

Jsmo ohroženi ptačím virem A/H5N8?

Are we at risk of avian influenza A/H5N8 virus?

Martina Havlíčková

Vysoce patogenní kmeny ptačí chřipky jsou dlouhodobě důvodem citelných ekonomických ztrát v drůbežářském průmyslu a představují i nezanedbatelnou hrozbu pro člověka.

Termín „vysoce patogenní“ je označení především veterinární a vysoká patogenita se v tomto případě týká onemocnění a projevu onemocnění u ptáků – především u drůbeže. Vysoce patogenní kmeny ptačích virů chřipky jsou charakterizovány štěpným proteolytickým místem v molekule hemaglutininu. Typicky je hemaglutinin ptačího viru chřipky štěpen proteázami tkáňově vázanými na urogenitální a respirační trakt, a tyto viry pak vyvolávají lokální infekce ve zmíněných tkáních – obecně je označujeme jako nízkopatogenní formy. Při nahromadění bazických aminokyselin (pozvolným mutačním procesem ve štěpném místě hemaglutininu) dochází k tomu, že hemaglutinin může být štěpen proteázami společnými pro většinu tkání. V tomto případě pak dochází u ptáků k systémovým infekcím, tedy mnohem závažnějším stavům vedoucím k rychlému úhynu. S klinickými projevy v případě nákazy člověka tato vlastnost viru naprosto nesouvisí.

Od roku 2003 se virus subtypu H5N1 (hemaglutinin tohoto kmene pochází z vysoce patogenního viru izolovaného z husy A/goose/Guangdong/1/96) stal endemickým v několika státech (Bangladéš, Čína, Egypt, Indie, Indonésie a Vietnam). Obecněji – kombinace hemaglutininu H5 s různými neuraminidázami včetně neuraminidázy N8 nepředstavuje nový problém – níže patogenní formy viru H5 běžně cirkulují v populaci divokého ptactva, což plyne z permanentní evoluce ptačích kmenů podmíněné velkou genetickou diverzitou a stále probíhajícím reassortmentem [1] Virus H5N8 byl např diagnostikován již v roce 1983 v Irsku, recentně pak v Jižní Koreji, Japonsku a v Číně. Byly podchyceny i kombinace H5N9 (infekce krocanů v Ontáriu v roce 1966), H5N2 (infekce kuřat a krocanů v Pensylvánii v USA 1983–1985, virus vyskytl se i v Číně) a rovněž byla popsána kombinace H5N5 (rovněž Čína).

Kmeny H5N8 a H5N5 izolované v Číně měly hemaglutinin derivován pravděpodobně z asijské linie H5N1 (tyto viry byly na kontinentální Číně izolovány od drůbeže především v období 2009–2010). Geny PB1, NP a NA pak měly původ v blíže nespecifikovaném non-H5N1 kmeni. Podstatným nálezem však byla rezistence vůči inhibitorům neuraminidázy u všech 4 testovaných kmenů [2].

V lednu 2014 byl virus H5N8 diagnostikován v kachen farmách Jižní Koreji v provincii Jeollabuk-Du. Ve stejné lokalitě bylo nalezeno přes 100 uhynulých kusů čírky sibiřské (*Sibirionetta formosa*). Z orgánů dvou uhynulých kachen a jedné čírky byly izolovány 3 viry subtypu H5N8. Mezi jedním izolátem z kachny a izolátem z čírky byla více jak 99% shoda – lze tedy předpokládat společný zdroj. Ačkoli šetření a analýzy nejsou dosud ukončeny, genetické zkoušky naznačují, že původ tohoto viru je v oblasti jihovýchodní Číny. Nicméně, v únoru 2014 bylo sebráno 200 fekálních vzorků od vodního ptactva v provincii Chungnam (Jižní Korea), která s provincií Jeollabuk-Du sousedí. Vzorky byly použity pro izolační pokus na kuřecích embryích. Byl získán 1 izolát označený A/waterfowl/Korea/S005/2014. Všech 8 genů tohoto kmene vykazovalo vysokou shodu s kmene izolovaným z infikované kachny A/duck/Korea/Buan2/2014 [1,3]. Vysoká podobnost těchto dvou kmenů je velmi pozoruhodná. Autoři citovaných článků článku [1,3] vyjadřují domněnku, že někteří vodní ptáci byli virem exponováni na zasažených farmách. Většina genů obou testovaných virů vyazuje vysokou podobnost s izoláty z Číny. Pouze u hemaglutininu byla shledána 97% shoda, na rozdíl od více jak 99% u ostatních genů. Protože Čína nezaznamenala žádné infikované drůbeží chovy, lze předpokládat, k reassortmentu generujícím tento hemaglutinin došlo přímo na zasažených farmách v Koreji.

Virus H5N8 nebyl dosud izolován od nemocného člověka, v tuto chvíli představuje situace především veterinární problém. Z tohoto hlediska je ohrožení v ČR zcela mizivé. Jelikož se v Německu jedná o naprosto recentní ohnisko, nejsou zatím známy žádné epizootologické souvislosti ani genetický charakter tohoto nového viru H5N8.

LITERATURA

1. Lee Youn-Jeong et al: Novel Reassortant Influenza A (H5N8) Viruses, South Korea. *Emerging Infectious Diseases*. 2014; 20 (6): 1087-2089
2. Zhao K et al: Characterization of three H5N5 and one H5N8 highly pathogenic avian influenza viruses in China. *Vet Microbiol*. 2013; 163(3-4): 351-7
3. Keun Bon Ku et al: Highly Pathogenic Avian Influenza A/H5N8 Virus from Water flow South Korea. *Emerging Infectious Diseases*. 2014; 20(9) 1587-1588

*Martina Havlíčková
NRL pro chřipku a nechřipkovou
virovou respirační onemocnění*