

## **Ocena patogenności wirusa wysoce zjadliwej grypy ptaków podtypu H5N8 dla kaczek krzyżówek i mew srebrzystych - wpływ homo- i heterologicznej odpowiedzi immunologicznej na przebieg kliniczny, dynamikę replikacji oraz zmienność genetyczną wirusa.**

Wirusy grypy to jedne z najbardziej zmiennych zarazków występujących w przyrodzie. Z uwagi na nieprzewidywalne efekty tej zmienności, pojawiające się cyklicznie u ludzi i zwierząt nowe odmiany wirusa budzą uzasadniony niepokój. Jednym z nowych wariantów wirusa grypy jest wirus oznaczany symbolem H5N8, który wywołał dużą epidemię u dzikich ptaków i drobiu w Europie (w tym w Polsce) w 2016/2017 roku. Powstał on w procesie zwanym „reasortacją” i polegającym na „wymieszaniu się” elementów genomu pomiędzy wirusami grypy o różnym pochodzeniu. W omawianym przypadku był to wysoce patogeny wirus H5N1 oraz nisko patogenne wirusy pochodzące od dzikich ptaków. Powstały w ten sposób wariant jest swoistą „hybrydą” niekorzystnych cech: z jednej strony jest dobrze przystosowany do niektórych gatunków dzikich ptaków, u których nie wywołuje objawów chorobowych, a z drugiej strony zachował wysoką zjadliwość dla drobiu.

Jak do tej pory nie udało się zidentyfikować które gatunki ptaków mogą pełnić rolę bezobjawowych przenosieli wirusa H5N8, chociaż na jednym z pierwszych miejsc plasuje się kaczka krzyżówka, której wysoką oporność na zakażenie wykazano w doświadczeniach z użyciem wirusa H5N1. Z kolei obserwacje terenowe wskazują, że mewa srebrzysta jest gatunkiem wrażliwym na zakażenie, chociaż z drugiej strony była też jedynym klinicznie zdrowym ptakiem, u którego wykryto w Polsce wirus H5N8 (w pozostałych przypadkach były to ptaki padłe). Wydaje się więc bardzo prawdopodobne, że wrażliwość na zakażenie jest zależna nie tylko od gatunku, ale również od przebytych wcześniej bezobjawowych zakażeń wirusami o niskiej zjadliwości. Niewykluczone, że uprzedni kontakt z wirusem, szczególnie z tej samej grupy tzw. antygenowej (np. nisko zjadliwy wirus podtypu H5), może znacznie łagodzić przebieg zakażenia u osobników, które – gdyby były w pełni wrażliwe – prawdopodobnie nie przeżyłyby infekcji. Brak jest również odpowiedzi na pytanie, czy kontakt z najpowszechniej występującymi u wspomnianych ptaków wirusami: H3N8 (krzyżówki) i H13N6 (mewy) łagodzi przebieg zakażenia. Kolejnym słabo zbadanym obszarem jest wpływ uprzednio przebytych zakażeń na selekcję nowych wariantów wirusa. Wiemy, że takie zjawisko występuje u ludzi i zwierząt w obliczu tzw. „presji immunologicznej” związanej ze stosowaniem szczepień. Nie wiadomo jednak, czy- i na ile przebyte zakażenia naturalne u dzikich ptaków również wpływają na ten proces.

Celem proponowanego projektu jest ocena patogenności nowego wirusa H5N8 dla kaczek krzyżówek i mew srebrzystych, zarówno osobników w pełni wrażliwych jak i po uprzednim kontakcie z wirusami o niskiej zjadliwości. Badany będzie przebieg kliniczny, czas utrzymywania się bezobjawowego siewstwa wirusa, a także które narządy są w największym stopniu celem ataku wirusa. Ocenie zostanie również poddany wirus wydalany przez zakażone ptaki, a zastosowanie nowoczesnej metody głębokiego sekwencjonowania pozwoli prześledzić proces tworzenia nowych wariantów.

Podjęte badania pozwolą lepiej zrozumieć rolę dzikich ptaków w rozprzestrzenianiu wirusa grypy H5N8, który na przełomie 2016/2017 roku spowodował w produkcji drobiarskiej w Europie straty ekonomiczne na niespotykaną dotąd skalę. Ich wyniki posłużą do bardziej ukierunkowanego monitorowania zakażeń tym wirusem w populacji ptaków dzikich, pozwolą bardziej precyzyjnie prognozować związane z nim zagrożenie oraz lepiej organizować działania prewencyjne w odniesieniu do drobiu.