznej.
- W pobliżu gospodarstwa obserwowano duże stada dzikich ptaków
- Ferma indyków w Niemczech w kraju związkowym Meklemburgia – Pomorze Przednie (Mecklenburg-Vorpommern), w którym zgłoszono wystąpienie HPAI H5N8 wiosną 2006 r. u dzikich łabędzi, gęsi, kaczek i innych gatunków ptaków (Rys. 1)
- W kraju związkowym Meklemburgia – Pomorze Przednie zagęszczenie drobiu wynosi 397 sztuk/km<sup>2</sup> (Tabela 4 i Tabela 2)

NL:

- Śmiertelność w kurniku, w którym wystąpił wirus na poziomie 7% (dotyczy pierwszego ogniska, które odnotowano w Utrecht)
- Dodatkowo wyniki potwierdzone w przypadku 1/6 kurników w gospodarstwach, w których wystąpił wirus (dotyczy pierwszego ogniska, które odnotowano w Utrecht)
- W regionach, w których wystąpiło zakażenie w prowincjach Zuid-Holland, Overijssel i Utrecht, zagęszczenie drobiu wynosi odpowiednio 590, 2790 i 120 sztuk na km<sup>2</sup> (Rys. 4, Tabela 2)
- W gospodarstwach, w których wystąpiło zakażenie zaobserwowano wzrost śmiertelności, przy jednoczesnym braku spadku spożycia wody i paszy
- Co ciekawe, wszyscy hodowcy drobiu zgłaszali, że najbardziej uderzającym objawem klinicznym była śmiertelność. Żaden z nich nie zaobserwował mniejszego spożycia paszy i wody oraz/lub niższej produkcji jaj w dniu(-iach) poprzedzających wzrost śmiertelności.
- Należy zauważyć, że gospodarstwa, w których wystąpiło zakażenie są zlokalizowane na obszarach, na których znajduje się więcej terenów podmokłych i na których zagęszczenie wędrownego ptactwa wodnego jest większe niż ma to miejsce na dwóch obszarach w Holandii o największym zagęszczeniu drobiu w kraju – Gelderse Vallei i Noord-Brabant/Limburg.
- Ferma kaczek: W dniach poprzedzających ubój sanitarny śmiertelności była na poziomie 0,03, 0,06, 0,17, 0,07, 0,28%; jedynymi objawami była apatyczność i wzrost śmiertelności.

UK:

- Objawy kliniczne ograniczały się do zmniejszonej produkcji jaj i niewielkiego wzrostu śmiertelności kaczek na fermie hodowlanej
- Objawy patologiczne: nieklasyczny obraz HPAI, choroby współistniejące zaburzyły obraz kliniczny; ostre zapalenie worków powietrznych, wybroczyny krwotoczne w jajach i pęcherzykach, zapalenie otrzewnej, zapalenie jamy brzusznej i narządów wewnętrznych, powiększenie śledziony, martwica trzustki

---

<sup>4</sup> W oparciu o prezentacje przedstawione podczas spotkania Komitetu ds. Roślin, Zwierząt, Żywności i Pasz (PAFF) (20 listopada 2014 r.; [http://ec.europa.eu/food/committees/regulatory/scfcah/animal\\_health/presentations\\_en.htm#20141120](http://ec.europa.eu/food/committees/regulatory/scfcah/animal_health/presentations_en.htm#20141120) ostatnia data dostępu 24 listopada 2014 r.) oraz informacje przesłane EFSA przez przedstawicieli państw członkowskich.

- Na fermie znajduje się 6 kurników – 3 pozostawały puste po usunięciu z nich drobiu w dniach 5/6 listopada 2014 r. Zwłoki zwierząt zabrane z tych trzech kurników zostały poddane badaniom.
- Terenowa ocena ornitologiczna przeprowadzone w gospodarstwie i na przyległych terenach wykazała, że miejsce to nie było atrakcyjne dla dzikiego ptactwa, i nie było licznie odwiedzane przez ptaki wodne (lub nosiciele pośrednich, zarówno na przedmiotowym terenie jak i na terenach przyległych).
- Kurniki zostały zaopatrzone w siatkę chroniącą przed wtargnięciem dzikiego ptactwa, a na miejscu nie znaleziono dowodów sugerujących, by mogło ono być często odwiedzane przez dzikie ptactwo (np. źródła pożywienia przyciągające mewy śmieszki *Larus*).
- W hrabstwie East Riding of Yorkshire zagęszczenie drobiu wynosi 1144 sztuk/km<sup>2</sup> (Rys. 4, Tabela 2).

### 3. Charakterystyka obecnie krążących wirusów HPAI H5N8

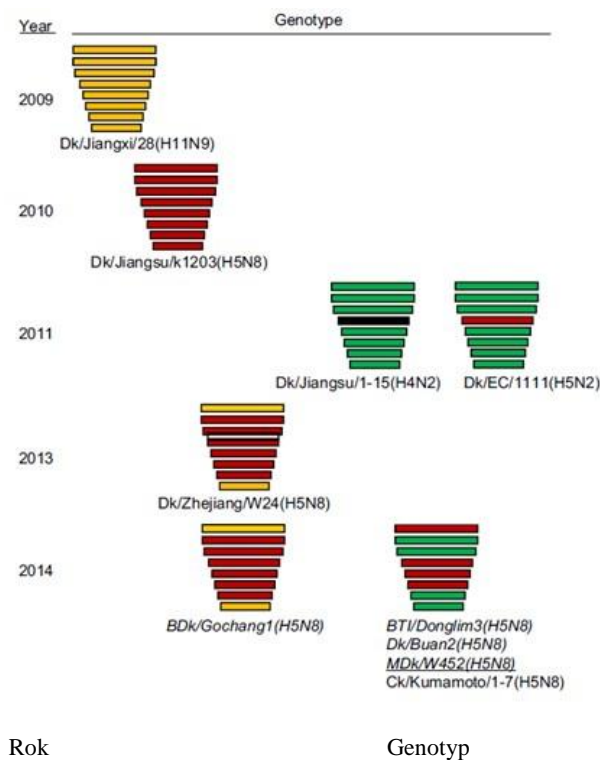
W Azji doniesienia o wykryciu wirusów HPAI H5N8 pojawiają się od 2010 r. (Dk/Jiangsu/k1203), jednak żaden z wcześniejszych szczepów nie przypominał elementów genetycznych patogenu wirusa wykrytego w 2014 r. Nie wywoływały one także lokalnych ognisk (Wu i in., 2014) (Rys. 5). Nowy wirus będący wynikiem reasortacji genowej pomiędzy szczepami HPAI H5N8 i A(H11N9) został wyizolowany w Chinach w grudniu 2013 r. (Dk/Zhejiang/W24). Szczepy te są bardzo podobne pod względem genotypowym do wirusa H5N8 krążącego w Republice Korei od początku 2014 r. (BDk/Gochang1). W przypadku tych ognisk wykryto oddzielną, odmienną pod względem genotypowym grupę wirusów HPAI H5N8, będących wynikiem reasortacji genowej, zawierających sekwencję A(H4N2) (np. BTI/Donglim3) (Kim i in., 2014; Lee i in., 2014; Wu i in., 2014) (Rys. 5). Nie jest jasne, która linia wirusów HPAI H5N8 (szczep wykryty w 2010 r. w prowincji Jiangsu czy też szczep wykryty w 2013 r. w prowincji Zhejiang) brała udział w tej reasortacji. Ta grupa wirusów HPAI H5N8 wydaje się być grupą dominującą w przypadku ogniska wykrytego w 2014 r. w południowo-wschodniej Azji i Europie. Brak wskazań świadczących o obecności segmentów typu H9N2, które zostały wykryte w wirusach H7N9 atakujących ludzi i H10N8 atakujących ptaki w Chinach (Kim i in., 2014).

Obecnie krążące wirusy HPAI H5N8 należą, razem z wirusami podtypów A(H5N5) i A(H5N6), do kładu 2.3.4.6 genu HA (Lee i in., 2014; Jeong i in., 2014). Wykazują one ponad 99,5% zbieżność nukleotydów genu HA z wirusami krążącymi w Korei i mniej niż 99,2% zbieżność w porównaniu do wirusów krążących w Chinach i Japonii. Obecnie krążące wirusy HPAI H5N8 nadal posiadają fenotyp specyficzny dla wirusa atakującego ptaki i nie wykazują pewnych zasadniczych zmian zwiększających powinowatość do replikacji u ludzi. Ponadto przewiduje się ich wrażliwość na leki przeciwwirusowe (Ian Brow, EURL, w prywatnej rozmowie z 5 stycznia 2014 r.).

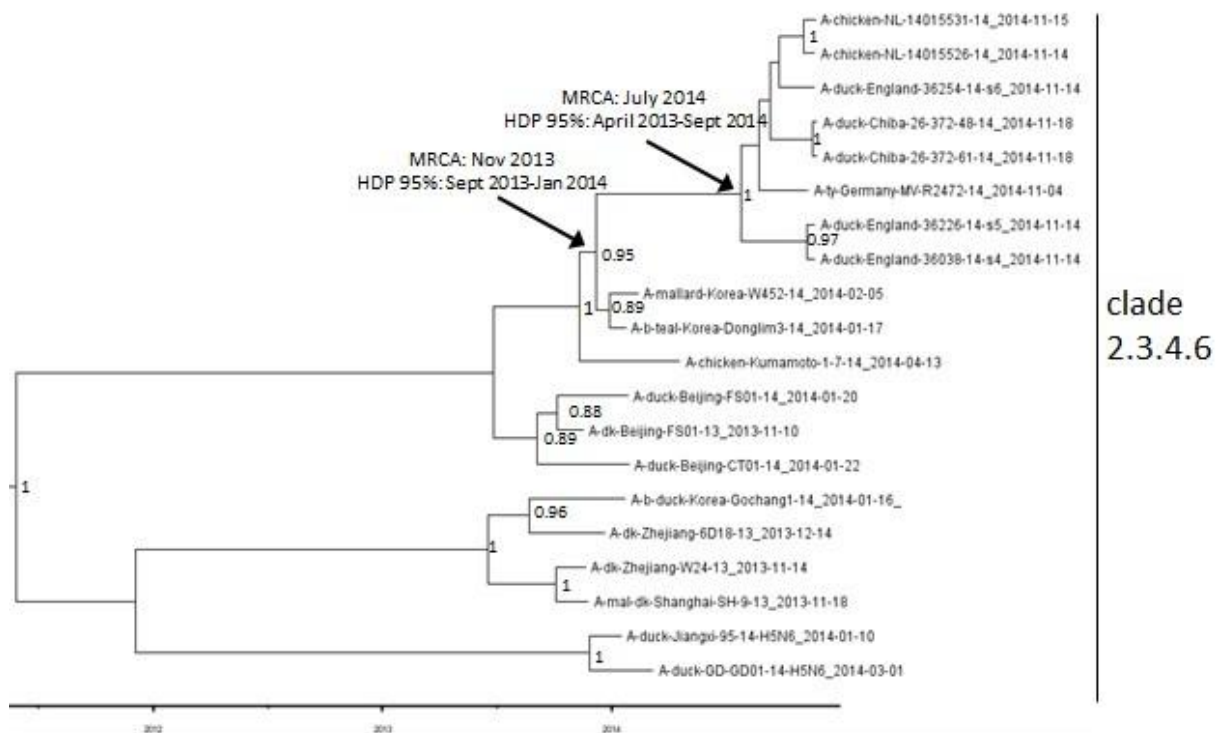
Wstępna analiza fitogeniczna największego prawdopodobieństwo (ML) genu HA pokazała, że wirusy HPAI H5N8 krążące na terytorium trzech państw członkowskich, w których wystąpiło zakażenie charakteryzują się 99,7% lub wyższą zbieżnością nukleotydów, a ich motyw RNSPLR**ERRRKR**\*GLF w miejscu cięcia genu HA pozostaje niezmienny. Porównania sekwencji między wirusem wykrytym w Wielkiej Brytanii i wirusem wykrytym w Niemczech w oparciu o 1608 nukleotydów genu HA pokazały 99,8% zbieżność. Dalsza analiza filogeniczna była prowadzona z zastosowaniem symulacji prowadzonej metodą Monte Carlo z wykorzystaniem łańcucha Markowa w pakiecie BEAST v.1.7 dla wirusów wykrytych w Wielkiej Brytanii, w pierwszym przypadku odnotowanym w Holandii i w Niemczech oraz innych powszechnych wirusów. Drzewo największej wiarygodności kłada (Rys. 6) wykazywało topologię zbliżoną do topologii obserwowanej w przypadku drzewa ML. Czas, który upłynął do wyizolowania ostatniego przodka dla klastra europejskiego i japońskiego to 5 miesięcy (czerwiec 2014), 95% najwyższe zagęszczenie a posteriori (HPD) w zakresie od 2,7 do 7,7 miesiąca. Klaster europejsko-japoński wykazuje taką samą homologię genu HA jak wirusy wykryte w Korei na początku 2014 r. Przodek wirusów europejskich, japońskich i koreańskich wystąpił 13 miesięcy wcześniej (październik 2013 r.), 95% HDP w zakresie od 11 do 15,5 miesiąca. Wysokie podobieństwo sekwencji wyklucza możliwość wiarygodnego oszacowanie czasu zróżnicowania się wirusa europejskiego i japońskiego (Ian Brow, EURL, w prywatnej rozmowie z dnia 5 grudnia 2014 r.).

Analizy filogenetyczne wszystkich dostępnych europejskich i japońskich izolatów HPAI H5N8 przeprowadzone metodą Monte Carlo z wykorzystaniem łańcucha Markowa sugerują, że cztery spośród pięciu ognisk wirusa HPAI H5N8 odnotowanych w Holandii były wynikiem odrębnego wprowadzenia wirusa, a nie jego rozprzestrzeniania się między gospodarstwami. Ponadto analiza ta sugeruje, że przeniesienie wirusa między gospodarstwami miało miejsce pomiędzy trzecim i czwartym ogniskiem (obydwa wystąpiły w Kamperveen), choć nie można całkowicie wykluczyć, że obydwie ogniska były spowodowane dwoma odrębnymi wprowadzeniami z tego samego źródła. Pierwsze cztery holenderskie izolaty miały maksymalnie 20 podstawień nukleotydów w całym genomie, które powinny zostać wygenerowane podczas krążenia wirusa wśród drobiu w okresie 9 dni, o ile przyjmuje się, że rozprzestrzenianie się pomiędzy gospodarstwami trwało nadal po wystąpieniu przypadku indeksowego (Ruth Bouwstra, CVI Lelystad, w prywatnej rozmowie z 5 grudnia 2014 r.).

W trakcie wystąpienia ogniska HPAI H7N7 w Holandii stwierdzono wygenerowanie się 25 substytucji w 256 ogniskach w okresie 9 tygodni, a we Włoszech 66 substytucji w okresie 9 miesięcy (Jonges i in., 2014). Należy zauważyć, że wirusy H5N8 izolowały się z nieokreślonego gatunku *Anatidae* wykrytego w Chiba (Japonia) w listopadzie 2014 r., pochodzącego najprawdopodobniej od tego samego prekursora, co wirusy wyizolowane w Europie. Wyniki te mogą być zgodne z hipotezą mówiącą o tym, że wirus-prekursor występował na Syberii na obszarach lęgowych, na których ptaki wędrujące szlakiem przelotu wschodnioatlantyckich mogły mieszać się w trakcie sezonu lęgowego w 2014 r. z ptakami wędrującymi szlakiem przelotu z Azji Wschodniej do Australazji. Fakt, że wirusy europejskie wyodrębniły się z tego samego przodka, co dwa wirusy wykryte w Japonii sugeruje, że istniały małe szanse na skumulowanie się mutacji podczas przelotów ptactwa między Azją i Europą. Jeśli proces ten przebiegał z udziałem wielu gatunków ptaków, można się spodziewać wystąpienia większej liczby różnic między wirusami europejskimi i japońskimi w odniesieniu do nukleotydów w ich genomach (Ruth Bouwstra, CVI Lelystad, w prywatnej rozmowie z 3 grudnia 2014 r.; Ian Brow, EURL, w prywatnej rozmowie z 5 grudnia 2014 r.).



Rys. 5: Przepuszczalny proces generowania się nowych wirusów HPAI H5N8, które spowodowały wystąpienie ognisk wśród ptactwa hodowlanego w Azji i Europie w 2014 r. (Kim i in., 2014)



MRCA – ostatni wspólny przodek

July -lipiec

April - kwiecień

Nov - listopad

Sept - wrzesień

Jan - styczeń

chicken - kura

duck - kaczka

England - Anglia

China - Chiny

Germany - Niemcy

mallard – kaczka krzyżówka

b-teal - bajkałówka

Beijing - Pekin

clade - kład

**Rys 6:** Drzewo największej wiarygodności klada dla 20 sekwencji H5 pozyskanych z genu hemaglutyniny wirusów ptasiej grypy należących do klada 2.3.4.6 (1608 nukleotydów). Daty i miejsca pobrania próbek zostały podane pod koniec oznaczeń. Oznaczenia podane przy klamrach tworzących węzły określają istotne prawdopodobieństwa a posteriori (>0.75). Daty odnoszące się do ostatniego wspólnego przodka (MRCA) wirusów krążących obecnie w Europie i Japonii zostały podane przy odpowiednich węzłach o poziomach najwyższego zagęszczenia a posteriori (HPD) wynoszących 95%.

#### 4. Ocena możliwych dróg wprowadzenia wirusa H5N8 do Europy

Wprowadzenie HPAI do gospodarstw drobiarskich, a następnie rozprzestrzenianie się choroby w danym kraju wiązało się w przeszłości z przemieszczaniem się zainfekowanych lub skażonych osób, pojazdów, sprzętu, przedmiotów, zwierząt i/lub produktów pochodzenia zwierzęcego (EFSA, 2008). Jedynie rozprzestrzenianie się HPAI H5N8 w Azji na zachód, do Europy, wskazywało na to, że w procesie tym mogą odgrywać możliwą dodatkową rolę migracje dzikich ptaków (Liu i in., 2005; Olsen i in., 2006; Gauthier-Clerc i in., 2007; EFSA, 2008; Si i in., 2009; Gilbert i Pfeiffer, 2012). Opisowa ocena tych możliwych dróg wprowadzenia HPAI H5N8 została przedstawiona poniżej. Należy zdać sobie sprawę, że wprowadzenie zakażenia do Europy (mające miejsce jeden raz lub kilkakrotnie) i późniejsze dalsze rozprzestrzenianie się tego zakażenia po Europie to dwa odrębne zdarzenia, które mogły wiązać się z różnymi drogami przenoszenia wirusów.

Zważywszy na szczególny nacisk położony na kwestię dzikich ptaków w mandacie nadanym EFSA przez Komisję Europejską, w pierwszej kolejności został przedstawiony opis możliwego udziału dzikiego ptactwa w tym procesie.

##### 4.1. Możliwe rozprzestrzenianie się wirusa HPAI H5N8 przenoszonego na długich dystansach do Europy za pośrednictwem migrujących ptaków

Większość doniesień dotyczących dzikich ptaków zainfekowanych HPAI H5N8 pochodziła z okresu styczeń – luty 2014 r. z kilku prowincji w Republice Korei. Wykrycie HPAI H5N8 u dzikich ptaków było kojarzone z ogniskami H5N8 u drobiu (zob. rozdział 1). Wirus został wykryty u ptaków nieprzejawiających objawów choroby, jak również w zwłokach ptaków, a u niektórych gatunków dzikich ptaków wykryte zostały przeciwciała specyficzne dla H5N8. Może to wskazywać na fakt, że H5N8 rozprzestrzenił się w dużym stopniu wśród pewnych gatunków dzikich ptaków, i dawał zmienne efekty kliniczne: zakażenie bezobjawowe u niektórych gatunków, ale także infekcje prowadzące do śmierci u innych.

Od listopada 2014 r. donoszono o wystąpieniu HPAI H5N8 u dzikich ptaków w czterech miejscach w Japonii, jednym w Niemczech i jednym w Holandii. Szczegółowa analiza przypadków wykrytych w Japonii byłaby źródłem cennych informacji, ponieważ tak jak miało to miejsce w Europie, przypadki te są zgłaszane w czasie, gdy odbywa się migracja dzikich ptaków w okresie pozalęgowym.

Prawdopodobieństwo przenoszenia HPAI H5N8 przez dzikie ptaki migrujące do Europy zależy w wysokiej mierze od gatunków ptaków zainfekowanych wirusem, liczby zainfekowanych ptaków przemieszczających się do Europy oraz zjadliwości szczepu wirusa u danego gatunku.

Zakażenie wirusem HPAI H5N8 u dzikich ptaków w południowo-wschodniej Azji zostało potwierdzone u głowienki (*Aythya ferina*), łabędzia czarnodziobego (*Cygnus columbianus*), czapli białej (*Ardea alba*), gęsi zbożowej (*Anser fabalis*), bajkałówki (*Anas formosa*), chruściela (przypuszczalnie łyski zwyczajnej (*Fulica atra*)), kaczki krzyżówki (*Anas platyrhynchos*), gęsi białoczelnej (*Anser albifrons*), cyraneczki zwyczajnej (*Anas crecca*) oraz kaczki pstrodziobej (*Anas poecilorhyncha*) oraz u nieokreślonych gatunków dzikich kaczek i gęsi (zob. Tabela 4, załącznik A). Jednakże nie można wykluczyć, że także inne gatunki dzikich ptaków zostały zainfekowane wirusem HPAI H5N8.

Jeśli chodzi o zjadliwość HPAI H5N8 u dzikich ptaków, informacje uzyskane w terenie i w laboratoriach sugerują, że poziom objawów klinicznych w następstwie zakażenia HPAI H5N8 u dzikich ptaków wahał się od ich całkowitego braku do śmierci. Zakażenie HPAI H5N8 było kojarzone z wyższą śmiertelnością u ponad stu bajkałówek, w przypadku których HPAI H5N8 został wykryty u 10 osobników; wirus został wykryty u mniejszej liczby martwych ptaków z różnych gatunków (gęsi zbożowej, kaczki krzyżówki, gęsi białoczelnej, łabędzia czarnodziobego) – wszystkie te przypadki dotyczą Korei Południowej (Jeong i in., 2014). Jednakże wirus został wykryty także w wymazach pobranych od ptaków niewykazujących objawów klinicznych: cyraneczki zwyczajnej, kaczki pstrodziobej oraz kaczki krzyżówki w Południowej Korei; cyraneczki w Niemczech i świstuna euroazjatyckiego w Holandii. Ponadto, przeciwciała anti-H5, sugerujące pokonanie infekcji H5N8,



zostały wykryte u kilku gatunków w Republice Korei: bajkałówki (16/30, 53%), świstuna euroazjatyckiego (6/12, 50%), kaczki pstrodziobej (26/146, 18%), kaczki krzyżówki (54/379, 14%) i cyraneczki zwyczajnej (5/50, 10%) (Jeong i in., 2014). Eksperymentalne zakażenie u pięciu kaczek krzyżówek skutkowało brakiem objawów klinicznych lub wystąpieniem łagodnych objawów klinicznych choroby (Kang 2014). Eksperymentalne zakażenia dwóch bajkałówek nie spowodowało wystąpienia objawów klinicznych. Jeden ptak padł w trzecim dniu dpi, jednak przyczyna śmierci nie została w tym przypadku określona (Kang i in., 2014).

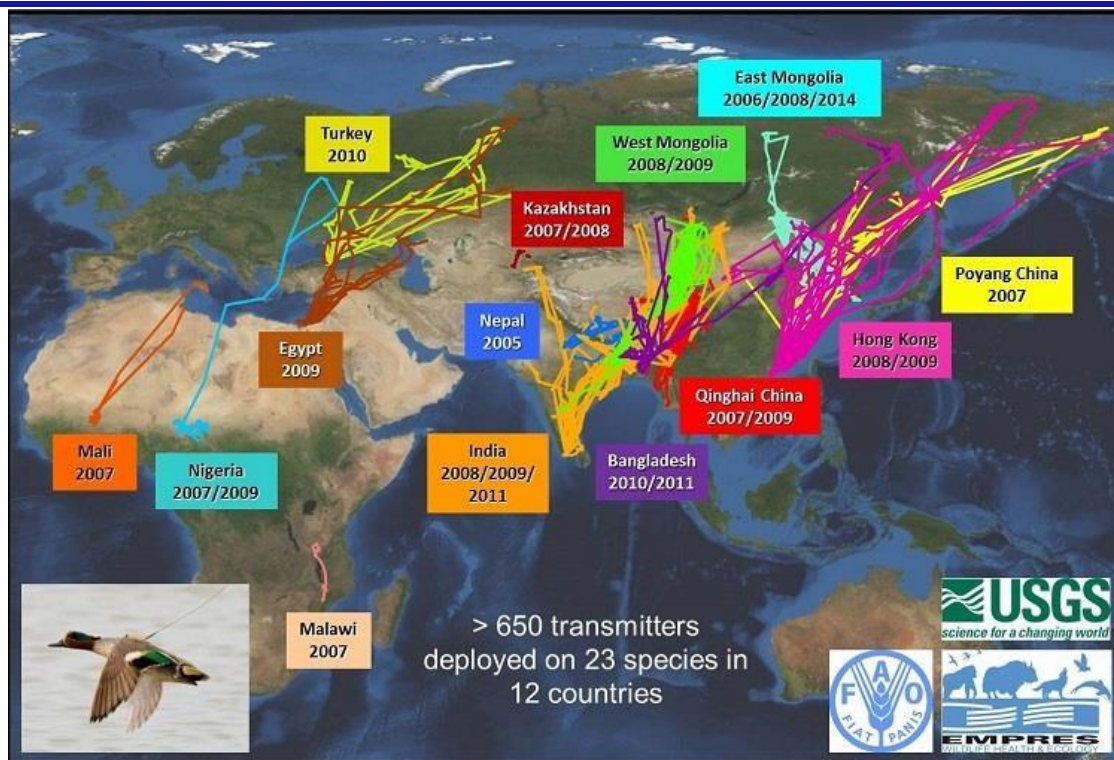
Wędrowka dzikiego ptactwa ma charakter złożony, ponieważ wiąże się nie tylko z wieloma różnymi strategiami stosowanymi przez różne gatunki, ale także z różnymi strategiami stosowanymi przez ten sam gatunek. Szlaki migracji mogą różnić się zależnie od (1) gatunku (i populacji w ramach gatunku), a zasięg szlaku migracji może wykazywać różnice, zarówno w odniesieniu do całkowitej długości szlaku przelotu jak i liczby i czasu trwania postojów wzdłuż szlaku przelotu (strategie „hop, skip and jump” (w górę, omiń i skacz); (2) wieku poszczególnych osobników; (3) płci osobników; (4) osobnika; (5) pory roku; (6) warunków pogodowych (EFSA, 2006). W związku z tym mapy szlaków wędrowek ptactwa muszą być interpretowane z ostrożnością i dają one zazwyczaj obraz szeroko uogólniony.

Cechą wspólną prawie wszystkich systemów migracji są przeloty na wyższych wysokościach w sezonie lęgowym i na niższych w sezonie pozalęgowym. Dlatego też nie należy zakładać, że w ramach szlaków przelotu odwzorowanych w sposób uogólniony istnieją kierunki torów, biegnące prostopadle do ogólnej orientacji północ-południe przyjętej w większości szlaków przelotu. Uogólnione ilustracje szlaków przelotu wędrujących ptaków sprawiają wrażenie bardzo prostych, jednak kryje się w nich wiele złożonych aspektów ekologicznych, i mogą być w związku z tym błędnie interpretowane przez osoby niezaznajomione ze szczegółami.

Informacje na temat przemieszczeń ptaków pochodzą z dwóch źródeł.

- a) Odzyskane ptaki obrączkowane w sposób konwencjonalny. Informacje uzyskane w ten sposób łączą miejsca, w których dany ptak został oznakowany z miejscami, w których został on odzyskany (być może wiele lat później) (Rys. 8). Dane te zależą w dużym stopniu od podziału obrączek, osób odzyskujących oznakowane ptaki, możliwości raportowania oraz, szczególnie w przypadku ptaków wodnych, od rozłożenia polowań na danym obszarze.
- b) Bardziej szczegółowe informacje na temat torów przemieszczeń poszczególnych ptaków są uzyskiwane przy zastosowaniu różnych technologii teledetekcji. Określają one szczegółowo tory przemieszczeń dla indywidualnie znakowanych ptaków (np. Rys. 7).

Dane rejestrowane w ramach projektów w zakresie grypy ptaków realizowanych przez FAO-USGS (Rys. 7) potwierdzają, że szlaki migracji gatunków badanych z zastosowaniem rejestratorów pozycyjnych prowadzą wzdłuż szlaków przelotów o orientacji północ-południe, przy bardziej widocznym komponentie północny-wschód – południowy-zachód w przypadku pewnych populacji dzikich ptaków zimujących w Europie. Nie są znane żadne bezpośrednie szlaki migracji ptaków prowadzące ze wschodniej Azji do Europy Zachodniej, choć nie można wykluczyć przemieszczeń poszczególnych ptaków, co jest jednak wysoce nieprawdopodobne. W 2014 r. nie zaobserwowano żadnych niezwykłych warunków pogodowych (np. ekstremalnie wysokich lub niskich temperatur bądź opadów), które mogłyby spowodować niespodziewane migracje dzikich ptaków ze wschodniej Azji do Europy.



Turkey - Turcja  
 East Mongolia – wschodnia Mongolia  
 West Mongolia – zachodnia Mongolia  
 Kazakhstan - Kazachstan  
 Egypt - Egipt  
 Poyang China – Poyang Chiny  
 Qinghai China – Qinghai Chiny  
 India - Indie  
 Bangladesh - Bangladesz

> 650 nadajników śledzących 23 gatunki w 12 krajach

Rys. 7: Projekty w zakresie grypy ptaków realizowane przez FAO-USGS<sup>5</sup>  
<http://www.werc.usgs.gov/ResearchTopicPage.aspx?id=17> ©FAO

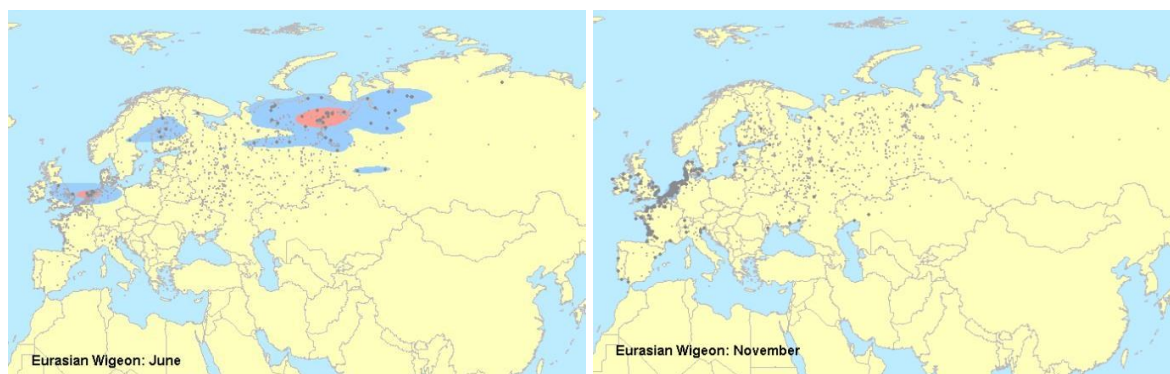
Wysnuto hipotezę, że zamiast bezpośredniej migracji dzikich ptaków ze wschodniej Azji do Europy, przenoszenie wirusów HPAI na długich dystansach może nastąpić na skutek zakażeń krzyżowych, do których dochodzi między różnymi ptakami na odcinkach, na których szlaki ich przelotu pokrywają się (zazwyczaj na północnych obszarach lęgowych) (np. Si i in., 2009; Iverson i in., 2011). Przenoszenie wirusów w ten sposób może mieć miejsce jedynie wówczas, gdy dzikie ptaki wędrujące dwoma różnymi szlakami mają ze sobą bezpośredni kontakt, kontakt pośredni przez pośredniego gospodarza, lub gdy wirus zachował swoją aktywność w odpowiednich warunkach środowiskowych i doprowadził pośrednio do zainfekowania innego dzikiego ptaka. Tereny lęgowe na Syberii mogłyby być obszarem, na którym mogą pokrywać się szlaki przelotu ptaków wędrownych migrujących z Europy i z południowo-wschodniej Azji (Gilbert i in., 2006; Shestopalov i in., 2006; Ilyicheva i in., 2013).

Jak już wspomniano, analiza sekwencyjna sugeruje, że wirusy HPAI H5N8 wyizolowane u nieokreślonych gatunków *Anatidae* w prefekturze Chiba (Japonia) w listopadzie 2014 r. pochodzą najprawdopodobniej od tego samego prekursora, co wirusy wyizolowane w Europie (Rys. 6). Wyniki te mogłyby być zgodne z hipotezą mówiącą o tym, że wirus-prekursor występował na terenach lęgowych, na których mogły się ze sobą mieszać w okresie lęgowym ptaki wędrujące wzdłuż szlaku wschodnio-atlantycznego i szlaku Azja Wschodnia-Australazja w 2014 r. Fakt, że wirusy europejskie

<sup>5</sup> FAO wyraziła zgodę na zamieszczenie rysunku w niniejszym raporcie naukowym (4 grudnia 2014 r.).  
 Dziennik EFSA 2014;12(12):3941

mogą pochodzić od tego samego przodka, co dwa wirusy japońskie, sugeruje, że istniała mała szansa na kumulację mutacji podczas wędrówek ptaków pomiędzy Azją i Europą. Zarówno dane dotyczące analizy sekwencyjnej genomów wirusów jak i te dotyczące migracji dzikiego ptactwa powinny zostać uwzględnione w procesie oceny roli, jaką odegrały dzikie ptaki, jeśli chodzi o wprowadzenie HPAI H5N8 ze wschodnio-południowej Azji do Europy. Informacje uzyskane w ramach konwencjonalnego obrączkowania ptaków podsumowane z wykorzystaniem Migration Mapping Tool (narzędzia do odwzorowywania migracji) (<http://blx1.bto.org/ai-eu/>) mogą zostać wykorzystane do określenia ogólnych wzorców migracji dla różnych gatunków dzikich ptaków wędrujących z Europy do Azji centralnej. Na przykład, Rys. 8 pokazuje dane dotyczące odzyskanego świstuna europejskiego (u którego potwierdzono zakażenie H5N8 w Holandii).

Brakuje dostępnych danych syntetycznych dotyczących czasu wędrówek i ilości dzikich ptaków migrujących z południowo-wschodniej Azji do Azji centralnej lub północnej, co utrudnia oszacowanie możliwych transmisji wirusów HPAI pomiędzy szlakami migracji a) z południowo-wschodniej Azji do Azji centralnej/północnej, a następnie b) z tego regionu do Europy. Można przyjąć, że aby transmisja HPAI pomiędzy sąsiadującymi ze sobą szlakami przelotu była możliwa, by w rezultacie wprowadzić wirus do Europy, konieczny byłby co najmniej jeden pełen cykl migracji. Wątpliwości w tym zakresie wynikają także z braku danych dotyczących dynamiki transmisji wirusów HPAI między gatunkami, w szczególności w przypadku H5N8



Świstun euroazjatycki: czerwiec

Świstun euroazjatycki: listopad

**Rys. 8: Główne szlaki migracji świstuna euroazjatyckiego w oparciu o dane uzyskane w czerwcu i listopadzie w z odczytu obrączek schwytych osobników (źródło: Migration Mapping Tool) ©MMT**

Liczba ptaków wędrownych przylatujących do Europy zainfekowanych HPAI H5N8 (o ile takie są) zależy od występowania wirusa w regionie, z którego ptaki te pochodzą oraz w miejscach postoju, prawdopodobieństwa przeniesienia wirusa między ptakami z różnych szlaków migracji, możliwości przeżycia migracji przez zainfekowanego ptaka, jak również prawdopodobieństwa, że ptaki wydalają wirusa (tj. zakażają inne osobniki) w chwili przylotu do Europy. W związku z brakiem danych dotyczących wszystkich ww. parametrów, opracowania dokładnych szacunków nie jest możliwe. Aby ocenić prawdopodobieństwo przeniesienia wirusa z południowo-wschodniej Azji do Europy przez migrujące ptaki, konieczna jest bardziej szczegółowa wiedza na temat tych wszystkich parametrów, jak również zjadliwości HPAI H5N8 u różnych gatunków dzikich ptaków. Nie można stwierdzić, że wirus nie jest obecny w centralnej i północnej Eurazji ze względu na brak informacji na temat wyczulenia nadzoru nad HPAI sprawowanego w tych regionach.

Na podstawie informacji przedstawionych powyżej można wnioskować, że HPAI H5N8 może infekować różne gatunki dzikich ptaków niewywołując widocznych objawów choroby. Wprowadzenie wirusa przez dzikie ptaki przylatujące do Europy z południowo-wschodniej Azji wydaje się być wysoce nieprawdopodobne w związku z brakiem szlaków migracji i genetycznym podobieństwem pomiędzy genotypami wirusów wykrytych w Azji i w Europie. Niemniej jednak, wprowadzenie wirusa przez ptaki migrujące spędzające okres lęgowy na Syberii, które mogły mieć kontakt z ptakami zimującymi w południowo-wschodniej Azji, lub które były narażone na to samo źródło, mogłyby być

możliwe, choć hipoteza ta wymaga dalszych badań.

Z związku z wykryciem H5N8 u dzikiego ptactwa w Europie, jego obecność u co najmniej niektórych dzikich ptaków na terenie Europy jest już faktem, niezależnie od pierwotnego źródła wprowadzenia go na teren Europy. Co za tym idzie, można się obawiać, że wirus utrzyma się w populacjach dzikich ptaków w Europie. Jeśli tak się stanie, ewentualne rozprzestrzenienie się wirusa przeniesionego przez dzikie ptactwo na drób może wiązać się z ryzykiem utrzymującym się w regionach, w których wystąpiło zakażenie przez dłuższy czas.

#### **4.2. Możliwe lokalne przeniesienie HPAI H5N8 przez dzikie ptactwo na drób hodowany w europejskich gospodarstwach**

Wykazy europejskich gatunków ptaków, w przypadku których istnieje wyższe prawdopodobieństwo narażenia na wirusy HPAI H5N8 zostały opracowane w 2005 r. (EFSA, 2006; Veen i in., 2007). Wytypowano około 30 gatunków, które mogą być ewentualnymi nosicielami pośrednimi pełniącymi rolę łącznika pomiędzy dzikim ptactwem i drobiem. Należą do nich zarówno gatunki ptaków wędrownych jak i osiadłych, które są bardziej powszechne i w mniejszym stopniu zależne od siedlisk wodno-błotnych, w tym gatunki, które mają częstszy kontakt z drobiem i z ludźmi. Są one postrzegane jako gatunki mogące mieć kontakt zarówno z ptactwem wodnym zainfekowanym ptasią grypą jak drobiem. Istnieje jednak wiele wątpliwości, co do roli gatunków będącymi nosicielami pośrednimi w odniesieniu do rozprzestrzeniania się wirusów powodujących ptasią grypę. Sytuacja ta jest spowodowana brakiem danych na temat dynamiki przenoszenia tych wirusów między gatunkami oraz danych na temat konsekwencji związanych z wystąpieniem infekcji wśród dzikich ptaków w Europie. Ponadto gatunki, które mogą potencjalnie pośredniczyć w przenoszeniu wirusów mogą wykazywać bardzo duże różnice między poszczególnymi regionami w Europie.

Od 2003 r. państwa członkowskie UE wdrażają programy nadzoru w zakresie grypy ptaków, ukierunkowane w szczególności na wykrywanie zakażeń wywołanych wysoce zjadliwym szczepem H5N8. Rozprzestrzenianie się i wielokrotne przypadki wykrycia HPAI H5N8 z linii azjatyckiej potwierdziły do 2006 r. użyteczność systemów nadzoru i wczesnego wykrywania, zarówno jeśli chodzi o drób jak i dzikie ptactwo (Hesterberg i in., 2009).

Council Directive 2005/94/ECDyrektywa Rady 2005/94/WE w sprawie wspólnotowych środków zwalczania grypy ptaków nakłada na państwa członkowskie obowiązek realizowania programów nadzoru w zakresie grypy ptaków zgodnie ze zharmonizowanymi wytycznymi, określonymi po raz ostatni w decyzji Komisji 2010/367/UE. Ostatnie wytyczne Komisji Europejskiej dotyczące nadzoru w zakresie wysoce zjadliwej grypy ptaków podtypu H5N8 u dzikiego ptactwa obejmują wykaz „gatunków docelowych, w którym zawarto zarówno wiedzę na temat liczby przypadków wykrycia HPAI H5N8 w ramach unijnego programu nadzoru oraz wyniki badań epidemiologicznych dotyczących tego wirusa w odniesieniu do ptactwa dzikiego. Zgodnie z decyzją Komisji 2010/367/UE, jednymi z celów unijnego nadzoru w zakresie grypy ptaków jest wczesne wykrywanie HPAI H5N8 u dzikich ptaków w celu ochrony drobiu w gospodarstwach drobiarskich oraz weterynaryjna ochrona zdrowia publicznego.

Programy nadzoru w zakresie grypy ptaków u drobiu mają na celu (jak opisano w decyzji Komisji 2010/367/UE) informowanie właściwych organów o krążących wirusach grypy ptaków mając na względzie zwalczanie choroby zgodnie z dyrektywą 2005/94/WE w ramach corocznego wykrywania poprzez czynny nadzór nad: nisko zjadliwą grypą ptaków (LPAI) podtypu H5 i H7 u ptaków grzebiących (kur, indyków, perlic, bażantów, kuropatw i przepiórek) oraz ptaków bezgrzebieniowych, uzupełniając w ten sposób inne istniejące systemy wczesnego wykrywania; (b) nisko zjadliwą grypą ptaków (LPAI) podtypu H5 i H7 oraz wysoce zjadliwą grypą ptaków (HPAI) u domowego ptactwa wodnego (kaczek, gęsi i kaczek krzyżówek przeznaczonych do odnowy populacji zwierzyny łownej).

Jeśli wirus HPAI H5N8 okazałby się być obecny w populacjach dzikich ptaków w UE powodując znaczną zachorowalność i śmiertelność, jak ma to miejsce w przypadku wirusa HPAI H5N1), wówczas w celu wykrywania tego wirusa należałoby podjąć w odniesieniu do dzikich ptaków pasywne środki nadzoru (skanowanie) wdrażane przez państwa członkowskie, o ile zostaną one podjęte na wystarczającą skalę. Jeśli natomiast wirus HPAI H5N8 byłby przenoszony przez dzikie

ptaki bezobjawowo, czynny (lub ukierunkowany) nadzór byłby bardziej odpowiednią metodą. W przypadku zmian w poziomie śmiertelności w związku z zakażeniami HPAI H5N8 w ramach danego gatunku lub w różnych gatunków, stosowne może być zastosowanie nadzoru zarówno czynnego jak i pasywnego.

Od czasu wdrożenia decyzji Komisji 2010/367/UE nie zostały nałożone na państwa członkowskie żadne obligatoryjne wymogi w zakresie programów nadzoru czynnego (lub ukierunkowanego) w odniesieniu do dzikiego ptactwa (pobieranie próbek od zdrowych, żywych ptaków lub ptaków złowionych). Oczekuje się, że nadzór czynny będzie pomocny w wykrywaniu odmian grypy ptaków, które nie powodują znacznej śmiertelności lub śmiertelności w populacjach dzikich ptaków.

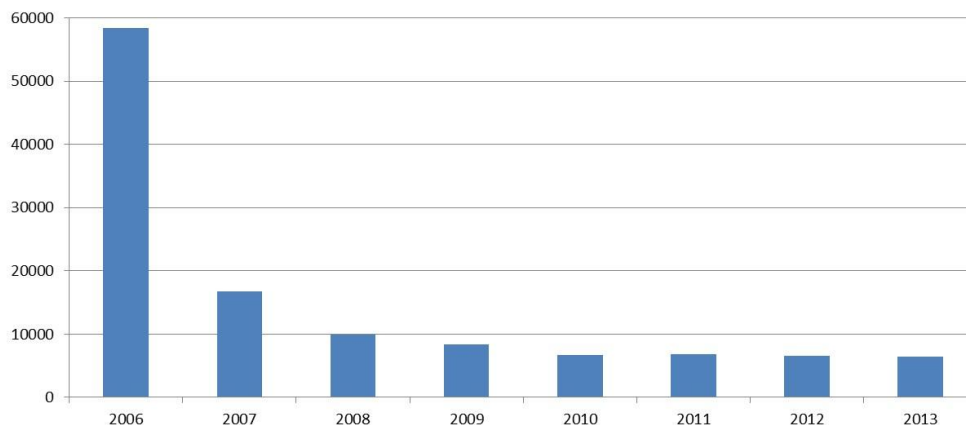
Liczba ptaków, od których pobrano próbki w ramach nadzoru pasywnego uległa zmniejszeniu w porównaniu z jej szczytową wartością osiągniętą w 2006 r. (Rys. 9), a ograniczona liczba obecnie badanych ptaków może skutkować obniżeniem wrażliwości obecnego systemu nadzoru. Możliwe jest także uzyskanie cennych i przydatnych wyników w oparciu o proporcjonalnie bardzo niewielkie próbki pobrane w danej populacji. Przydatność takiego sposobu pobierania próbek zależy od występowania i rozmieszczenia przestrzennego miejsc pobieranych próbek w odniesieniu do naturalnej heterogeniczności w rozmieszczeniu przestrzennym poszczególnych zainfekowanych ptaków. W 2013 r. nie pobrano próbek w dziesięciu populacjach dziewięciu docelowych gatunków ptaków. Jednakże należy zauważyć, że niektóre państwa członkowskie nie przekazują danych dotyczących czynnego nadzoru, i istnieją duże różnice między regionami jeśli chodzi o liczbę próbek pobieranych na danym obszarze (Rys. 10). Oczekuje się, że ogniska HPAI H5N8 zgłaszane obecnie w UE mogą prowadzić do zintensyfikowania nadzoru w czwartym kwartale 2014 r. w porównaniu z tym samym kwartałem w roku 2013. Czynny (lub ukierunkowany) nadzór w zakresie żywych dzikich ptaków, świeżych wydalonych odchodów i/lub piór sprawowany na obszarach wysokiego ryzyka może okazać się przydatny w przypadku wysoce zjadliwej grypy ptaków podtypu H5N8 występującej u kilku gatunków dzikich ptaków, w przypadku których wirus charakteryzuje się niską zjadliwością.

Doświadczenia ze szczepieniem pokazały, że wirus systemicznie się replikował i był śmiertelny dla kur (Zhao i in., 2013; Kim i in., 2014 EMI; Wu i in., 2014). Wirus ten rozprzestrzeniał się wśród kaczek domowych (*Anas platyrhynchos domesticus*), jednak analiza histopatologiczna ujawniła, że zmiany chorobowe u kaczek zainfekowanych H5N8 były znacznie mniejsze i wydawały się być mniej inwazyjne w porównaniu ze zmianami, które wystąpiły u zaszczepionych kur (Zhao i in., 2013; Kim i in., 2014). Ważną częścią badania przeprowadzonego przez Kim i współpracowników (2014 r.) było bezpośrednie porównanie wirulencji dwóch izolatów wirusa HPAI H5N1 i izolatu wirusa HPAI H5N1 u kaczek domowych. Sugerowało to, że H5N8 był mniej zjadliwy w przypadku kaczek domowych niż H5N1. W badaniach eksperymentalnych H5N1 okazał się mniej zjadliwy w przypadku dzikich kaczek krzyżówek, cyraneczki zwyczajnej, krakwy i świstuna (wszystkie należące do rodzaju *Anas*) niż w przypadku kaczek domowych. Oznacza to, że wirus H5N8 może być przenoszony i rozprzestrzeniany przez dzikie osobniki rodzaju *Anas* z większym prawdopodobieństwem niż w przypadku wirusa H5N1. Kang i in. (2014) donosił, że zaszczepione dzikie kaczki krzyżówki (*Anas platyrhynchos*) nie wykazywały żadnych lub jedynie łagodne objawy kliniczne (pięć ptaków obserwowanych do 14 dpi). Replikacja wirusa i jego wydalanie było wyższe u kaczek zainfekowanych H5N8 niż u kaczek krzyżówek (*Anas platyrhynchos*) zainfekowanych H5N1. Kaczki domowe (*Anas platyrhynchos domesticus*) wykazywały poważne objawy chorobowe, które doprowadziły niektóre z nich do śmierci. Także cyraneczka zwyczajna, u której wykryto wirusa HPAI H5N8 w Niemczech, nie wykazywała żadnych objawów klinicznych ani innych objawów, które wskazywałyby na zaburzenia zdrowotne spowodowane przez wirus. Do celów prowadzenia badań oceny ryzyka ważne jest uzyskanie dalszych informacji na temat patogenezy infekcji wirusem HPAI H5N8 u dzikich ptaków, w tym źródeł wirusa, czasu trwania i poziomu wydalania wirusa, jak również skutków klinicznych.

Wiedza dotycząca występowania infekcji HPAI H5N8 w populacjach dzikich ptaków ułatwi zrozumienie ryzyka przeniesienia wirusa z dzikiego ptactwa na drób i odwrotnie. Warto rozważyć także prowadzenie badań z wykorzystaniem próbek kału gęsi, łabędzi i kaczek oraz ptaków wskaźnikowych umieszczonych na terenach podmokłych (Knight-Jones i in., 2010; Globig i in., 2013). Więcej informacji i wytycznych dotyczących nadzoru w zakresie wysoce zjadliwej grypy

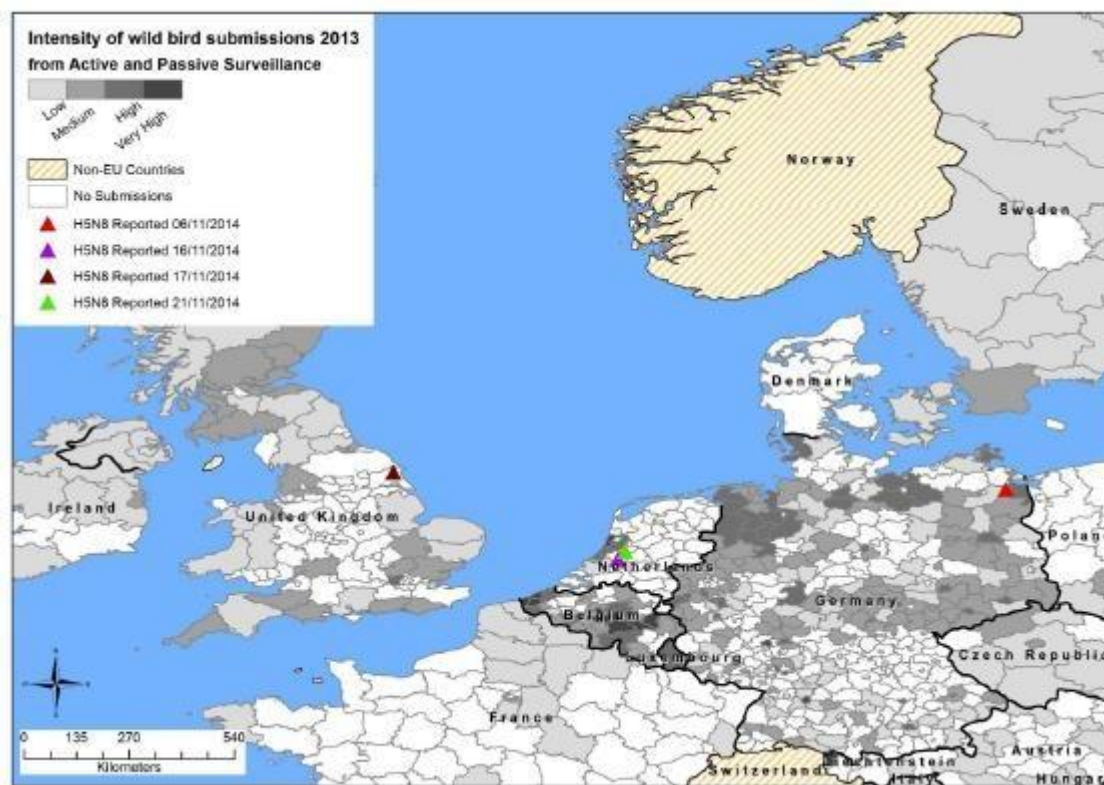
ptaków można znaleźć np. na stronie internetowej OFFLU.<sup>6</sup>

**Total Number of Wild Birds Sampled by Passive Surveillance in EU**



Całkowita liczba dzikich ptaków, od których pobrane zostały próbki w ramach nadzoru pasywnego w UE

**Rys. 9:** Całkowita liczba dzikich ptaków, od których pobrane zostały próbki w ramach nadzoru pasywnego w UE w 2013 r.



Intensywność składania danych dotyczących nadzoru czynnego i pasywnego w zakresie dzikiego ptactwa w 2013 r.  
 niska                      średnia                      wysoka                      bardzo wysoka

Państwa niebędące członkami UE

Brak raportów

Zgłoszenie H5N8 06.11.2014

Zgłoszenie H5N8 16.11.2014

Zgłoszenie H5N8 17.01.2014

<sup>6</sup> [http://www.offlu.net/fileadmin/home/en/resource-centre/pdf/H5N8\\_OFFLU\\_Statement\\_Final.pdf](http://www.offlu.net/fileadmin/home/en/resource-centre/pdf/H5N8_OFFLU_Statement_Final.pdf); ostatnia data dostępu 4 grudnia 2014 r.

Zgłoszenie H5N8 21.11.2014

Norway - Norwegia  
 Sweden - Szwecja  
 Denmark - Dania  
 United Kingdom – Wielka Brytania  
 Ireland - Irlandia  
 Netherlands - Holandia  
 Belgium - Belgia  
 Germany - Niemcy  
 Poland - Polska  
 France - Francja  
 Czech Republic - Czechy  
 Switzerland - Szwajcaria  
 Liechtenstein - Liechtenstein  
 Austria - Austria  
 Hungary - Węgry  
 Luxembourg - Luksemburg

**Rys 10:** Liczba próbek pobranych na danym obszarze w 2013 r. w oparciu o unijną bazę danych dotyczących nadzoru w zakresie dzikiego ptactwa. Nie uwzględniono czynnego nadzoru w przypadku co najmniej kilku państw członkowskich. Przedstawiono lokalizację pierwszych czterech gospodarstw w Europie, w których wystąpiło zakażenie.

Tabela 3 przedstawia dane dotyczące nadzoru w zakresie dzikiego ptactwa w 2014 r. przedłożone Komisji Europejskiej według stanu na dzień 2 grudnia 2014 r. Podana jest w niej liczba zbadanych ptaków oraz wykrytych przypadków H5 LPAI i innych LPAI.

**Tabela 3: Nadzór dzikiego ptactwa w zakresie ptasiej grypy oparty na danych z 2014 r. zgłoszonych do bazy danych nadzoru dzikich ptaków Komisji Europejskiej do 02 grudnia 2014 r.**

Państwo członkowskie	Pełna nazwa państwa	Zgłoszenia	Data złożenia dla P3/P4	Przypadki LP_H5	Przypadki innych LP	Łącznie przypadków
DE	Niemcy	1435	NIE	0	0	0
IT	Włochy	844	TAK	0	2	2
BE	Belgia	806	NIE	0	4	4
ES	Hiszpania	732	NIE	0	2	2
HG	Węgry	524	TAK	0	0	0
GB	Wielka Brytania	477	TAK	1	4	5
AT	Austria	241	TAK	24	38	62
FI	Finlandia	176	TAK	0	1	1
SE	Szwecja	113	NIE	0	1	1
RO	Rumunia	109	TAK	0	0	0
CY	Cypr	99	TAK	0	0	0
PT	Portugalia	90	TAK	0	0	0
SI	Słowenia	71	NIE	0	1	1
CZ	Czechy	69	TAK	0	0	0

Państwo członkowskie	Pełna nazwa państwa	Zgłoszenia	Data złożenia dla P3/P4	Przypadki LP_H5	Przypadki innych LP	Łącznie przypadków
NL	Holandia	62	NIE	1	0	1
EE	Estonia	33	TAK	0	0	0
PL	Polska	24	TAK	0	0	0

SK	Słowacja	21	TAK	0	0	0
IE	Irlandia	16	TAK	0	0	0
LT	Łotwa	14	NIE	0	0	0
GR	Grecja	12	TAK	0	0	0
DK	Dania	5	TAK	0	0	0
BG	Bułgaria	3	NIE	0	0	0
CH	Szwajcaria	6	TAK	0	0	0

Gatunki dzikich ptaków podlegające nadzorowi można znaleźć w wielu środowiskach. Kontakt pomiędzy docelowymi ptakami dzikimi a drobiem jest bardziej prawdopodobny na terenie mokradeł i w obszarach większej gęstości populacji drobiu (rysunek 4). Ogniska w Niemczech i Holandii wystąpiły w pobliżu terenów podmokłych o dużej gęstości populacji dzikiego ptactwa. Pierwsze gospodarstwo, w którym wystąpiło zakażenie w Holandii znajduje się w pobliżu małych jezior. Niemieckie gospodarstwo hodowli indyków znajduje się 1,3 km od mokradeł o znaczeniu międzynarodowym dla ptaków wodnych. Duża grupa dzikich ptaków była widziana na polach w bliskim sąsiedztwie zakażonych obiektów. W jeziorze w pobliżu zainfekowanego niemieckiego gospodarstwa nie znaleziono martwych ptaków, a wszystkie badane próbki kału dzikich ptaków dały wynik negatywny. Sytuacja jest inna w przypadku gospodarstwa brytyjskiego, w którym wystąpiło zakażenie, gdyż znajduje się ono na terenach rolnych bez wielkich mokradeł ani przyległych do obiektu, ani położonych w pobliżu. W dniu przeprowadzania oceny ornitologicznej w terenie obszar wokół gospodarstwa zamieszkiwała niewielka populacja ptaków i nie ma dowodów, by stwierdzić obecność dużej liczby ptaków tuż przed wystąpieniem infekcji. Według raportu doświadczonych ornitologów po ocenie w terenie w strefie ochrony (3 km) ani w strefie nadzoru (10) km obecnych było bardzo mało ptaków wodnych.

Bezpieczeństwo biologiczne profesjonalnych europejskich gospodarstw drobiarskich jest zazwyczaj umiarkowane lub wysokie<sup>7</sup>, ale z pewnością można je zwykle poprawić w przypadku określonych rodzajów produkcji (np. kury nioski). W zamkniętych gospodarstwach drobiarskich prawdopodobieństwo bezpośredniego kontaktu dzikiego ptactwa i drobiu jest na ogół niskie pod warunkiem wprowadzenia rygorystycznych środków bezpieczeństwa biologicznego. Jednak prawdopodobieństwo wprowadzenia wirusa LPAI jest wyższe w przypadku (zamkniętych) gospodarstw zlokalizowanych w pobliżu mokradeł i wraz ze wzrostem częstości występowania infekcji HPAI u dzikich ptaków występujących na tych mokradłach (EFSA, 2005). Jednakże takie wirusy mogą rozwijać się w HPAI w gospodarstwach drobiarskich. Prawdopodobieństwo przeniesienia HPAI z dzikiego ptactwa na drób jest bardziej prawdopodobne, gdy zwierzęta są trzymane na wolnym wybiegu i w gospodarstwach przydomowych lub tych, które nie mają środków zapewniających wysokie bezpieczeństwo biologiczne. Bezpośredni kontakt dzikiego ptactwa i drobiu jest uważany za bardzo mało prawdopodobny w gospodarstwie brytyjskim, w którym wystąpiło zakażenie w związku z zastosowaniem siatek pokrywających magazyny. W gospodarstwie tym dzikie ptaki nie miały dostępu do magazynów pasz. W niemieckim gospodarstwie, w którym wystąpiło zakażenie i w gospodarstwach w Holandii drób był trzymany w pomieszczeniach. Zastanawiające jest to, że wirusem HPAI H5N8 zarażony został tylko drób trzymany w pomieszczeniach w obecnych ogniskach w Europie i że żadne zakażenie nie wystąpiło w żadnym zewnętrznym zakładzie produkcyjnym.

Oczywiste jest, że w obliczu wystąpienia obecnych ognisk HPAI H5N8 w Europie istnieje potrzeba wzmocnienia wdrażanych praktyk bezpieczeństwa biologicznego, które tworzą bariery zmniejszające ryzyko wprowadzenia i rozprzestrzeniania się wirusa. Na obszarach wysokiego ryzyka zalecana jest ocena procedur bezpieczeństwa biologicznego na poziomie gospodarstwa i obszaru, ze szczególnym uwzględnieniem segregacji, czyszczenia i dezynfekcji, a w razie potrzeby także ich poprawa.

<sup>7</sup> Zgodność z definicją sektora 1 lub 2 klasyfikacji FAO produkcji drobiu na podstawie poziomu bezpieczeństwa biologicznego (<http://www.fao.org/docrep/013/al674e/al674e00.pdf> ostatnia data dostępu: 4 grudnia 2014 r.)



Kluczowe jest prawidłowe korzystanie ze środków dezynfekujących. Więcej informacji można znaleźć na przykład w artykule FAO na temat bezpieczeństwa biologicznego w zakresie wysoce zjadliwej grypy ptaków.<sup>8</sup>

### 4.3 Możliwe wprowadzenie przez osoby, pojazdy, sprzęt i inne przedmioty

Właściciele gospodarstw, pracownicy, lekarze weterynarii, pojazdy, sprzęty lub inne przedmioty, które miały styczność ze skażonymi odchodami dzikiego ptactwa lub drobiu, jak również ze zwłokami lub szczątkami martwych ptaków mogą przenosić wirus H5N8. Handel nieprzetworzonym obornikiem drobiu między państwami członkowskimi jest dozwolony wyłącznie w przypadku obornika pochodzącego z obszaru, który nie podlega ograniczeniom dotyczącym ptasiej grypy (rozporządzenie Komisji (WE) nr 142/2011). Prawdopodobieństwo wprowadzenia i rozprzestrzeniania się H5N8 poprzez osoby, pojazdy, urządzenia i inne przedmioty zależy od kilku czynników, takich jak stężenie wirusa, trwałość wirusa w danych warunkach i właściwości przedmiotów (np. zawartość wody w materiale). Możliwość ekspozycji osób, pojazdów i wszelkiego rodzaju materiałów przy kontakcie z zakażonym dzikim ptactwem lub drobiem lub ich zanieczyszczonymi odchodami nie jest jasna, ale zakłada się, że jest nie wysoka, ponieważ zakażenie wirusem H5N8 stwierdzono zaledwie u kilku dzikich ptaków w Europie, a zakażenie wystąpiło dotychczas tylko w kilku gospodarstwach drobiarskich. Jednakże, biorąc pod uwagę niezbyt intensywne pobieranie próbek od dzikiego ptactwa, rzeczywista częstość występowania HPAI H5N8 w różnych populacjach dzikich ptaków w Europie nie jest znana. Nie można wykluczyć wprowadzenia HPAI H5N8 do Europy za pośrednictwem osób podróżujących z zainfekowanych krajów Azji Południowo-Wschodniej. Prawdopodobieństwo transmisji wirusa między podróżującymi skażonymi HPAI H5N8 a drobiem i dzikim ptactwem uważane jest za niskie, choć nie można go lekceważyć, ponieważ istnieją na przykład firmy hodowli drobiu z gospodarstwami w Azji Południowo-Wschodniej i Europie.

Informacje na temat stabilności wirusów H5N8 nie są dostępne, i prawdopodobna jest duża zmienność pomiędzy szczepami. Na przykład w odniesieniu do H5N1 i H7N2 stwierdzono, że wirusy te zachowywały swoją infekcyjność przez kilka dni w kale lub nawozie trzymanym w temperaturze otoczenia (Lu i in., 2003; Songserm i in., 2005). Trwałość, czyli rezystancja zakaźności wirusa ptasiej grypy na oddziaływanie czynników środowiskowych poza organizmem gospodarza zależy od wielu czynników, w tym od szczepu wirusa, pochodzenia gospodarza, matryc środowiskowych (np. aerozol, woda, kał, tusza/mięso) i warunków środowiskowych (m.in. temperatura, zasolenie, pH, zawartość białka) (EFSA, 2008). Ogólnie rzecz biorąc, wirusy grypy ptaków są bardziej stabilne w niższych temperaturach i zasoleniu od świeżego do słonawego (Brown i in. 2007; Keeler i in. 2014). Pośrednia transmisja wirusów ptasiej grypy przez wodę na inne ptaki wodne, które korzystają lub piją skażoną wodę może stanowić istotny czynnik w łańcuchach infekcji (EFSA, 2008). Wirusy grypy są zasadniczo narażone na środki dezynfekujące (EFSA, 2008), choć nie ma szczegółowych danych dotyczących H5N8. Wymagany jest jednak odpowiedni system bezpieczeństwa biologicznego, aby zapobiec przeniknięciu i wydostaniu się wirusa z gospodarstwa, gdyż niewektorowe gatunki inne niż ptaki, takie jak myszy, koty, lisy, szczury, psy i łasicowate mogą odegrać funkcję co najmniej wektorów mechanicznych. Oczywiście jest, że systemy bezpieczeństwa biologicznego powinny również uwzględniać strumienie innych przedmiotów, odpadów i wody opuszczające gospodarstwo. Brak jest danych na temat roli wektorów transmisji innych niż ptaki w obecnych ogniskach HPAI H5N8. Dlatego też należy podjąć szczegółowe badania epidemiologiczne dotkniętych gospodarstw europejskich i szczegółową ocenę wektorów transmisji innych niż ptaki, które mogą transportować wirusy HPAI z Azji Południowo-Wschodniej do Unii Europejskiej, aby lepiej zrozumieć i możliwie ograniczyć ryzyko związane z ogniskami HPAI w Europie w przyszłości. Analiza japońskich ognisk HPAI H5N8 byłaby interesująca ze względu na wysoki poziom zbieżności nukleotydów wirusów HPAI H5N8 krążących obecnie w Europie i Japonii.

Ta droga zakażenia jest coraz bardziej prawdopodobna w gospodarstwach o niższym poziomie bezpieczeństwa biologicznego. Komercyjne gospodarstwa drobiarskie w Europie zasadniczo cechuje poziom bezpieczeństwa biologicznego od umiarkowanego do wysokiego, ale nie można wykluczyć

<sup>8</sup> [ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/011/i0359e/i0359e00.pdf](http://ftp.fao.org/docrep/fao/011/i0359e/i0359e00.pdf) (ostatnia data dostępu: 4 grudnia 2014 r.)

łamania zasad bezpieczeństwa biologicznego i można oczywiście wprowadzić ulepszenia. W gospodarstwie niemieckim i brytyjskim ptaki trzymano w pomieszczeniach z siatkami, aby zapobiec wtargnięciu dzikich ptaków. Te dwa gospodarstwa wprowadziły procedury odkażania pojazdów oraz osób wchodzących do gospodarstwa, a paszę w gospodarstwie trzymano w kontrolowanych warunkach, które uniemożliwiają dostęp dzikich ptaków. Badania w gospodarstwie w Wielkiej Brytanii wskazały, że pracownicy mogą mieć powiązania z innymi gospodarstwami, a gospodarstwo jest częścią większej struktury obejmującej gospodarstwa w innych krajach, w tym powiązania handlowe z Niemiec, Chin i Republiki Korei. Do picia jest używana woda wodociągowa, w przypadku której występuje mniejsze prawdopodobieństwo zanieczyszczenia niż na przykład w wodzie powierzchniowej.

#### 4.4 Możliwe wprowadzenie podczas przemieszczania żywych zwierząt lub produktów pochodzenia zwierzęcego

Zakażony żywy drób lub dzikie ptactwozymane w zamknięciu są potencjalnymi czynnikami ptasiej grypy, a w szczególności wtedy, gdy są w okresie inkubacji HPAI, zostały zakażone wysoce zjadliwą grypą ptaków lub należą do gatunku, który nie wykazuje jawnych objawów klinicznych (np. gatunki kaczek). Kurczęta jednodniowe i jaja wylęgowe są uważane za czynniki niskiego ryzyka, choć zakażenia HPAI nie można całkowicie wykluczyć.

Handel wewnątrzspółnotowy i przywóz z państw trzecich żywego drobiu i jaj wylęgowych powinien pochodzić wyłącznie z zakładów, które spełniają wymagania określone w dyrektywie Rady 2009/158/WE. Dlatego żywy drób i jaja wylęgowe powinny być przywożone z państw trzecich, w których ptasia grypa jest chorobą podlegającą zgłoszeniu oraz kiedy jest on wolny od ptasiej grypy. Ponadto fakt niewystępowania ptasiej grypy należy sprawdzić podczas importowania innych ptaków trzymanyh w zamknięciu.<sup>9,10</sup> W Unii Europejskiej gospodarstwa również muszą być wolne od ptasiej grypy, a drób nie może być przewożony przez obszary zakażenia ptasią grypą, chyba że jest transportowany główną drogą lub koleją. W związku z tym przywóz w okresie wysokiego ryzyka (zanim choroba zostanie potwierdzona i zostaną wprowadzone środki ochronne) i/lub nielegalny przywóz stanowiłoby zagrożenie. Wykrycie egzotycznych ptaków zakażonych H5N1 na belgijskim lotnisku kilka lat temu, a ostatnio na lotnisku w Wiedniu<sup>11</sup> pokazuje, że może istnieć taka droga wprowadzenia wirusa (Van Borm i in., 2005), choć brak danych nie pozwala na oszacowanie ryzyka na podstawie dowodów.

Przywóz świeżego mięsa niesie za sobą ryzyko wprowadzenia ptasiej grypy przez produkty pochodzenia zwierzęcego, szczególnie w przypadku mięsa z kaczki ze względu na fakt, że choroba nie mogła być widoczna przed ubojem.<sup>12</sup> Jaja przeznaczone do spożycia mogą zostać zakażone wirusem HPAI H5N1 we wczesnych stadiach infekcji (chore ptaki zwykle przestają produkować jaja) lub u ptaków bezobjawowych; nie wiadomo, czy taka sytuacja może wystąpić przy infekcji HPAI H5N. Zakłada się, że prawdopodobieństwo ekspozycji drobiu na świeże mięso i jaja ptaków jest niskie i zależy od prawdopodobieństwa wystąpienia nielegalnego karmienia zlewkami oraz od tego, czy zlewki zawierają surowe skrawki lub są wytwarzane z odpadów kuchennych, które zostały poddane wybranej obróbce cieplnej w celu przygotowania żywności (EFSA, 2008; Harder i in., 2009). Ponadto jaja lub produkty mięsne są zwykle poddawane wybranej formie obróbki cieplnej, która powinna inaktywować wirus. Temperatury powyżej 60-65°C powodują całkowitą inaktywację wirusa HPAI A(H5N1) w ciągu maksymalnie pięciu minut, nawet w macierzach bogatych w białko, takich jak mięso i całe jaja (EFSA, 2008). Chociaż nie ma obecnie żadnych danych eksperymentalnych,

<sup>9</sup> „Inne ptaki trzymane w zamknięciu” oznaczają wszelkie ptaki inne niż drób, które są trzymane w zamknięciu z dowolnego powodu, w tym te, które są trzymane w celach pokazów, wyścigów, wystaw, konkursów, hodowli lub sprzedaży.

<sup>10</sup> [http://europa.eu/rapid/press-release\\_IP-07-40\\_en.htm](http://europa.eu/rapid/press-release_IP-07-40_en.htm), data dostępu: 28 listopada 2014 r.

<sup>11</sup> [http://ec.europa.eu/food/committees/regulatory/scfcab/animal\\_health/docs/14062013\\_hpai\\_austria\\_en.pdf](http://ec.europa.eu/food/committees/regulatory/scfcab/animal_health/docs/14062013_hpai_austria_en.pdf); ostatnia data dostępu: 5 grudnia 2014 r.

<sup>12</sup> Żywność zanieczyszczona wirusami grypy nie wydaje się być czynnikiem infekcji u ludzi (EFSA, 2010) doi:10.2903/j.efsa.2010.1629.

przewiduje się, że H5N8 będzie cechowała podobna nietrwałość cieplna. Pierze i puch drobiu, zwłaszcza kaczek i gęsi, jest wykorzystywany jako wypełnienie kołder, poduszek, odzieży termicznej i innych wyrobów tekstylnych. Pióra są usuwane z tusz po uboju lub zbierane od żywych ptaków. Najbardziej prawdopodobną przyczyną zakażenia pióra lub puchu jest zanieczyszczenie zainfekowanymi odchodami lub innymi płynami ustrojowymi (EFSA, 2008). Według obowiązującego rozporządzenia (WE) nr 142/2011 importowane pierze i puch powinny być oczyszczone, aby zapewnić, że nie pozostaje na nich żaden wirus ptasiej grypy. Półprodukty i produkty pochodne pochodzenia zwierzęcego nieprzeznaczone do spożycia przez ludzi (ale używane na przykład jako składnik pasz) zawsze muszą być przetworzone i muszą być importowane z krajów wolnych od ptasiej grypy wyłącznie w sposób opisany w rozporządzeniu (WE) nr 142/2011. Zanieczyszczone opakowania i tace stwarzają znacznie większe ryzyko.

Co więcej, wcześniejsze oceny podkreśliły znaczący nielegalny przywóz produktów drobiowych do UE, które stanowią dodatkowy czynnik ryzyka. Na przykład w Wielkiej Brytanii w 2003 roku doszło do 570 konfiskat w sumie 10198 kg nielegalnie importowanego mięsa drobiowego i innych produktów drobiowych, a te miały stanowić „tylko niewielką część prób nielegalnego importu” (EFSA, 2005). Wymagana jest dalsza analiza obecnej sytuacji, aby oszacować znaczenie tej drogi wprowadzenia HPAI H5N8 do Europy.

W jednym z gospodarstw, w którym wystąpiło zakażenie zwierzęta zostały nabyte z wylęgarni w tym samym kraju (Niemcy) w lipcu i wrześniu 2014 r. W przypadku tego samego gospodarstwa odnotowano, że prawdopodobny był pośredni kontakt z dzikimi ptakami (w pobliżu gospodarstwa zaobserwowano duże stado dzikiego ptactwa).

## WNIOSKI I ZALECENIA

### WNIOSKI

#### Przegląd sytuacji epidemiologicznej w zakresie HPAI podtypu H5N8 na świecie.

- Ogniska HPAI H5N8 w gospodarstwach drobiarskich zgłaszane są w Korei Południowej (od stycznia 2014 r.), Japonii (od marca 2014 r.), Chinach (od maja 2014 r.), w Niemczech (od listopada 2014 r.), Wielkiej Brytanii (od listopada 2014 r.) i Holandii (od listopada 2014 r.).
- Dane terenowe i wstępne zakażenia doświadczalne wskazują, że HPAI H5N8 jest mniej zjadliwa niż HPAI H5N1 u domowego ptactwa wodnego i dzikich ptaków wodnych, z wyjątkiem drobiu grzebiącego, i że kilka gatunków dzikich ptaków może być zainfekowanych HPAI H5N8 niewykazując objawów klinicznych.

#### Analiza epidemiologiczna obecnej sytuacji dotyczącej podtypu H5N8 HPAI w Europie w celu oceny możliwych dróg wprowadzenia, a w szczególności roli odgrywanej przez dzikie ptactwo.

- Wprowadzenie HPAI H5N8 do Europy (jedno lub wiele zdarzeń) i jej późniejsze dalsze rozprzestrzenianie się w Europie to dwa odrębne zdarzenia, które mogą wiązać się z różnymi drogami transmisji.
- Nie są znane żadne bezpośrednie trasy migracji ptaków z Azji Wschodniej do Europy Zachodniej. Chociaż przemieszczenia poszczególnych ptaków nie mogą być całkowicie wykluczone, jest to wysoce nieprawdopodobne.
- Postawiono hipotezę, że przeniesienie wirusów HPAI pomiędzy tak odległymi obszarami mogło wystąpić w wyniku zakażeń krzyżowych między różnymi ptakami na obszarach lęgowych w północnej Eurazji, na których pokrywają się ze sobą różne szlaki

wędrówek populacji dzikich ptaków, jednakże ta hipoteza wymaga dalszych badań.

- HPAI H5N8 wykryto u jednej cyraneczki zwyczajnej (*Anas crecca*) w Niemczech i w dwóch próbkach kału świstuna euroazjatyckiego (*Anas penelope*) w Holandii, co potwierdza obecność wirusa w populacjach dzikiego ptactwa w Europie. Jednakże nie odnotowano oznak zwiększonej śmiertelności lub zachorowalności wśród dzikich ptaków.
- Wiedza o wystąpieniu zakażenia HPAI H5N8 w populacji dzikiego ptactwa jest konieczna, aby lepiej zrozumieć ryzyko przeniesienia wirusa na drób, co ma znaczenie w opracowywaniu strategii zarządzania ryzykiem.
- Badania prowadzone w Holandii w oparciu o pełne sekwencjonowanie (nowej generacji) genomu i analizę drzewa filogenetycznego wskazywały, że w czterech przypadkach miało miejsce odrębne wprowadzenie wirusa na fermę, natomiast w piątym przypadku wirus został przeniesiony między gospodarstwami.
- Ogniska w gospodarstwach na terenie Europy wystąpiły w obiektach korzystających z krytych pomieszczeń dla drobiu; dlatego też bezpośredni kontakt między dzikimi ptakami a ptakami hodowlanymi w gospodarstwach, w których wystąpiło zakażenie był mało prawdopodobny.
- Bardziej prawdopodobne jest to, że doszło do pośredniego wprowadzenia HPAI H5N8 do gospodarstw drobiarskich poprzez ludzi, pojazdy, sprzęty, inne przedmioty, żywe zwierzęta i/lub produkty pochodzenia zwierzęcego skażone wirusem (na przykład poprzez kał) zainfekowanych ptaków.

## ZALECENIA

- W obszarach wysokiego ryzyka zalecana jest ocena procedur bezpieczeństwa biologicznego na poziomie gospodarstwa i obszaru, ze szczególnym uwzględnieniem segregacji, czyszczenia i dezynfekcji, a w razie potrzeby także poprawa tych procedur.
- W związku z niską zjadliwością wirusa HPAI H5N8 obserwowaną w przypadku kilku gatunków dzikich ptaków, odpowiednio ukierunkowane, strategiczne i proporcjonalne wzmocnienie czynnego (ukierunkowanego) i pasywnego (skanowanie) nadzoru w zakresie zarówno żywych jak i martwych dzikich ptaków na obszarach wysokiego ryzyka ułatwiłoby zrozumienie ryzyka przeniesienia wirusa na drób i mogłoby ułatwić opracowywanie ukierunkowanych środków mających na celu zmniejszenie ryzyka przeniesienia wirusa między drobiem a dzikim ptactwem.
- Należy kontynuować ścisłą współpracę pomiędzy krajowymi i europejskimi laboratoriami i instytucjami oceny ryzyka, aby udostępniać dane w oraz przekazywać na bieżąco zaktualizowane analizy dotyczące zmieniającej się sytuacji w Unii Europejskiej.
- Należy kontynuować szczegółowe badania epidemiologiczne gospodarstw europejskich, w których wystąpiło zakażenie i szczegółową ocenę wszystkich dróg przenoszenia wirusów HPAI z Azji Południowo-Wschodniej do UE w celu określenia ryzyka dotarcia HPAI do Europy i europejskich gospodarstw drobiarskich.

## PIŚMIENNICTWO

Brown LH, Urban EK, Newman KB, Woodcock M and Hayman P, 1982. The birds of Africa, volume 1: ostriches and birds of prey. Academic Press, Londyn. str. 552.

Brown JD, Swayne DE, Cooper RJ, Burns RE and Stallknecht, DE, 2007. Persistence of H5 and H7 avian influenza viruses in water. *Avian Diseases* 51, (1), 285-289.

de Marco, MA, Delogu M, Sivay M, Sharshov K, Yurlov A, Cotti C and Shestopalov A, 2014.

- Virological Evaluation of Avian Influenza Virus Persistence in Natural and Anthropogenic Ecosystems of Western Siberia (Novosibirsk Region, Summer 2012). *Plos One* **9** (6).
- del Hoyo J, Elliot A and Sargatal J, 1992. *Handbook of the Birds of the World, vol. 1: Ostrich to Ducks*. Lynx Edicions, Barcelona, Hiszpania, str. 696.
- European Centre for Disease Prevention and Control, 2014. Outbreak of highly pathogenic avian influenza A(H5N8) in Europe. <http://www.ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/H5N8-Europe-rapid-risk-assessment-20-November-2014.pdf> (ostatnia data dostępu 5 grudnia 2014 r.).
- EFSA, 2006. Scientific opinion on migratory birds and their possible role in the spread of highly pathogenic avian influenza. *Dziennik EFSA* **357**, 1-46.
- EFSA, 2008. Scientific opinion on animal health and welfare aspects of avian influenza and the risk of its introduction into the EU poultry holdings. *Dziennik EFSA* **715**, 1-162.
- EFSA, 2010. Statement on food safety considerations of novel H1N1 influenza virus infections in humans. *Dziennik EFSA* **8**(6): str.43.
- Flint V, Boehme R, Kostin YV, Kuznetsov AA, 1984. *A field guide to birds of the USSR*. Princeton University Press, Princeton, New Jersey.
- Gauthier-Clerc M, Lebarbenchon C and Thomas F, 2007. Recent expansion of highly pathogenic avian influenza H5N1: przegląd krytyczny. *Ibis* **149**(2): 202-214.
- Gilbert M and Pfeiffer DU, 2012. Risk factor modelling of the spatio-temporal patterns of highly pathogenic avian influenza (HPAIV) H5N1: przegląd. *Spatial and Spatio-Temporal Epidemiology* **3**(3): 173-183.
- Gilbert M, Xiao, X i in., 2006. Anatidae migration in the western palearctic and spread of highly pathogenic avian influenza H5N1 virus. *Emerging Infectious Diseases* **12**(11): 1650-1656.
- Globig A, Fereidouni S, Harder TC, Grund C, Beer M, Mettenleiter TC and Starick E 2013. Consecutive natural influenza a virus infections in sentinel mallards in the evident absence of subtype-specific hemagglutination inhibiting antibodies. *Transboundary and Emerging Diseases* **60**(5): 395-402.
- Harder T, Teuffert J, Starick J, Gethmann J, Grund C, Fereidouni S, Durban M, Bogner KH, Neubauer-Juric A, Repper R, Hlinak A, Engelhardt A, Nöckler A, Smietanka K, Minta Z, Kramer M, Globig A, Mettenleiter TC, Conraths FJ and Beer M, 2009. Highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) in frozen duck carcasses, Germany, 2007. *Emerging Infectious Diseases* **15**(2): 272-279.
- Hesterberg U, Harris K, Stroud DA, Guberti V, Pittman M, Piazza V, Cook A and Brown IH, 2009. Avian Influenza surveillance in wild birds in the European Union in 2006. *Influenza and Other Respiratory Viruses* **3**: 1-14.
- Ilyicheva T, Sobolev I, Susloparov I, Kurskaya O, Durymanov A, Sharshov K and Shestopalov A, 2013. Monitoring of influenza viruses in Western Siberia in 2008-2012. *Infection Genetics and Evolution* **20**: 177-187.
- Iverson SA, Gavrilov A, Katzner TE, Takekawa JY, Miller TA, Hagemeijer W, Mundkur T, Sivananthaperumal B, DeMattos CC, Ahmed LS and Newman SH, 2011. Migratory movements of waterfowl in Central Asia and avian influenza emergence: sporadic transmission of H5N1 from east to west. *Ibis* **153**(2): 279-292.
- Jeong J, Kang HM, Lee EK, Song BM, Kwon YK, Kim HR, Choi KS, Kim JY, Lee HJ, Moon OK, Jeong W, Choi J, Baek JH, Joo YS, Park YH, Lee HS and Lee YJ, 2014. Highly pathogenic avian influenza virus (H5N8) in domestic poultry and its relationship with migratory birds in South Korea during 2014. *Veterinary Microbiology* **173**(3-4): 249-257.
- Jonges M, Meijer A, Fouchier RA, Koch G, Li J, Pan JC, Chen H, Shu YL and Koopmans MP, 2013. Guiding outbreak management by the use of influenza A(H7Nx) virus sequence analysis.

Eurosurveillance **18**(16): 2-9.

- Kear J, 2005. Ducks, geese and swans volume 2: species accounts (Cairina to Mergus). Oxford University Press, Oxford, U.K., str. 908.
- Keeler SP, Dalton MS, Cressier AM, Berghaus RD and Stallknecht DE. 2014. Abiotic factors affecting the persistence of avian influenza virus in surface waters of waterfowl habitats. *Applied and Environmental Microbiology* **80**(9), 2910-2917.
- Kim Y-I, Pascua PNQ, Kwon HI, Gyo-Jin L, Kim EH, Yoon SW, Park SJ, Kim SM, Choi EJ, Si YJ, Lee OK, Shim WS, Kim SW, Mo IP, Bae Y, Lim YT, Sung MH, Kim CJ, Webby RJ, Webster RG, Choi YK, 2014. Pathobiological features of a novel, highly pathogenic avian influenza H5N8 virus. *Emerging Microbes and Infections* **3**(e75).
- Knight-Jones T, Hauser R, Matthes D and Stärk KD, 2010. Evaluation of effectiveness and efficiency of wild bird surveillance for avian influenza. *Veterinary Research* **41:50** (DOI: 10.1051/vetres/2010023).
- Ku KB, Park EH, Yum J, Kim JA, Oh SK, Seo SH, 2014. Highly Pathogenic Avian Influenza H5N8 Virus from Waterfowl, South Korea, 2014. *Emerging Infectious Diseases* **20**(9): 1587-1588.
- Lee YJ, Kang H-M, Lee EK, Song BM, Jeong J, Kwon YK, Kim HR, Lee KJ, Hong MS, Jang I, Choi KS, Kim JY, Lee HJ, Kang MS, Jeong OM, Baek JH, Joo YS, Park YH and Lee HS, 2014. Novel Reassortant Influenza H5N8 Viruses, South Korea, 2014. *Emerging Infectious Diseases* **20**(6): 1087-1089.
- Liu J, Xiao H, Lei F, Zhu Q, Qin K, Zhang XW, Zhang XL, Zhao D, Wang G, Feng Y, Ma J, Liu W, Wang J and Gao GF, 2005. Highly pathogenic H5N1 influenza virus infection in migratory birds. *Science* **309**(5738): 1206-1206.
- Lu H, Castro AE, Pennick K, Liu J, Yang Q, Dunn P, Weinstock D and Henzler D, 2003. Survival of avian influenza virus H7N2 in SPF chickens and their environments. *Avian Diseases* **47**(3), 1015-1021.
- Madge S and Burn H, 1988. Wildfowl. Christopher Helm, Londyn.
- McClure HE, 1998. Migration and survival of the birds of Asia. White Lotus, Bangkok, str. 483.
- Miyabayashi Y and Mundkur T, 1999. Atlas of Key Sites for Anatidae in the East Asian Flyway. Wetlands International, Japan, Tokyo, and Wetlands International, Asia Pacific, Kuala Lumpur.
- Olsen B, Munster VJ, Wallensten A, Waldenstrom J, Osterhaus A and Fouchier RAM, 2006. Global patterns of influenza A virus in wild birds. *Science* **312**(5772): 384-388.
- Scott D and Rose P, 1996. Atlas of Anatidae populations in Africa and western Eurasia. Wetlands International, Wageningen, Holandia.
- Shestopalov AM, Durimanov AG, Evseenko VA, Ternovoi VA, Rassadkin YN, Razumova YV, Zaykovskaya AV, Zolotykh SI and Netesov SV, 2006. H5N1 influenza virus, domestic birds, western Siberia, Russia. *Emerging Infectious Diseases* **12**(7): 1167-1169.
- Shoham D, Jahangir A, Ruenphet S and Takehara K, 2012. Persistence of avian influenza viruses in various artificially frozen environmental water types. *Influenza Research and Treatment* **2012**: 912326-912326.
- Si Y, Skidmore AK, Wang T, de Boer WF, Debba P, Toxopeus AG, Li L and Prins HHT, 2009. Spatio-temporal dynamics of global H5N1 outbreaks match bird migration patterns. *Geospatial Health* **4**(1): 65-78.
- Snow D. and Perrins C, 1998. The Birds of the Western Palearctic vol. 1. Non-Passerines. Oxford University Press, Oxford.
- Songserm T, Sae-Heng N, Jam-on R, Witoonsatiant K, Meemak N, 2005. Clinical, grosshistopathologic and immunohistochemical finding of grazing ducks affected with HPAI H5N1 in Thailand [abstract 74]. In: Abstracts of the Office International des Epizooties/Food and

- Agricultural Organization International Conference on Avian Influenza, Paryż, 7-8 kwietnia 2005 r.
- Sonnberg S, Webby RJ and Webster RG, 2013. Natural history of highly pathogenic avian influenza H5N1. *Virus Research* **178**(1): 63-77.
- Straw PJ, Gosbell KB and Minton CDT, 2006. Shorebird research in the East Asian-Australasian Flyway: looking to the future. *Waterbirds around the world*. Eds. Boere GC, Galbraith CA and Stroud DA. The Stationery Office, Edynburg, UK. str. 328-331. Dostępne na stronie: [http://jncc.defra.gov.uk/PDF/pub07\\_waterbirds\\_part3.6.5.pdf](http://jncc.defra.gov.uk/PDF/pub07_waterbirds_part3.6.5.pdf).
- Taylor B, 1998. *Rails: a guide to the rails, crakes, gallinules and coots of the world*. Pica Press, Robertsbridge, UK.
- Urban E, Fry C, and Keith S, 1986. *The birds of Africa, volume II*. Academic Press, Londyn.
- van Borm S, Thomas I, Hanquet G, Lambrecht B, Boschmans M, Dupont G, Decaestecker M, Snacken R and van den Berg T, 2005. Highly pathogenic H5N1 influenza virus in smuggled Thai eagles, Belgium. *Emerging Infectious Diseases* **11**(5): 702-705.
- Veen J, Brouwer J, Atkinson P, Bilgin C, Blew J, Eksioglu S, Hoffmann M, Nardelli R, Spina F, Tendi C and Delany S, 2007. Ornithological data relevant to the spread of avian influenza in Europe (phase 2). *Wetlands International*, 1-60. <http://www.bto.org/ai/pdfs/finalreportaieuphase2.pdf> (ostatnia data dostępu 5 grudnia 2014 r.)
- Wu H, Peng X, Xu L, Jin C, Cheng L, Lu X, Xie T, Yao H and Wu N, 2014. Novel Reassortant Influenza H5N8 Viruses in Domestic Ducks, Eastern China. *Emerging Infectious Diseases* **20**(8): 1315-1318.
- Zhao K, Gu M, Zhong L, Duan Z, Zhang Y, Zhu Y, Zhao M, Chen Z, Hu S, Liu W, Liu X, Peng D and Liu X, 2013. Characterization of three H5N5 and one H5N8 highly pathogenic avian influenza viruses in China. *Veterinary Microbiology* **163**(3-4): 351-357.

## ZALĄCZNIK

### ZALĄCZNIK A

Tabela 4: Potwierdzone przypadki H5N8 u dzikich ptaków

Gatunek <sup>13</sup>	Nazwy zwyczajowe	Rodzina	Wielkość zasięgu (roród/ rodzime) <sup>14</sup>	Zasięg występowania	Status w UK, DE, NL	Całkowicie migrujący	Miejsce	Data
<i>Anas formosa Georgi, 1775</i>	Bajkałówka, cyraneczka bajkalska, cyranka bajkalska	Kaczkowate	2.350.000 km <sup>2</sup>	Rozmnaża się we wschodniej Syberii, Rosji i występuje w części Mongolii i Korei Północnej. Zimuje głównie w Japonii, Korei Południowej, w której występuje obecnie większość populacji zimującej, oraz Chinach kontynentalnych, a sporadycznie gości zimą w Tajwanie (Chiny) i Hong Kongu (Chiny).	Rzadko przelotny	T	Korea Południowa, Jeonbuk, (zbiornik Tongnim)  Korea Południowa; Chungam	17-23/01/2014  22-23/01/2014
<i>Anser fabalis Latham, 1787</i>	Gęś zbożowa, posiewnica	Kaczkowate	3.990.000 km <sup>2</sup>	Gatunek ten występuje na bardzo dużym obszarze. Szeroko rozpowszechniony w Europie. Gatunek silnie migrujący, przemieszcza się między terenami łągowymi w Arktyce na zimowiska w strefach umiarkowanych i podzwrotnikowych (del Hoyo i in. 1992).	Rodzimy	T	Korea Południowa, Seoul, miasto Gwacheon Korea Południowa, Jeonbuk, (zbiornik Tongnim) Korea Południowa, Gyeonggi	11/02/2014 19/01/2014-01/02/2014 01/02/2014
<i>Anser albifrons (Scopoli, 1769)</i>	Gęś białoczelna, gęś białoczółka	Kaczkowate	1.590.000 km <sup>2</sup>	Gatunek ten występuje na bardzo dużym obszarze. Gatunek całkowicie wędrowny (del Hoyo i in. 1992), przemieszcza się etapami przez różne punkty postoju pomiędzy poszczególnymi miejscami rozrodu i zimowiskami (Madge i Burn 1988).	Rodzimy	T	Korea Południowa Gyeonggi	28/01/2014
<i>Anas platyrhynchos Linnaeus, 1758</i>	Krzyżówka, kaczka krzyżówka	Kaczkowate	22.500.000 km <sup>2</sup>	Gatunek ten występuje na bardzo dużym obszarze. Szeroko rozpowszechniony w Europie. W regionach z klimatem umiarkowanym populacje łągowe tego gatunku prowadzą osiadły tryb życia lub są rozproszone, często przemieszczają się lokalnie podczas trudnych warunków pogodowych (Scott i Rose 1996). Pozostałe populacje są w pełni migracyjne, a samice i młode opuszczają miejsca łągowe w zachodniej Palearktyce od września i wracają już w lutym (Kear 2005)	Rodzimy	T	Korea Południowa, Jeonnam Chiny, Shanghai Shi, Miasto Szanghaj Korea Południowa, Chollabuk-do Korea Południowa, Chungcheongbuk-do	27-29/01/2014 01/12/2013 01/12/2013 luty 2014
<i>Ardea alba Linnaeus, 1758</i>	Czapla biała	Czaplowate	57.200.000 km <sup>2</sup>	Gatunek ten występuje na bardzo dużym obszarze. Wszystkie populacje tego gatunku podlegają porzodowym	UK: przelotny, DE	T	Korea Południowa, Chollabuk-do, Jeonju	10/03/2014

<sup>13</sup> EU-NOMEN <http://www.eu-nomen.eu/portal/>

<sup>14</sup> Bird Life International <http://www.birdlife.org/datazone/species/search>



Gatunek	Nazwy zwyczajowe	Rodzina	Wielkość zasięgu (rozród/ rodzime) <sup>14</sup>	Zasięg występowania	Status w UK, DE, NL	Całkowicie migrujący	Lokalizacja	Data
				przemieszczeniom dyspersyjnym (del Hoyo i in. 1992). Populacje lęgowe w tropikach prowadzą osiadły tryb życia (del Hoyo i in. 1992) lub częściowo migracyjny (w związku z opadami) (Brown i in. 1982), natomiast populacje palearktyczne i nearktyczne są wędrowne (Flint i in. 1984, del Hoyo i in. 1992).	i NL: rodzimy		miasto	
<i>Fulica atra</i> <i>Linnaeus, 1758</i>	Łyska zwyczajna, łyska	Chruściele	22,300,000 km <sup>2</sup>	Gatunek ten występuje na bardzo dużym obszarze. Szeroko rozpowszechniony w Europie. Większość populacji zamieszkałych jest w regionach o klimacie ciepłym i umiarkowanych, często wykonują koczownicze przemieszczenia dyspersyjne w zależności od zmieniających się poziomów wody i opadów sezonowych. Populacje w północnej Eurazji są jednak w pełni wędrowne, migrują na szerokiej przestrzeni przez Europę kontynentalną i całą Saharę. Przemieszczenia na południe występują od połowy sierpnia do listopada, powrót następuje od późnego lutego do maja (Taylor i van Perlo 1998, del Hoyo i in. 1996, Urban i in. 1986).	Rodzimy	T	Korea Południowa, Jeonbuk, (zbiornik Tongnim)	22/01/2014
<i>Anas crecca</i> <i>Linnaeus, 1758</i>	Cyraneczka zwyczajna, cyraneczka	Kaczkowate	26.400.000 km <sup>2</sup>	Gatunek ten występuje na bardzo dużym obszarze. Jego północne populacje gatunku są wysoce migracyjne (Madge i Burn 1988), a populacje w regionach o klimacie bardziej umiarkowanym prowadzą osiadły tryb życia (del Hoyo i in. 1992) lub są lokalnie rozproszone (Scott i Rose 1996). Gatunek rozmnaża się od maja (Madge i Burn 1988) w pojedynczych parach lub luźnych grupach (del Hoyo i in. 1992). Po pierzeniu porozrodowym wędrowne populacje gatunku migrują na południe, szczyt jesiennej migracji przypada na przełom października i listopada (Scott i Rose 1996). Powraca na tereny lęgowe od końca lutego (szczyt marzec/kwiecień) (Scott i Rose 1996). Poza sezonem lęgowym gatunek tworzy duże skupiska w dużych stadach ok. 30-40, a czasem setek sztuk gromadzących się w zimowych miejscach gnieźdzenia się (Brown i in. 1982, Madge i Burn 1988).	Rodzimy	T	Niemcy, Meklemburgia, Pomorze Zachodnie, wyspa Rugia  Korea Południowa; Chungam	17/11/2014  08/02/2014
<i>Aythya ferina</i> ( <i>Linnaeus</i> 1758)	Głowienka zwyczajna, głowienka, kaczka rdzawogłowa, kaczka czerwonoszyja, kaczka kasztanowata	Kaczkowate	11.900.000 km <sup>2</sup>	Gatunek ten występuje na bardzo dużym obszarze. Jego północne populacje są wysoce wędrowne (Scott i Rose 1996, Snow	Rodzimy	T	Japonia, region Koto, Tokio	13/11/2014

Gatunek	Nazwy zwyczajowe	Rodzina	Wielkość zasięgu (rozmród/ rodzime) <sup>14</sup>	Zasięg występowania	Status w UK, DE, NL	Całkowicie migrujący	Lokalizacja	Data
				i Perrins 1998), a populacje rozmnażające się w Europie Zachodniej i Południowej o łagodniejszym klimacie (Snow i Perrins 1998) prowadzą osiadły tryb życia (del Hoyo i in. 1992, Scott i Rose 1996, Snow i Perrins 1998) lub przemieszczają się tylko na małych dystansach (del Hoyo i in. 1992, Scott i Rose 1996, Snow i Perrins 1998) w przypadku trudnych warunków pogodowych (Scott i Rose 1996).				
<i>Anas Penelope Linnaeus</i>	Świstun zwyczajny, świstun	Kaczkowate	Nie znaleziono informacji	Nie znaleziono informacji	Rodzimy	Nie znaleziono informacji	Holandia, Zuid Holland, Kamerik	01/12/2014
<i>Cygnus columbianus</i>	Łabędź czarnodzioby	Kaczkowate	3.630.000 km <sup>2</sup>	Gatunek ten występuje na bardzo dużym obszarze. Gatunek ten jest całkowicie wędrowny i podróżuje na wąskim pasie na określonych trasach, korzystając z dobrze znanych miejsc postoju (Madge i Burn 1988) pomiędzy arktycznymi miejscami rozrodu a zimowiskami o umiarkowanym klimacie (del Hoyo i in. 1992).	Rodzimy	T	Japonia, Simane, Yasugisi  Korea Południowa, Jeonbuk	03/11/2014  06/02/2014
<i>Anas zonorhyncha</i>	Kaczka chińska	Kaczkowate	Nie znaleziono informacji	Rozmnaża się w Azji PW, zimuje na południu Chin, Tajwanie i na Filipinach ( <a href="http://avibase.bsc-eoc.org/avibase.jsp">http://avibase.bsc-eoc.org/avibase.jsp</a> ; data dostępu 04/12/2014)	Nie znaleziono informacji	Nie znaleziono informacji	Korea Południowa; Chungam	08/02/2014
Nie dotyczy	Niezidentyfikowana dzika kaczka	Nie dotyczy	Nie dotyczy	Nie dotyczy	Nie dotyczy	Nie dotyczy	Japonia, Tottori, miasto Tottori  Japonia, Simane, miasto Nagara	18/11/2014  18/11/2014
Nie dotyczy	Niezidentyfikowana dzika gęś	Nie dotyczy	Nie dotyczy	Nie dotyczy	Nie dotyczy	Nie dotyczy	Korea Południowa, Chollabuk-do, Gochang-gun Donglim	17/01/2014
Nie dotyczy	Niezidentyfikowane ptactwo wodne	Nie dotyczy	Nie dotyczy	Nie dotyczy	Nie dotyczy	Nie dotyczy	Korea Południowa, Jeollabuk-do	luty 2014

## GLOSSARIUSZ I SKRÓTY

### GLOSARIUSZ

Ptasia grypa	Infekcja drobiu lub innych utrzymywanych ptaków wywołana przez dowolny wirus grypy typu A: (a) podtypów H5 i H7; lub (b) ze wskaźnikiem dożylniej zjadliwości u sześciotygodniowych kurcząt wyższym niż 1,2.
Bezpieczeństwo biologiczne	Wdrożenie praktyk, które tworzą bariery w celu zmniejszenia ryzyka wprowadzenia i rozprzestrzeniania się czynników chorobotwórczych.
Ptak w zamknięciu	Wszelkie ptaki inne niż drób, które są trzymane w zamknięciu z powodów innych niż ma to miejsce w przypadku ptaków, które są trzymane w celu produkcji mięsa, jaj, innych produktów lub programów hodowlanych, ale także te, które są trzymane dla celów pokazów, wyścigów, wystaw, konkursów, hodowli lub na sprzedaż.
Wysoce zjadliwa grypa ptaków	Infekcja drobiu lub innych trzymanych w zamknięciu ptaków wywołana przez: (a) wirusy grypy ptaków podtypów H5 i H7, z sekwencjami genomu kodującymi liczne aminokwasy podstawowe w miejscu cięcia cząsteczki hemaglutyniny podobne do tych obserwowanych w przypadku innych wirusów HPAI, wskazując, że cząsteczka hemaglutyniny może być cięta przez większość proteaz gospodarza; lub (b) wirusy grypy ptaków z indeksem dożylniej zjadliwości u sześciotygodniowych kurcząt wyższym niż 1,2.
Gospodarstwo	Obiekt rolniczy lub inny, w tym wylęgarnie, cyrki, ogrody zoologiczne, sklepy zoologiczne z ptakami, rynki ptaków oraz woliery, gdzie drób lub inne trzymane w zamknięciu ptaki są hodowane lub trzymane. Jednak definicja ta nie obejmuje ubojni, środków transportu, obiektów kwarantanny i ośrodków, punktów kontroli granicznej i laboratoriów upoważnionych przez właściwy organ do przechowywania wirusa grypy ptaków.
Nisko zjadliwa grypa ptaków	Infekcja drobiu lub innych utrzymywanych ptaków wywołana wirusami grypy ptaków podtypów H5 lub H7, które nie mieszczą się w definicji wysoce zjadliwej grypy ptaków.
Inne ptaki trzymane w zamknięciu	Wszelkie ptaki inne niż drób, które są trzymane w zamknięciu z dowolnego powodu, w tym te, które są trzymane w celach pokazów, wyścigów, wystaw, konkursów, hodowli lub sprzedaży.
Drób	Wszystkie ptaki, które są hodowane lub trzymane w zamknięciu w celu produkcji mięsa lub jaj do konsumpcji, produkcji innych produktów, odnowy populacji ptaków łownych lub dla celów rozplodowych do produkcji tych kategorii ptaków.
Ptak dziki	Ptak żyjący na wolności, który nie jest trzymany w żadnym gospodarstwie.

### SKRÓTY

AI	Ptasia grypa
dpi	Dni po zakażeniu
UE	Unia Europejska
HA	Hemaglutynina
HPD	Najwyższa gęstość a posteriori
HPAI	Wysoce zjadliwa grypa ptaków
LPAI	Nisko zjadliwa grypa ptaków