

Szacuje się, że każdego roku, sezonowe epidemie wirusa grypy są przyczyną od 2 do 5 milionów zachorowań oraz od 250 000 do 500 000 przypadków śmiertelnych na całym świecie. Pojawienie się w roku 2009 nowego szczepu wirusa grypy typu A zapoczątkowało trwającą ponad dwa lata pandemię, która tylko w pierwszym roku była powodem ponad 60 milionów zachorowań w samych Stanach Zjednoczonych Ameryki. Powyższe liczby świadczą o tym jak poważnym zagrożeniem dla zdrowia publicznego są nowo pojawiające się szczepy wirusa grypy typu A.

Potencjalnym źródłem nowych niebezpiecznych szczepów wirusa grypy typu A może być wymiana segmentów genetycznych w czasie koinfekcji jednego organizmu szczepami pochodzącymi od różnych gospodarzy, która może prowadzić do przełamania barier gatunkowych i adaptacji wirusa do nowego gospodarza. Wiele specjalistycznych publikacji, instrukcji oraz dyrektyw wydawanych od 2009 roku przez Światową Organizację Zdrowia, WHO (ang. *World Health Organization*), Organizację Narodów Zjednoczonych do spraw Wyżywienia i Rolnictwa, FAO (ang. *Food and Agriculture Organisation*) czy Światową Organizację Zdrowia Zwierząt, OIE (ang. *World Organisation for Animal Health*), opisuje ważkość problemu mieszanych zakażeń pomiędzy ludźmi i zwierzętami. Wymienione organizacje zalecają różne procedury postępowania w celu minimalizacji mieszania się odmiennych szczepów wirusa i wyraźnie stwierdzają, że zaadaptowanie się ludzkich wirusów wśród populacji zwierząt hodowlanych stwarzać będzie potencjał do reasortacji z innymi wirusami pochodzenia świńskiego lub ptasiego i powstania nowego bardziej wirulentnego szczepu. Według koncepcji "One Health", stanowiącej obecnie podstawę współpracy pomiędzy Centrum Zwalczenia i Zapobiegania Chorobom, CDC (ang. *Centers for Disease Control and Prevention*), WHO, FAO i OIE, zdrowie ludzi połączone jest ze zdrowiem zwierząt i środowiska. Należy kłaść duży nacisk na monitoring, diagnostykę i nadzór zakażeń wirusem grypy nie tylko wśród ludzi, ale i zwierząt hodowlanych pozostających w naszym najbliższym sąsiedztwie. Pozwoli to dysponować danymi i oceniać potencjalne zagrożenie, które może spowodować pojawienie się niebezpiecznego ludzkiego i/lub zwierzęcego szczepu wirusa.

Niniejszy projekt ma na celu zbadanie zróżnicowania genetycznego szczepów wirusa grypy typu A obecnych wśród pogłowia trzody chlewnej oraz ptactwa hodowlanego na terenie Polski. Pozwoli to zdobyć wiedzę na temat sytuacji epidemiologicznej w jakiej obecnie się znajdujemy, będąc częścią wspólnego ekosystemu, w którym poszczególne gatunki wrażliwe na zakażenie tym samym typem wirusa, pozostają w bliskim kontakcie.

Z pomocą Państwowego Instytutu Weterynaryjnego pobrane zostaną próbki od zwierząt hodowlanych z terenu całej Polski zarówno od zwierząt chorych jak i zwierząt niewykazujących symptomów choroby. Obecność wirusa grypy typu A w izolatach potwierdzona zostanie standardowymi metodami diagnostycznymi. Następnie używając metod sekwencjonowania nowej generacji - NGS (ang. *Next Generation Sequencing*) poznamy całkowitą sekwencję genomu wszystkich szczepów wirusa grypy obecnych w badanych próbkach, co pozwoli nam dokonać oceny zróżnicowania genetycznego. Uzyskane dane umożliwią nam oszacować jakie ryzyko dla zdrowia publicznego stanowią szczepy wirusa grypy typu A obecnie krążące wśród zwierząt hodowlanych w Polsce. Pozwoli to na przygotowanie i odpowiednio wczesne wprowadzenie odpowiednich zaleceń dotyczących hodowli i kontaktu ze zwierzętami, jeżeli oczywiście potwierdzone zostanie wysokie ryzyko reasortacji i powstania nowych wariantów wirusa. Jeżeli natomiast badania nie wykażą takiego ryzyka, będziemy świadomi sytuacji epidemiologicznej panującej w kraju i wyposażeni w procedury i narzędzia potrzebne do utrzymania takiego stanu wiedzy.