

**НАЦІОНАЛЬНА АКАДЕМІЯ АГРАРНИХ НАУК УКРАЇНИ
НАЦІОНАЛЬНИЙ НАУКОВИЙ ЦЕНТР
«ІНСТИТУТ ЕКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЇ І КЛІНІЧНОЇ
ВЕТЕРИНАРНОЇ МЕДИЦИНИ»**

Кваліфікаційна наукова
праця на правах рукопису

ПОПОВА АНАСТАСІЯ ОЛЕГІВНА

УДК 619:616.98-036.22:578.832.1А:578.833.28:598.28/.29(477)

ДИСЕРТАЦІЯ

**ЦИРКУЛЯЦІЯ ВІРУСУ ГРИПУ А ТА ВІРУСУ
ЛИХОМАНКИ ЗАХІДНОГО НІЛУ СЕРЕД ПТАХІВ РЯДУ
ГОРОБЦЕПОДІБНІ (PASSERIFORMES) В УКРАЇНІ,
ЕПІЗООТОЛОГІЧНЕ ТА ЕПІДЕМІОЛОГІЧНЕ ЗНАЧЕННЯ**

21 — Ветеринарна медицина

211 — Ветеринарна медицина

Подається на здобуття освітньо-наукового ступеня доктора філософії

Дисертація містить результати власних досліджень. Використання ідей, результатів і текстів інших авторів мають посилання на відповідне джерело

_____ А. О. Попова

Науковий керівник: **Музика Денис Васильович**,
доктор ветеринарних наук,
старший науковий співробітник

Харків — 2025

АНОТАЦІЯ

Попова А. О. Циркуляція вірусу грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу серед птахів ряду Горобцеподібні (Passeriformes) в Україні, епізоотологічне та епідеміологічне значення. — Кваліфікаційна наукова праця на правах рукопису.

Дисертація на здобуття наукового ступеня доктора філософії за спеціальністю 211 — Ветеринарна медицина. — Національний науковий центр «Інститут експериментальної і клінічної ветеринарної медицини». Харків, 2025.

Дисертаційна робота виконувалась в період 2021–2025 рр. у відділі хвороб птиці та молекулярної діагностики Національного наукового центру «Інститут експериментальної та клінічної ветеринарної медицини», відповідно до завдання «Розроблення сучасної системи моніторингу, прогнозування, специфічної профілактики та контролю вірус-бактеріальних асоціацій у сільськогосподарської птиці в рамках концепції «Єдиного здоров'я» у зв'язку зі світовою глобалізацією та змінами клімату» (номер державної реєстрації 0121U108373) та «Розроблення сучасної системи прогнозування та контролю зоонозних особливо небезпечних та економічно-значущих вірусних і бактеріальних захворювань сільськогосподарської та дикої птиці в умовах ризиків погіршення епізоотичної ситуації за військової агресії РФ в Україні» (номер державної реєстрації 0124U000477). Також частково дослідження виконувалися в рамках проєкту Національного фонду досліджень України № 2021.01/0006 «Вивчення циркуляції зоонотичних вірусів грипу А в природному резервуарі, оцінка їх епідемічних ризиків та небезпеки для здоров'я людини в Україні» за конкурсом «Наука для безпеки і сталого розвитку України».

У дисертації вирішено комплекс науково-практичних завдань, які стосуються вивчення природної циркуляції вірусу грипу А та вірусу

лихоманки Західного Нілу серед диких птахів ряду Горобцеподібні, встановлення їх ролі у підтриманні циркуляції на фоні погіршення епізоотичної ситуації у світі щодо цих захворювань, прогнозування нової пандемії, а також вивчення потенційних епідеміологічних та епізоотологічних ризиків, які можуть представляти ці птахи для системи охорони здоров'я людини та ветеринарної медицини.

Наукова новизна одержаних результатів. Вперше в Україні проведено комплексний епізоотологічний моніторинг 54 видів диких птахів ряду Горобцеподібні під час осінньої, весняної міграцій, періоду гніздування, а також зимівлі щодо циркуляції у них вірусу грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу в 6 регіонах України (Харківській, Полтавській, Київській, Одеській, Хмельницькій, Львівській областях). За результатами серологічних, молекулярно-генетичних та вірусологічних досліджень встановлено циркуляцію вірусу грипу А серед деяких видів Горобцеподібних в Україні. Вперше в Україні та світі ізольовано вірус грипу А від чикотнів *Turdus pilaris* з антигенною формулою H7N1. Отримані в Україні результати дослідження є цінними науковими даними та доводять розширення спектру видів, які становлять потенційний природний резервуар вірусу грипу А та відіграють певну роль в його поширенні. Також вперше в Україні було проведено серологічний моніторинг циркуляції вірусу ЛЗН серед одного з головних природних резервуарів — диких птахів ряду Горобцеподібні. Високий рівень серопозитивності до вірусу ЛЗН доводить факт циркуляції цього збудника в природному резервуарі в Україні.

Практичне значення роботи та одержаних результатів полягає у тому, що отримана інформація про наявність активної циркуляції зоонозних збудників (грип А, ЛЗН) в природному резервуарі в Україні є важливою для системи охорони здоров'я людини, у якості прогнозування розвитку епідемічної ситуації та розробки стратегії попередження, профілактики та боротьби. Враховуючи той факт, що ізольований від чикотнів вірус грипу з антигенною формулою H7N1 належить до емерджентних та потенційно

небезпечних підтипів вірусу грипу А (підтипу Н7), цей ізолят є потенційним кандидатом для розробки нових та вдосконалення існуючих вітчизняних діагностичних тест-систем для серологічної діагностики грипу птиці. Крім того, матеріали дисертаційної роботи впроваджено в освітньо-навчальному процесі за спеціальністю 211 «Ветеринарна медицина» під час викладання профільних дисциплін у Державному біотехнологічному університеті (м. Харків).

Основні результати роботи. Отже, за даними серологічних досліджень сироватки крові диких Горобцеподібних встановлено, що загальний відсоток серопозитивності до вірусу грипу А в ІФА становить 0,86 % за період 2023–2024 років. Антитіла до вірусу грипу А було виявлено у Горобцеподібних птахів в 3-х регіонах України у наступних видів: кропив'янки чорноголової (*Sylvia atricapilla*), НПП «Подільські товтри», Хмельницька область (100 %); чорний дрізд (*Turdus merula*), РЛП «Нижньоворсклянський», Полтавська область (10 %), співочий дрізд (*Turdus philomelos*), Харківська область (20 %). Серопозитивних птахів було виявлено під час зимівлі, весняної та осінньої міграції. Найбільший відсоток серопозитивних птахів було виявлено у Харківській (20 %) та Полтавській (10 %) областях. У Хмельницькій області лише один зразок був позитивний на грип, що склало 100 % серопозитивності. Встановлено коливання серопозитивності птахів в різних регіонах у різні роки, у 2023 році (0,78 %) Полтавська область, проте у 2024 році превалювали Харківська (2,6 %) та Хмельницька області (33,3 %). Так, у 2023 серопозитивність до вірусу грипу А була 0,67 %, а в 2024 році склала 1,2 %. Рівень інфікованості зріс у 2024 році, в порівнянні з попереднім 2023 роком. Водночас необхідно відзначити, що при проведенні досліджень жовтків яєць Горобцеподібних птахів у тест-системі ІФА антитіл до вірусу грипу А не було. За результатами РЗГА, антитіл до вірусу грипу підтипу Н5 не виявлено, проте виявлено антитіла до вірусу грипу Н7 у титрі $4 \log_2$ у жовтку яйця від чорного дрозда (Хмельницька область).

Також вперше було проведено серологічний моніторинг диких птахів 27 видів Горобцеподібних в Україні щодо наявності у них антитіл до вірусу лихоманки Західного Нілу. Так середня серопозитивність становила 40,6 % за період 2023–2024 років. Антитіла до вірусу ЛЗН були виявлені у наступних видів — вивільга (*Oriolus oriolus*), вільшанка (*Erithacus rubecula*), дрізд чорний (*Turdus merula*), дрізд співочий (*Turdus philomelos*), костогриз (*Coccothraustes coccothraustes*), кропив'янка чорноголова (*Sylvia atricapilla*), мухоловка строката (*Ficedula hypoleuca*), мухоловка сіра (*Muscicapa striata*), очеретянка велика (*Acrocephalus arundinaceus*), очеретянка ставкова (*Acrocephalus scirpaceus*), синиця велика (*Parus major*). Серопозитивних птахів було виявлено під час весняної та осінньої міграції, а також у період зимівлі в Полтавській, Одеській, Харківській, Київській, Хмельницькій областях. Найбільший відсоток серопозитивних птахів було виявлено в Харківській області — 29 %, та Полтавській — 51 %. Встановлено коливання серопозитивності у різних регіонах, так у 2023 році: Харківська область — 28,5 %, Полтавська область — 28 %, Київська область — 9 %; у 2024 році відповідно Харківська область — 29,2 %, Полтавська область — 68,4 %, Одеська область — 17,4 %, Хмельницька область — 70 %). Встановлено коливання відсотку серопозитивних птахів. Так, у Полтавської області рівень серопозитивності збільшився у порівнянні з минулим роком, що свідчить про поширення ЛЗН цією областю, але у Харківській області рівень серопозитивності протягом 2023–2024 років майже не змінився. Так у 2023 році серопозитивність птахів до ЛЗН становила 26,5 %, а в 2024 році — 48,7 %, що свідчить про зростання рівня інфікованості на ЛЗН серед птахів ряду Горобцеподібних. У 2023 році загальний відсоток серопозитивності до ЛЗН зі 105 зразків становив 25,7 % (n=27) серед 9 видів птахів. Найбільше було позитивних птахів (19 зразків) з Полтавської області серед наступних 7 видів птахів: синиця велика (*Parus major*) (100 %), дрізд співочий (*Turdus philomelos*) (62,5 %), дрізд чорний (*Turdus merula*) (50 %), вивільга (*Oriolus oriolus*) (100 %), горобець польовий (*Passer montanus*) (20 %), зеленяк (*Chloris*

chloris) (7,1 %), сойка (*Garrulus glandarius*) (50 %). У 2024 році загальний відсоток серопозитивності до ЛЗН зі 195 зразків склав 48,7 % (n=95) серед 17 видів птахів. Найбільше позитивних птахів у кількості 64 зразка з Полтавської області, від дрізд співочий (*Turdus philomelos*) (73 %), дрізд чорний (*Turdus merula*) (93,7 %), зяблик (*Fringilla coelebs*) (61,5 %), вільшанка (*Erithacus rubecula*) (57 %), синиця велика (*Parus major*) (100 %), вівсянка звичайна (*Emberiza citronella*) (75 %), костогриз (*Coccothraustes coccothraustes*) (80 %), мухоловка строката (*Ficedula hypoleuca*) (100 %), мухоловка сіра (*Muscicapa striata*) (100 %). Необхідно відзначити, що при дослідженні жовтків у тест-системі ІФА виявлено антитіла до вірусу ЛЗН у дрозда чорного (*Turdus merula*), що становить 100 % серопозитивності.

При проведенні молекулярно-генетичних досліджень біологічного матеріалу від Горобцеподібних методом ПЛР у реальному часі на виявлення гену М вірусу грипу А позитивні зразки виявлені у диких птахів ряду Горобцеподібних наступних видів: зеленяк (*Chloris chloris*) (2,3 %), горобець хатній (*Passer domesticus*) (12,5 %), очеретянка ставкова (*Acrocephalus scirpaceus*) (5,8 %), кобилочка солов'їна (*Locustella luscinioides*) (100 %), дрізд чорний (*Turdus merula*) (5,7 %), кропив'янка прудка (*Sylvia curruca*) (8,3 %), синиця велика (*Parus major*) (1 %), вільшанка (*Erithacus rubecula*) (4,1 %), зяблик (*Fringilla coelebs*) (20 %), мухоловка білошия (*Ficedula albicollis*) (50 %). Середня інфікованість Горобцеподібних становить 1,4 %. Встановлено коливання інфікованості в регіонах у різні роки, так у Харківській області в 2023 році — 1,19 %, у 2024 році — 4,2 %; в Полтавській області у 2023 році — 0,48 %, у 2024 році — 1,28 %. При дослідженні зразків з Львівської, Київської та Хмельницької областей наявності вірусу грипу А не виявлено. Необхідно зазначити, що найбільший відсоток інфікованих птахів було виявлено в Одеській та Харківській області: у Харківській області 1,05 %, серед яких були наступні види — горобець хатній (*Passer domesticus*), дрізд чорний (*Turdus merula*), зяблик (*Fringilla coelebs*); у Полтавській області 0,83 % — зеленяк (*Chloris chloris*), вільшанка

(*Erithacus rubecula*), синиця велика (*Parus major*); у Одеській області 6,4 % — кропив'янка прудка (*Sylvia curruca*), очеретянка ставкова (*Acrocephalus scirpaceus*), кобилочка солов'їна (*Locustella luscinioides*), синиця велика (*Parus major*), мухоловка білошия (*Ficedula albicollis*). Загалом інфікованість Горобцеподібних в Україні коливалась від 2,3 % до 20 %. В деяких випадках відсоток позитивних на грип А птахів сягав 66–100 %, що є дуже високим показником. При проведенні подальшої ідентифікації в ПЛР ПЛР-позитивних зразків (позитивних на ген М) наявності геному вірусів підтипів Н1, Н3, Н4, Н5, Н6, Н7, Н9 не встановлено. Також як додатковий підтверджуючий тест було застосовано класичну ПЛР для виявлення гену PB1. Встановлено, що позитивними були зразки від дрозда чорного (*Turdus merula*), зяблика (*Fringilla coelebs*), синиці великої (*Parus major*), мухоловки білошиї (*Ficedula albicollis*).

При проведенні вірусологічних досліджень ПЛР-позитивних зразків, вірусу грипу А ізолювано також не було. В той же час при проведенні вірусологічних досліджень архівних зразків біологічного матеріалу (проб фекалій) від диких Горобцеподібних зібраних в Запорізькій області у 2021 році, вперше в Україні та світі від чикотня (*Turdus pilaris*) було ізолювано вірус грипу А/чикотень/Богатир/М218914-(91-94)/24-02/21. За результатами ідентифікації встановлено антигенну формулу вірусу — Н7N1. Вивчено деякі біологічні властивості цього вірусу. Так, з'ясовано, що ізолят активно репродукувався у курячих ембріонах та мав високий інфекційний титр — $7,7 \lg \text{ЕІД}_{50}/0,1\text{см}^3$, та летальний титр — $6,74 \lg \text{ЕЛД}_{50}/0,1\text{см}^3$. Гемаглютинаційна активність у РГА становила 1:256–1:1024.

Таким чином, у період 2023–2024 років в Україні вперше проведено комплексний епізоотологічний моніторинг двох зоонозних вірусних інфекцій (грип А та лихоманка Західного Нілу), які становлять серйозну небезпеку для здоров'я людини, свійських тварин та птиці в одному з потенційно природних резервуарів цих патогенів — диких птахів ряду Горобцеподібні. Отримані нами данні, по-перше, доповнюють сучасне уявлення про

циркуляцію цих патогенів в природному резервуарі в Україні та Європі. По-друге, розширюють наше знання про екологію цих патогенів у дикій природі. Особливо це стосується вірусу грипу А, який, з огляду на його здатність долати міжвидовий бар'єр, інфікувати ссавців, а також його безпрецедентне поширення серед свійських та диких ссавців США, залишається не передбачуваним патогеном та одним з найвірогідніших кандидатів наступної пандемії. Факт виявлення геному вірусу грипу А та виділення вірусу від Горобцеподібних підкреслює необхідність подальших досліджень та моніторингу цього вірусу серед диких птахів. Актуальним у даному контексті є продовження пошуку нових потенційних природних джерел вірусу. Також важливим з епідеміологічної точки зору є факт виявлення достатньо високої серопозитивності диких Горобцеподібних України до вірусу ЛЗН. Отримані нами дані підтверджують, що птахи ряду Горобцеподібні є одним з головних природних резервуарів вірусу ЛЗН і тому можуть представляти серйозну небезпеку для здоров'я людини.

Ключові слова: вірус грипу птиці А, вірус лихоманки Західного Нілу, дикі птахи, Passeriformes, епізоотологічний моніторинг, природний резервуар, серологічні дослідження, молекулярно-генетичні дослідження, вірусологічні дослідження.

ANNOTATION

Popova A. O. Circulation of influenza A virus and West Nile fever virus among Passeriformes birds in Ukraine, epizootiological and epidemiological significance. — Qualification scientific work on the rights of a manuscript.

Dissertation for the degree of Doctor of Philosophy in the specialty 211 — Veterinary Medicine. — National Scientific Center “Institute of Experimental and Clinical Veterinary Medicine”. Kharkiv, 2025.

The dissertation work was carried out in the period 2021–2024 at the Department of Avian Diseases and Molecular Diagnostics of the National

Scientific Center “Institute of Experimental and Clinical Veterinary Medicine”, following the tasks “Development of a modern system of monitoring, forecasting, specific prevention and control of virus-bacterial associations in poultry within the concept of "One Health" in connection with globalization and climate change”(state registration number 0121U108373) and “Development of a modern system of forecasting and control of particularly dangerous and economically significant zoonotic viral and bacterial diseases of agricultural and wild birds in conditions of risks of deterioration of the epizootic situation due to the military aggression of the Russian Federation in Ukraine” (state registration number 0124U000477). The research was partially carried out within the framework of the project of the National Research Foundation of Ukraine No. 2021.01/0006 “Study of the circulation of zoonotic influenza A viruses in a natural reservoir, assessment of their epidemic risks and hazard to human health in Ukraine” under the competition “Science for Security and Sustainable Development of Ukraine”.

The dissertation solves a set of scientific and practical tasks related to the study of the natural circulation of influenza A virus and West Nile virus among wild birds of the order Passeriformes, establishing their role in maintaining circulation against the background of the deteriorating epidemiological situation in the world regarding these diseases, predicting a new pandemic, as well as studying the potential epidemiological and epizootic risks that these birds may pose to the human health care system and veterinary medicine.

Scientific novelty of the results. For the first time in Ukraine, a comprehensive epizootological monitoring of 54 species of wild birds of the order Passeriformes during autumn and spring migration, nesting, and wintering was conducted to determine the circulation of influenza A virus and West Nile fever virus in 6 regions of Ukraine (Kharkiv, Poltava, Kyiv, Odesa, Khmelnytsky, and Lviv regions). The results of serological, molecular genetic, and virological studies revealed the circulation of influenza A virus among some species of passeriformes in Ukraine. For the first time in Ukraine and in the world, the influenza A virus was isolated from the fieldfare *Turdus pilaris* with the H7N1 antigenic formula.

The results of the study obtained in Ukraine are valuable scientific data and prove the expansion of the range of species that constitute a potential natural reservoir of influenza A virus and play a role in its spread. Also, for the first time in Ukraine, serological monitoring of the circulation of the West Nile fever (WNF) virus among one of the main natural reservoirs — wild birds of the order Passeriformes — was conducted. The high level of seropositivity to the WNF virus proves the fact of the circulation of this pathogen in the natural reservoir in Ukraine.

The practical significance of the work and the results obtained is that the information obtained on the presence of active circulation of zoonotic pathogens (influenza A, WNF) in a natural reservoir in Ukraine is important for the human health care system, as a forecast of the development of the epidemic situation and the development of a strategy for prediction, prevention and control. Given the fact that the influenza virus with the antigenic formula H7N1 isolated from the fieldfare belongs to the emergent and potentially dangerous subtypes of influenza A virus (subtype H7), this isolate is a potential candidate for the development of new and improvement of existing domestic diagnostic test systems for the serological diagnosis of avian influenza. In addition, the dissertation materials have been implemented in the educational process in the specialty 211 “Veterinary Medicine” during the teaching of specialized disciplines at the State Biotechnological University (Kharkiv).

Main results of the work. Thus, according to the serological studies of blood serum of wild passeriformes, it was found that the total percentage of seropositivity to influenza A virus in ELISA was 0.86 % for the period 2023-2024. Antibodies to influenza A virus were detected in passeriformes in 3 regions of Ukraine in the following species: Eurasian blackcap (*Sylvia atricapilla*), Podilski Tovtry NNP, Khmelnytskyi region (100 %); common blackbird (*Turdus merula*), Nizhnevorsklianskyi RLP, Poltava region (10 %); song thrush (*Turdus philomelos*), Kharkiv region (20 %). Seropositive birds were detected during wintering, spring, and autumn migration. The highest percentage of seropositive

birds was found in the Kharkiv (20 %) and Poltava (10 %) regions. In the Khmelnytskyi region, only one sample was positive for influenza, which amounted to 100 % seropositivity. There were fluctuations in the seropositivity of birds in different regions in different years, in 2023 (0.78 %) in the Poltava region, but in 2024, Kharkiv (2.6 %) and Khmelnytskyi regions (33.3 %) prevailed. Thus, in 2023, the seropositivity to influenza A virus was 0.67 %, and in 2024 it was 1.2 %. The infection rate increased in 2024 compared to the previous year, 2023. At the same time, it should be noted that during the study of egg yolks of passeriformes, there were no antibodies to the influenza A virus in the ELISA test system. According to the results of the hemagglutination inhibition (HI) test, no antibodies to the influenza virus of subtype H5 were detected, but antibodies to the influenza virus H7 were detected in a titer of $4 \log_2$ in the yolk of an egg from a blackbird (Khmelnytsky region).

Also, for the first time, serological monitoring of wild birds of 27 species of the Passeriformes in Ukraine was conducted to determine the presence of antibodies to West Nile fever virus. The average seropositivity was 40.6 % from 2023 to 2024. The presence of antibodies to the WNF virus was detected in the following species: common golden oriole (*Oriolus oriolus*), European robin (*Erithacus rubecula*), blackbird (*Turdus merula*), song thrush (*Turdus philomelos*), hawfinch (*Coccothraustes coccothraustes*), blackcap (*Sylvia atricapilla*), pied flycatcher (*Ficedula hypoleuca*), spotted flycatcher (*Muscicapa striata*), great reed warbler (*Acrocephalus arundinaceus*), common reed warbler (*Acrocephalus scirpaceus*), great tit (*Parus major*). Seropositive birds were detected during spring and autumn migration, as well as during wintering in the Poltava, Odesa, Kharkiv, Kyiv, and Khmelnytskyi regions.

The highest percentage of seropositive birds was found in the Kharkiv (29 %) and Poltava (51 %) regions. There were fluctuations in seropositivity in different regions, for example, in 2023 — Kharkiv region (28.5 %), Poltava region (28 %), Kyiv region (9 %), in 2024 — Kharkiv region (29.2 %), Poltava region (68.4 %), Odesa region (17.4 %), Khmelnytskyi region (70 %). Fluctuations in the

percentage of seropositive birds were found. Thus, in the Poltava region, the level of seropositivity increased compared to the previous year, which indicates the spread of WNF in this region, but the Kharkiv region remained almost at the same level of seropositivity during 2023–2024. Thus, in 2023, the seropositivity of birds to WNF was 26.5 %, and in 2024, 48.7 %, which indicates an increase in the level of infection with WNF among birds of the order Passeriformes.

In 2023, the overall percentage of WNF seropositivity out of 105 samples was 25.7 % (n=27), among 9 bird species. The highest number of positive birds (19 samples) came from Poltava region, among the following 7 bird species: great tit (*Parus major*) (100 %), song thrush (*Turdus philomelos*) (62.5 %), common blackbird (*Turdus merula*) (50 %), golden oriole (*Oriolus oriolus*) (100 %), tree sparrow (*Passer montanus*) (20 %), greenfinch (*Chloris chloris*) (7.1 %), Eurasian jay (*Garrulus glandarius*) (50 %). In 2024, the total percentage of WNF seropositivity from 195 samples was 48.7 % (n=95), among 17 bird species. Most of the positive birds (64 samples) came from Poltava region, from song thrush (*Turdus philomelos*) (73 %), common blackbird (*Turdus merula*) (93.7 %), common chaffinch (*Fringilla coelebs*) (61, 5 %), robin (*Erithacus rubecula*) (57 %), great tit (*Parus major*) (100 %), yellowhammer (*Emberiza citronella*) (75 %), hawfinch (*Coccothraustes coccothraustes*) (80 %), pied flycatcher (*Ficedula hypoleuca*) (100 %), spotted flycatcher (*Muscicapa striata*) (100 %). In the study of egg yolks, the ELISA test system detected antibodies to WNF virus in the blackbird (*Turdus merula*), which is 100 % seropositivity.

During the molecular genetic studies of biological material from Passeriformes by real-time PCR for the detection of the M gene of influenza A virus, positive samples were found in wild birds of the following species: Greenfinch (*Chloris chloris*) (2.3 %), House Sparrow (*Passer domesticus*) (12.5 %), Common Reed Warbler (*Acrocephalus scirpaceus*) (5.8 %), Savi's warbler (*Locustella luscinioides*) (100 %), Blackbird (*Turdus merula*) (5, 7 %), lesser whitethroat (*Sylvia curruca*) (8.3 %), great tit (*Parus major*) (1 %), robin (*Erithacus rubecula*) (4.1 %), chaffinch (*Fringilla coelebs*) (20 %), collared

flycatcher (*Ficedula albicollis*) (50 %). The average infection rate of passerines is 1.4 %. There are fluctuations in the infection rate in different regions over the years, for example, in 2023 in the Kharkiv region it was 1.19 %, in 2024 — 4.2 %; in 2023 in the Poltava region it was 0.48 %, in 2024 — 1.28 %. No influenza A virus was detected in samples from the Lviv, Kyiv, and Khmelnytsky regions. It should be noted that the highest percentage of infected birds was found in Odesa and Kharkiv regions, with 1.05 % in Kharkiv region, including the following species: house sparrow (*Passer domesticus*), blackbird (*Turdus merula*) chaffinch (*Fringilla coelebs*), Poltava region 0.83 % — greenfinch (*Chloris chloris*), robin (*Erithacus rubecula*), great tit (*Parus major*), Odesa region 6, 4 % — lesser whitethroat (*Sylvia curruca*), reed warbler (*Acrocephalus scirpaceus*), Savi's warbler (*Locustella luscinioides*), great tit (*Parus major*), collared flycatcher (*Ficedula albicollis*). In general, the infection rate of passeriformes in Ukraine ranged from 2.3 % to 20 %. In some cases, the percentage of birds positive for influenza A reached 66-100 %, which is a very high rate. During further PCR identification of PCR-positive samples (positive for the M gene), the presence of the genome of viruses of subtypes H1, H3, H4, H5, H6, H7, and H9 was not detected. Classical PCR was also used as an additional confirmatory test to detect the RV1 gene. It was found that the samples from blackbird (*Turdus merula*), chaffinch (*Fringilla coelebs*), great tit (*Parus major*), collared flycatcher (*Ficedula albicollis*) were positive.

During virological studies of PCR-positive samples, no influenza A virus was isolated. At the same time, during virological studies of archival samples of biological material (fecal samples) from wild passeriformes collected in the Zaporizhzhia region in 2021, for the first time in Ukraine and the world, influenza virus A/fieldfare /Bogatyr /M218914-(91-94)/24-02/21 was isolated from fieldfare (*Turdus pilaris*). Based on the identification results, the antigenic formula of the virus was determined to be H7N1. Some biological properties of this virus have been studied. Thus, it was found that the isolate actively reproduced in chicken embryos and had a high infectious — $7.7 \lg \text{EID}_{50}/0.1\text{cm}^3$ and lethal titer — 6.74

lg ELD₅₀/0.1cm³. The hemagglutination activity in the haemagglutination test was 1:256–1:1024.

Thus, in 2023–2024, Ukraine carried out for the first time, comprehensive epizootic monitoring of two zoonotic viral infections (influenza A and West Nile fever) that pose a serious threat to human health, domestic animals and poultry in one of the potential natural reservoirs of these pathogens — wild birds of the order Passeriformes. Our data, firstly, complement the current understanding of the circulation of these pathogens in the natural reservoir in Ukraine and Europe. Secondly, they expand our knowledge of the ecology of these pathogens in the wild. This is particularly true for the influenza A virus, which remains an unpredictable pathogen and one of the most likely candidates for the next pandemic, given its ability to cross the species barrier and infect mammals and its unprecedented spread among domestic and wild mammals in the United States. The discovery of the influenza A virus genome and isolation of the virus from passerine birds highlights the need for further research and surveillance of this virus in wild birds. In this context, it is important to continue to search for new potential natural sources of the virus. From an epidemiological point of view, the detection of a sufficiently high seropositivity of wild passerines in Ukraine for WNF virus is also important. Our findings confirm that birds of the order Passeriformes are one of the main natural reservoirs of WNF virus and may therefore pose a serious threat to human health.

Keywords: avian influenza A virus, West Nile fever virus, wild birds, Passeriformes, epidemiological monitoring, natural reservoir, serological studies, molecular genetic studies, virological studies.

СПИСОК ПУБЛІКАЦІЙ ЗДОБУВАЧА ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ

Праці, в яких опубліковані основні наукові результати дисертації

Статті у наукових фахових виданнях України категорії «Б»

1. Нікітіна, А. О., & Музика, Д. В. (2022). Птахи ряду Горобцеподібних (Passeriformes) як потенційний резервуар та переносники вірусу грипу А (огляд літератури). *Ветеринарна медицина*, 108, 22–29. <https://doi.org/10.36016/VM-2022-108-4>. (Дисертанткою проведено пошук літературних джерел та їх аналіз).

2. Попова, А. О., & Музика, Д. В. (2024). Серологічні дослідження диких птахів ряду Passeriformes щодо наявності антитіл до вірусу лихоманки Західного Нілу в Україні. *Ветеринарна медицина*, 110, 17–27. <https://doi.org/10.36016/VM-2024-110-3>. (Дисертанткою проведено аналіз літературних джерел, збір біологічного матеріалу, серологічні дослідження, аналіз отриманих даних).

3. Popova, A. O., & Muzyka, N. M. (2025). Serological studies of wild birds of the order Passeriformes in Ukraine for the presence of antibodies to the Influenza A virus. *Journal for Veterinary Medicine, Biotechnology and Biosafety*, 11(1), 22–29. <https://doi.org/10.36016/JVMBBS-2025-11-1-4>. (Дисертанткою проведено аналіз літературних джерел, серологічні дослідження, аналіз отриманих даних).

Праці, які засвідчують апробацію матеріалів дисертації

Матеріали наукових доповідей

4. Nikitina A., Rula O., & Muzyka D. (2022). Epizootic situation on influenza A virus among wild forest birds of the order Passeriformes in Ukraine in 2020–2021. 2022 *International Biothreat Reduction Symposium* (Kyiv, Ukraine,

24–27 October 2022): abstract book (p. 133). <https://swmprogramua.com/wp-content/uploads/2022/11/2022-IBTRS-Abstract-Book.pdf>. (Дисертанткою проведено аналіз літературних джерел, збір біологічного матеріалу, аналіз отриманих даних).

5. Нікітіна, А. О., & Дементєєва, Я. Ю. (2023). Птахи ряду Горобцеподібних (Passeriformes) полігонів твердих побудових відходів як потенційне джерело небезпечних вірусів. *Молоді вчені: гіпотези, проекти, дослідження: збірник матеріалів всеукраїнської науково-практичної конференції, присвяченої 100-річчю факультету природничих наук, м. Миргород, Україна, 23 грудня 2022 р. (с. 8–11).* <https://dspace.hnpu.edu.ua/handle/123456789/13111>. (Дисертанткою проведено аналіз літературних джерел, збір біологічного матеріалу, аналіз отриманих даних).

6. Попова, А. О., Колесник, О. С., Рула, О. М., & Музика, Д. В. (2024). Серологічні дослідження диких лісових птахів ряду Горобцеподібних щодо циркуляції особливо небезпечних інфекцій на території України за 2023 рік. *Тези доповідей онлайн-конференції аспірантів і молодих вчених у сфері Єдиного здоров'я та біотехнології «VetBioConnect», м. Харків, 3–4 червня 2024 року (с. 38–39).* https://www.iekvm.kharkov.ua/documents/VetBioConnect_2024_theses.pdf. (Дисертанткою проведено аналіз літературних джерел, збір біологічного матеріалу, серологічні дослідження, аналіз отриманих даних).

7. Попова, А., Колесник, О., Усова, Л., Рула, О., & Музика, Д. (2024). Циркуляція вірусу лихоманки Західного Нілу у диких птахів ряду Passeriformes в Україні. *Біологія тварин [Тези доповідей XXII Всеукраїнської науково-практичної конференції молодих вчених, присвяченої 75-річчю від дня народження доктора ветеринарних наук, професора, члена-кореспондента НААН Ростислава Федорука, м. Львів, 19–20 вересня 2024 року]*, 26(3), 163. https://aminbiol.com.ua/images/Journal/2024/3/AB_2024_26_3_6_CYS.pdf. (Дисертанткою проведено аналіз літературних джерел, збір біологічного матеріалу, серологічні дослідження, аналіз отриманих даних).

8. Muzyka, D., Rula, O., Muzyka, N., Mezinov, O., Vlaschenko, A., Echkenko, R., **Popova, A.**, Yurko, P., Gaidash, O., Pantin-Jackwood, M., Beer, M., Fair, J., Owen, J., & Waldenström, J. (2024). Research despite the war: surveillance of emerging viral and bacterial pathogens in wild birds and animals in Ukraine. *16th EPIZONE Annual Meeting — Viruses, Vectors and Wildlife, Uppsala, Sweden, 25–27 September 2024: book of abstracts* (p. 42). [https://www.epizone-eu.net/upload_mm/f/f/0/d33ea6ee-9fe3-49c9-a6f9-05e68b231d96_EPIZONE %202024 %20- %20Book %20of %20abstracts %20v7.pdf](https://www.epizone-eu.net/upload_mm/f/f/0/d33ea6ee-9fe3-49c9-a6f9-05e68b231d96_EPIZONE%202024%20-%20Book%20of%20abstracts%20v7.pdf). (Дисертанткою проведено серологічні дослідження).

З М І С Т

ПЕРЕЛІК УМОВНИХ ПОЗНАЧЕНЬ, СИМВОЛІВ, ОДИНИЦЬ, СКОРОЧЕНЬ	20
ВСТУП	22
РОЗДІЛ 1 ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ	29
1.1 Загальна характеристика вірусу грипу А.....	29
1.2 Циркуляція вірусу грипу А в природному резервуарі	36
1.3 Лабораторна діагностика вірусу грипу А.....	44
1.4 Загальна характеристика вірусу лихоманки Західного Нілу	47
1.5 Циркуляція вірусу лихоманки Західного Нілу в природному резервуарі.....	53
1.6 Лабораторна діагностика вірусу лихоманки Західного Нілу	56
1.7 Висновок з огляду літератури.....	58
РОЗДІЛ 2 МАТЕРІАЛИ ТА МЕТОДИ	60
2.1 Відбір проб біологічного матеріалу від диких птахів	60
2.2. Серологічні дослідження.....	66
2.3. Вірусологічні дослідження.....	68
2.4 Молекулярно-генетичні дослідження	69
РОЗДІЛ 3 РЕЗУЛЬТАТИ ВЛАСНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ.....	76
3.1 Аналіз епізоотичної ситуації щодо вірусу грипу птиці у світі і в Україні протягом 2021–2024 рр.	76
3.2 Аналіз епізоотичної ситуації щодо вірусу лихоманки Західного Нілу у світі і в Україні протягом 2021–2024 рр.	78
3.3 Серологічні дослідження диких птахів.....	83
3.3.1 Серологічні дослідження сироваток крові та жовтків яєць диких птахів щодо наявності антитіл до вірусу лихоманки Західного Нілу.	83

3.3.2 Серологічні дослідження сироваток крові та жовтків яєць диких птахів щодо наявності антитіл до вірусу грипу А.....	91
3.4. Молекулярно-генетичні дослідження диких птахів	99
3.5 Вірусологічні дослідження диких птахів	110
3.5.1 Вірусологічне дослідження ПЛР позитивних зразків від диких птахів.....	110
3.5.2 Вірусологічні дослідження архівних зразків вірусу грипу та вивчення біологічних властивостей вірусу грипу птиці	111
РОЗДІЛ 4 ОБГОВОРЕННЯ ТА УЗАГАЛЬНЕННЯ РЕЗУЛЬТАТІВ	
ДОСЛІДЖЕНЬ.....	116
ВИСНОВКИ.....	126
ПРОПОЗИЦІЇ ВИРОБНИЦТВУ	130
СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ	131
ДОДАТКИ.....	174

ПЕРЕЛІК УМОВНИХ ПОЗНАЧЕНЬ, СИМВОЛІВ, ОДИНИЦЬ, СКОРОЧЕНЬ

АТ — антитіла

ВГП — вірус грипу птиці

ВЗН — вірус Західного Нілу

ВООЗ — Всесвітня організація охорони здоров'я

ВППП — високопатогенний грип птиці

ГАО — гемаглютинуючі одиниці

ГЕБ — гематоенцефалічний бар'єр

ЕЕР — екстраембріональна рідина

ЕІД₅₀ — ембріональна інфекційна доза, яка викликає інфікування 50 % ембріонів

ЕЛД₅₀ — ембріональна летальна доза, яка викликає загибель 50 % інфікованих ембріонів

ЗТ-ПЛР — полімеразна ланцюгова реакція методом зворотної транскрипції (*зі зворотною транскрипцією*)

ІГХ — імуногістохімічне (забарвлення)

ІФА — імуноферментний аналіз

КЕ — курячі ембріони

ЛЗН — лихоманка Західного Нілу

ММСП — Міжнародні медико-санітарні правила

Н 1–16 — позначення гемаглютиніну підтипів 1–16 вірусів грипу

п.н. — пар нуклеотидів

ПЛР-RT — полімеразна ланцюгова реакція у реальному часі

ПЛР — полімеразна ланцюгова реакція

РГА — реакція гемаглютинації

РГГА — реакція гальмування гемаглютинації

РДП — реакція дифузної преципітації

РЗГА — реакція затримки гемаглютинації

РН — реакція нейтралізації

РНК — рибонуклеїнова кислота

ФСБ — фосфатно-сольовий буфер

ЦНС — центральна нервова система

AaV 1–9 — позначення авуловірусів серотипів 1–9

ECTAD — Emergency Centre for Transboundary Animal Diseases

IgG — Імуноглобуліни класу G

IgM — Імуноглобуліни класу M

N 1–9 — позначення нейрамінідази підтипів 1–9 вірусів грипу

WOAH — World Organisation for Animal Health

ВСТУП

Дикі птахи важливі у сфері охорони здоров'я, адже близько 10 000 видів птахів зустрічається майже у всіх наземних і водних довкіллях [1], вони переносять нові зоонозні патогени, або як резервуарний господар, або шляхом поширення інфікованих переносників (членистоногих) [2]. Крім того, міграція птахів забезпечує механізм встановлення нових ендемічних осередків захворювання на великих відстанях від місця виникнення інфекції вздовж всього маршруту міграції [2]. До найбільш значущих захворювань, можна віднести ті, які є недавно визнані або раніше визнаними хворобами, що з'являються у нових популяціях або швидко розповсюджуються по захворюваності та інфекційності або географічному ареалу [3, 4]. У США Національний інститут алергії та інфекційних захворювань склав список з більше ніж 30 вірусних патогенів (хвороб), які, як вважається, становлять значний ризик для здоров'я людини у 21 сторіччі. Відомо, що дикі птахи є резервуаром для декількох з цих агентів, включно з арбовірусами, такі як вірус лихоманки Західного Нілу (ЛЗН), *Borrelia burgdorferi*, вірус грипу А, кишкові бактеріальні патогени та бактерії, які стійкі до лікарських засобів. Крім того, птахи можуть бути заражені членистоногими переносниками, які поширюють патогени вздовж шляхів міграції, навіть якщо птах не є повноцінним резервуаром інфекції [2, 4]. Оскільки віруси визначаються як неклітинна форма живих організмів, що не є живими поза живим організмом, їхнє виживання протягом тисяч років стає дедалі підтвердженням [5]. Вірус грипу птиці викликає хворобу, яка має велике економічне значення для галузі птахівництва в усьому світі. Найперші випадки високопатогенного вірусу грипу домашньої птиці були зареєстровані в Італії у 1870-х роках, тому грип птиці був визнаний у домашньої птиці в сучасну еру птахівництва. Зараження свійської птиці низькопатогенними та високопатогенними вірусами грипу птиці можуть призвести до значних економічних наслідків.

Продуктивність може бути знижена прямо чи опосередковано, що призводить до зниження виходу яєць або м'яса, смертності, витрат на вакцинацію та обмеженням торгівлі. Водоплавні птахи є природними хазяїнами низькопатогенного та високопатогенного вірусу грипу, проте дикі лісові птахи також є потенційними переносниками ВППП, і інфекція як правило, має субклінічний характер, хоча деякі штами високопатогенного та низькопатогенного вірусу грипу можуть спричиняти загибель й іншої свійської птиці [6]. Розселення та міграція птахів після розмноження, а також високий ступінь мінливості навколишнього середовища через свою природу сприяють переносу високопатогенних штамів на великі відстані від початкових джерел інфекції [1, 7]. Біозахист і вакцинація є найпоширенішими методами запобігання зараження птиці. Підходи до боротьби дуже різноманітні, але ліквідація вірусу грипу у птиці як в Європі, так і в Україні є спільною метою [6, 7].

За останнє десятиліття кількість нових флавівірусів, описаних у всьому світі, значно зросла, причому дикі птахи виступали як основні резервуарні господарі цих вірусів [8]. Вірус лихоманки Західного Нілу — це небезпечна арбовірусна природно-осередкова хвороба до природного циклу якої залучено природний резервуар збудників, яким є дикі птахи та переносники — комарі, кліщі тощо. На сьогодні проблема Західного Нілу стає все більш актуальною з епідеміологічної точки зору. Природні осередки збудника цього захворювання були присутні в Україні достатньо давно в південних та східних регіонах, але зараз у зв'язку зі змінами клімату відбуваються зміни в екології як природних носіїв так і переносників, що значним чином змінює епідеміологічні ризики для людини [9]. За останні декілька років, (Україна не виключення) реєструються збільшення випадків захворювання людей на ЛЗН, у тому числі і летальних [9]. Вірус Західного Нілу є вкрай важливою інфекцією з точки зору як епізоотичного так і епідеміологічного значення. У той же час актуальної інформації щодо

циркуляції лихоманки Західного Нілу, а також інших флавівірусів в природному резервуарі та серед переносників в Україні недостатньо.

Зв'язок роботи з науковими програмами, планами, темами. Дисертаційна робота виконувалась в період 2021–2025 рр. у відділі хвороб птиці та молекулярної діагностики Національного наукового центру «Інститут експериментальної та клінічної ветеринарної медицини», відповідно до завдання «Розроблення сучасної системи моніторингу, прогнозування, специфічної профілактики та контролю вірус-бактеріальних асоціацій у сільськогосподарської птиці в рамках концепції «Єдиного здоров'я» у зв'язку зі світовою глобалізацією та змінами клімату» (номер державної реєстрації 0121U108373) та «Розроблення сучасної системи прогнозування та контролю зоонозних особливо небезпечних та економічно-значущих вірусних і бактеріальних захворювань сільськогосподарської та дикої птиці в умовах ризиків погіршення епізоотичної ситуації за військової агресії рф в Україні» (номер державної реєстрації 0124U000477). Також частково дослідження виконувалися в рамках проєкту Національного фонду досліджень України № 2021.01/0006 «Вивчення циркуляції зоонотичних вірусів грипу А в природному резервуарі, оцінка їх епідемічних ризиків та небезпеки для здоров'я людини в Україні» за конкурсом «Наука для безпеки і сталого розвитку України».

Мета і завдання дослідження. Метою роботи було — провести епізоотичний моніторинг та дослідити циркуляцію вірусу грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу серед диких птахів ряду Горобцеподібні (Passeriformes) в Україні, встановити їх роль у підтриманні природної циркуляції цих патогенів, а також визначити їх епізоотологічне та епідеміологічне значення.

Для досягнення поставленої мети визначені наступні задачі:

- Провести аналіз сучасної епізоотичної та епідемічної ситуації щодо вірусу грипу А та лихоманки Західного Нілу в світі, а також встановити стан

вивчення питання залучення диких птахів ряду Горобцеподібні до природної циркуляції та поширення цих вірусів;

- Провести епізоотологічний моніторинг диких птахів ряду Горобцеподібні у різних регіонах України щодо циркуляції вірусу грипу А за допомогою імунологічних, вірусологічних та молекулярно-генетичних методів;

- Провести серологічний моніторинг диких птахів ряду Горобцеподібні у різних регіонах України щодо наявності у них специфічних антитіл до вірусу лихоманки Західного Нілу;

- Вивчити особливості циркуляції вірусу грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу серед Горобцеподібних, вивчити ступінь інфікованості цими збудниками різних видів в різні сезони року та в різних регіонах України;

- Ізолювати збудника грипу А від диких птахів ряду Горобцеподібні, вивчити його біологічні та молекулярно-генетичні властивості, а також встановити потенційну перспективу їх використання як виробничого штаму для виробництва вітчизняних діагностичних препаратів та тест-систем.

- Визначити епізоотологічне та епідеміологічне значення диких птахів ряду Горобцеподібні як природного резервуару вірусу грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу в Україні.

Об'єкт дослідження: грип птиці А та лихоманка Західного Нілу.

Предмет дослідження: епізоотична та епідемічна ситуація щодо грипу А та лихоманки Західного Нілу, серопревалентність диких птахів ряду Горобцеподібні щодо грипу птиці А і ЛЗН, біологічні та молекулярно-генетичні особливості збуднику вірусу грипу А.

Методи дослідження: епізоотологічний (моніторинг епізоотичної ситуації в світі та в Україні), імунологічні (дослідження екстрактів жовтків яєць на наявність антитіл), серологічні (дослідження сироваток крові методом ІФА, реакцією затримки гемаглютинації (РЗГА) та реакцією гемаглютинації (РГА), вірусологічні (ідентифікація ізолятів, ізоляція збудників),

молекулярно-генетичні (ПЛР), статистичний (обробка результатів досліджень).

Наукова новизна одержаних результатів. Вперше в Україні проведено комплексний епізоотологічний моніторинг 54 видів диких птахів ряду Горобцеподібних під час осінньої, весняної міграцій, періоду гніздування, а також зимівлі щодо циркуляції у них вірусу грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу в 6 регіонах України (Харківська, Полтавська, Київська, Одеська, Хмельницька, Львівська областях). За результатами серологічних, молекулярно-генетичних та вірусологічних досліджень встановлено циркуляцію вірусу грипу А серед деяких видів Горобцеподібних в Україні. Вперше в Україні та світі ізольовано вірусу грипу А від чикотнів (*Turdus pilaris*) з антигенною формулою H7N1. Отримані в Україні дані є цінними науковими даними та доводять розширення спектру видів, які можуть бути потенційними природними резервуарами вірусу грипу А та можуть відігравати певну роль в його поширенні. Також вперше в Україні було проведено серологічний моніторинг циркуляції вірусу ЛЗН в Україні серед одного з головних природних резервуарів — диких птахів ряду Горобцеподібні. Високий рівень серопозитивності до вірусу ЛЗН доводить факт циркуляції цього збудника в природньому резервуарі в Україні.

Практичне значення отриманих результатів полягає в тому, що одержана інформація про наявність активної циркуляції зоонозних збудників (грип А, ЛЗН) в природньому резервуарі в Україні є важливою для системи охорони здоров'я людини в Україні, прогнозування розвитку епідемічної ситуації та розробки стратегії попередження, профілактики та боротьби. Враховуючи той факт, що ізольований від чикотнів вірус грипу з антигенною формулою H7N1 належить до емерджентних та потенційно небезпечних підтипів вірусу грипу А (підтипу H5 та H7), цей ізолят є потенційним кандидатом для розробки нових та вдосконалення існуючих вітчизняних діагностичних тест-систем для серологічної діагностики грипу птиці. Крім того, матеріали дисертаційної роботи впроваджено в навчальному процесі за

спеціальністю 211 «Ветеринарна медицина» під час викладання профільних дисциплін у Державному біотехнологічному університеті (м. Харків), Дніпровському державному аграрно-економічному університеті (м. Дніпро), Полтавському державному аграрному університеті (м. Полтава), Одеському державному аграрному університеті (м. Одеса).

Особистий внесок здобувача. Здобувач провела літературний пошук і аналіз наукової літератури за темою дисертаційної роботи. Разом з науковим керівником визначилася у виборі мети, завдань і етапності виконання роботи. Дисертантка особисто здійснювала відлов диких птахів ряду Passeriformes, відбір зразків від них, підготовку до досліджень, експериментальні дослідження (імунологічні, серологічні, молекулярно-генетичні, вірусологічні), аналіз отриманих даних, їх узагальнення та формулювання висновків.

Польові дослідження (відлов птахів, визначення видів) здійснювалися спільно із завідувачем кафедри зоології Харківського національного педагогічного університету ім. Г. С. Сковороди, доктором біологічних наук, професором А. Б. Чаплигіною. Лабораторні дослідження виконано спільно із завідувачем лабораторії вірусних хвороб птиці к. в. н. О. М. Рулою. Колекційні зразки біологічного матеріалу від диких птахів для досліджень були надані д. в. н. Д. В. Музикою. Дисертантка висловлює щире подяку вищезазначеним колегам за настанови, навчання, підтримку та допомогу у виконанні досліджень.

Апробація результатів дисертації. Результати досліджень, представлені в дисертаційній роботі, доповідалися, обговорювалися й отримали позитивну оцінку на: звітних сесіях вченої ради ННЦ «ІЕКВМ» (2021–2024 pp.); 2022 International Biothreat Reduction Symposium (Київ, 2022 p.); 16th EPIZONE Annual Meeting — Viruses, Vectors and Wildlife (Уппсала, Швеція, 2024 p.); міжнародній науково-практичній конференції «Сучасні аспекти наукового забезпечення галузі ветеринарії в контексті контролю інфекційних хвороб тварин», присвяченій 75-річчю від дня

народження академіка НААН, директора ІЕКВМ у 1999–2001 рр. Поліни Павлівни Фукс (Харків, 2024 р.); всеукраїнській науково-практичній конференції «Молоді вчені: гіпотези, проекти, дослідження», присвяченій 100-річчю факультету природничих наук (Миргород, 2022 р.); онлайн-конференції аспірантів і молодих вчених у сфері Єдиного здоров'я та біотехнології «VetBioConnect» (Харків, 2024 р.); XXII всеукраїнській науково-практичній конференції молодих вчених, присвяченій 75-річчю від дня народження доктора ветеринарних наук, професора, члена-кореспондента НААН Ростислава Федорука (Львів, 2024 р.).

Публікації. За матеріалами дисертації опубліковано 8 наукових праць, у тому числі 3 статті у наукових фахових виданнях України та 5 тез у матеріалах вітчизняних і міжнародних конференцій.

Обсяг та структура роботи. Дисертацію викладено на 182 сторінках друкованого тексту, ілюстровано 22 таблицями та 2 рисунками. Робота складається з розширеної анотації, переліку умовних позначень, вступу, огляду літератури, матеріалів і методів досліджень, результатів власних досліджень, їхнього аналізу й узагальнення, висновків, пропозицій виробництву, списку використаних джерел літератури, який налічує 306 найменувань, і додатків.

РОЗДІЛ 1

ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ

1.1 Загальна характеристика вірусу грипу А

Вірус грипу А — це небезпечний патоген, який продовжує становити серйозну загрозу для світового та громадського здоров'я. Для завершення свого життєвого циклу віруси грипу виробили багате різноманіття взаємодій з господарем. Велика кількість досліджень показала, що еволюція вірусу грипу А переважно складається з мутації самого вірусу та реасортації вірусних геномів, отриманих з різних штамів. Важливо зауважити, що вірус грипу А еволюціонує, зберігаючи при цьому стійку передачу від тварин до людей. Його еволюція за допомогою цих механізмів викликає щорічні епідемії та періодичні пандемії в усьому світі. Високопатогенний вірус грипу призвів до колосальних втрат через його захворюваність та смертність як серед людей, так і серед тварин, тому його віднесено до списку особливо небезпечних захворювань ВОАН [10]. Швидкі мутації вірусу грипу А призводять до втрати оптимальної ефективності вакцини та ставлять під сумнів повну ліквідацію вірусу [11].

Вірус грипу (лат. Influenza virus) відносять до родини Orthomyxoviridae, яка згідно з сучасною класифікацією (2023 рік), Міжнародним комітетом з таксономії вірусів (ICTV) складається з наступних родів: *Alphainfluenzavirus*, *Betainfluenzavirus*, *Gammainfluenzavirus*, *Deltainfluenzavirus*, (Influenza virus A, Influenza virus B, Influenza virus C, Influenza virus D — до жовтня 2018 року), а також наступних родів *Isavirus*, *Mykissvirus*, *Quaranjavirus*, *Sardinovirus*, *Thogotovirus* [12]. Станом на 2007 рік виявлено понад 2000 варіантів (серотипів, ліній, штамів) вірусів грипу, які розрізняються між собою антигенним спектром [13]. Розглянемо більш детально саме вірус грипу А — *Alphainfluenzavirus*.

Вірус грипу А має сегментований геном з 8-ми одноланцюгових молекул РНК з негативним зарядом, які зазвичай кодують 10 вірусних білків [14] (від 12 до 14 вірусних протеїнів [15]) включаючи N40, нещодавно ідентифікований білок, який експресується з сегмента PB1 [16]. Деякі ізоляти кодують додаткові білки, які можуть посилювати реплікацію у певних видів птахів [14]. Цикл реплікації вірусу відбувається в ядрі. Віріони вірусу грипу А представляють собою сферичну форму діаметром приблизно 80–120 нм або ниткоподібну структуру товщиною приблизно 80 нм та довжиною кілька мікрометрів, серцевину та ліпопротеїдну оболонку. Зазвичай вірусні частинки (віріони) відразу після їх виділення стають ниткоподібними, але коли їх переносять у КЕ або клітини, що культивуються, вони мають тенденцію ставати однорідними сферичними частинками [17]. РНК покрита білковим капсидом, який оточений шаром матріксного білку М, який бере участь у збиранні віріонів. Нуклеокапсид має спіральний тип симетрії, що містить фермент РНК полімерази, фосфопроєїн, Добре відомо, що одночасне зараження однієї клітини двома різними вірусами грипу А призводить до змішування генів або реасортації, що може призвести до утворення нового штаму вірусу, і вважається, що більшість пандемічних вірусів людини виникли саме таким чином [16]. Віруси грипу А можна поділити на підтипи згідно з їх антигенними властивостями гемаглютиніну (Н) та нейрамінідази (N), яка використовується для проникнення вірусу у клітину-господаря під час реплікації. У даний час ідентифіковано 18 підтипів гемаглютиніну та 11 підтипів нейрамінідази [18]. Останні H17N10 та H18N11 виявлені та описані у кажанів в Центральній та Південній Америці [14, 19]. Кожен вірус має 1 підтип гемаглютиніну та 1 підтип нейромінідази у будь-якій комбінації, що загалом дає 198 можливих різних варіантів вірусу грипу [1]. Існують найбільш значущі підтипи вірусу грипу А, які варто відокремити з точки зору епізоотологічного та епідеміологічного значення.

Вірус грипу H1N1 — від цього вірусу, за оцінками, від 20 до 50 мільйонів людей у всьому світі померли — так звана «Іспанка» [20] у 1918–1919 роках та «свинячий» грип у 2009 році.

Вірус грипу H2N2 — цей підтип вірусу грипу викликав у 1957 році «азіатський грип», який за оцінками, вбив близько 1 мільйона осіб в усьому світі [21].

Вірус грипу H3N2 — у 1968 році з'явився пандемічний штам, який мав гени вірусу грипу птиці H3 та гени вірусу грипу людини, названий «гонконгським грипом». Число загиблих у США сягало 33 тисяч чоловік, але загинула менша кількість людей у порівнянні з минулими пандеміями [21].

Вірус грипу H5N1 — спричинив пандемію вірусу грипу серед птиці (пташиного грипу) у 2004 році. За даними центру ЕСТАД у червні 2006 року — 65 спалахів вірусу грипу птиці, та у 2007 році — 55 вогнищ спалаху ВПГП прийшлося на країни Азії. 5 спалахів було виявлено у країнах Китаю, Єгипту, Індонезії, Пакистану та В'єтнаму у 2008 році [22]. Саме з цього року ситуація почала погіршуватися відносно цього підтипу вірусу грипу. У липні 2013 року ВООЗ повідомила про 630 підтверджених лабораторно випадків грипу, викликаних вірусом H5N1, з яких 375 завершилися летально протягом періоду 2003–2013 років [23 (с. 2003–2013)]. Девід Набарро, головний системний координатор ООН із питань вірусу грипу птиці та людського грипу, під час прес-конференції застеріг, що потенційний спалах вірусу грипу у майбутньому може призвести до загибелі від 5 до 150 мільйонів людей по всьому світу. Дослідники виявили низку ключових подій, що сприяли перетворенню вірусу грипу птиці на пандемічний, зокрема появу нових вірусних кладів, зараження нових видів та розширення ареалу поширення. Важливо зазначити, що багато з цих процесів відбуваються значно швидше, ніж передбачалось попередніми моделями [24].

Вірус грипу H5N8 — зазначається, що новий штам вірусу грипу вперше був виявлений у качки в Китаї у 2010 році. До 2014 року спалахи

інфекції зафіксували в Японії та Південній Кореї як серед свійських, так і диких птахів. До 2016 року вірус поширився на території Індії, Монголії, США та у деяких країнах Європи. До 2020 року спалахи хвороби вже були зафіксовані у 46 країнах. Дослідники Ши та Гао наголошують, що це підтверджує високу швидкість поширення вірусу [25]. Центр ветеринарно-біологічних досліджень Вагенінгенського сільськогосподарського університету (WBVR) підтвердив 11-ий спалах вірусу грипу H5N8 на нідерландській птахофабриці з жовтня 2021 року [26].

Вірус грипу підтипу H7 був виділен від диких птахів, на відміну від H5, який був виявлений у диких птахів через спалахи серед свійської птиці [27]. На основі аналізу онлайн-баз даних послідовностей встановлено, що H7 був виявлений щонайменше у 65 видів птахів. Це свідчить про те, що широкий спектр птахів може відігравати роль у поширенні вірусу грипу H7, що є важливим для розуміння його епідеміології [28]. Вірус H7, який виявляється у свійської птиці, походить у свою чергу від диких водоплавних птахів [29, 30]. Високопатогенний вірус грипу H7 розвивається з низькопатогенного штаму H7 у популяціях свійської птиці, але немає доказів того, що він коли-небудь виникав у диких птахів [31]. Окрім того, H7 був зафіксований у свійських птахів на всіх шести континентах, що підкреслює його глобальне поширення [28]. Міжвидова передача вірусу H7 відіграє ключову роль у його еволюції. Цей підтип здатний заражати широке коло господарів, включаючи різні види птахів і ссавців, серед яких тюлені, свині, коні та люди. Це підкреслює його високий потенціал до адаптації та поширення серед різних біологічних видів [32–35].

Вірус грипу H7N1 — з кінця березня до початку грудня 1999 року було зареєстровано 199 спалахів низькопатогенного пташиного грипу (НППГ). Вірус, який спричинив епідемію, був ідентифікований як вірус грипу А підтипу H7N1 низькопатогенний. Однак 17 грудня у зграї м'ясних індиків було виявлено високопатогенний вірус грипу птиці (ВППГ), що призвів до 100 % смертності протягом 72 годин. Інфекція швидко поширилася серед

промислової популяції птахів у Італії, зокрема серед курей, цесарок, перепелів, фазанів, качок і навіть страусів. Загалом було зареєстровано 413 спалахів, що охопили понад 13 мільйонів птахів, завдавши значних економічних збитків італійській птахівницькій галузі, а також серйозних соціальних і фінансових наслідків [36].

Вірус грипу H7N3 — спалахи цього вірусу зареєстровані у Пакистані (1994–1995 рр.) серед курей, та відбулися у зв'язку із заміною та вставкою нуклеотидів А і G, що кодують основні амінокислоти вірусу грипу [37 (с. 1995–2004)]; у Чилі (2002 р.) — серед курей через негомологічну рекомбінацію, що характеризується вставкою нуклеотидів з іншого вірусного генного сегменту чи інших не вірусних джерел (господаря); в 2004 році — у Канаді, спалах серед курей, що було пов'язано з мутацією заміни нуклеотидів, рекомбінації M1 [38, 39, 40 (с. 7)]. Спалахи, зафіксовані у 2007 році в Канаді та у 2012 році в Мексиці, виявилися пов'язаними, оскільки вірус H7N3 набув кілька нуклеотидів із куриної 28S рРНК, що свідчить про генетичну рекомбінацію, яка могла сприяти адаптації вірусу до нових умов і його подальшому поширенню [41, 42].

Вірус грипу H7N7 — перший спалах відбувся у 1976 році серед курей та качок в Австралії; у 2003 році спалах у Нідерландах серед курей, через реасортацію низькопатогенного штаму H7N3 та H10N7; спалахи серед курей у Німеччині у 2015 році, у Великобританії у 2008 та 2015 роках та в Іспанії у 2009–2010 роках спровоковані через вставку нуклеотидів А і G, що кодують основні амінокислоти вірусу [43–46].

Вірус грипу H7N9 — причетний до 6-ти епідемій у Китаї, через те, що він є ендемічний для Китаю, та підтримувався в популяції свійської птиці з 2013 року, та здебільшого виявлений у курей, і рідше у домашніх качок, голубів, перепелів. З моменту виявлення H7N9 у Китаї в березні 2013 року було зареєстровано 1567 лабораторно підтверджених випадків зараження людей, з яких 39 % мали летальний наслідок. Зафіксовано також 40 випадків зараження серед груп із двох–трьох осіб, які, ймовірно, мали спільне джерело

інфекції. Основний механізм передачі вірусу людям відбувався через безпосередній контакт із свійською птицею, яка виділяла H7N9 без клінічних проявів захворювання. H7N9 виник у результаті множинних подій реасортації між трьома різними підтипами вірусу грипу: H7N7, H7N9 та H9N2 (внутрішні сегменти) та містить гени виключно пташиного походження [47–51]. Наразі має більш високі шанси до пандемій, аніж інші серотипи грипу А.

Вірус грипу H9N2 — досяг ендемічної стадії на птахівницьких фермах на Близькому Сході та в Азії. У результаті все частіше повідомляється про випадки зараження людей на вірус грипу H9N2 [52]. Випадки зараження людей вірусом грипу птиці H9N2, що продовжується, становить серйозну загрозу громадській охороні здоров'я. Поширена лінія Y280/G9 вірусу H9N2 ВПГП у китайського свійського птаха може безпосередньо зв'язуватися з рецепторами людини, збільшуючи ризик поширення інфекції на людей. З 2013 року кількість випадків захворювання людей на вірус грипу H9N2 безперервно зростає і у 2021 році Китай повідомив про найбільшу кількість випадків захворювання людей — 25 [53]. В Єгипті у 2008 році при спільній циркуляції вірусу грипу H5N1 та H9N2 на птахівницьких фермах і ринках живої птиці, збільшився ризик зараження людини, що призвело до ускладнень епідемічної ситуації [54]. Віруси грипу H9N2, які закріпилися на ринках живої птиці в Бангладеш, містять п'ять генних сегментів високопатогенного вірусу грипу H7N3 та становлять потенційну загрозу для подальшої еволюції та передачі вірусу [55]. Вірус грипу птиці А H9N2, виявлений у працівника птахівницької ферми в Пакистані у 2015 році, мав високий рівень спорідненості з вірусами, що циркулювали на місцевих фермах. Виявлено мутації у гемаглютиніну (НА), що впливає на афінність зв'язування рецепторів та антигенність. Такі зміни можуть знижувати ефективність імунної відповіді, що формується після вакцинації передпандемічними штамами H9N2 [56].

У 2013 році три підтипи ВПГП H7N9, H6N1 и H10N8 подолали міжвидовий бар'єр між видами тварин та людиною в Азії, та спричинили зоонозні інфекції, серед яких 35 % людей інфіковані H7N9 загинули, а два з трьох випадків зараження людей H10N8 також виявилися летальними, однак жоден з цих вірусів не викликав грипоподібних симптомів у свійської птиці. Більшість цих випадків були пов'язані виключно з прямим контактом інфікованої птиці, а деякі випадки мали стійку передачу від людини до людини [57].

Серотипи вірусу грипу А птиці також можуть відрізнятися залежно від їхньої патогенності, серотипи позначаються як віруси грипу птиці з низькою або високою патогенністю залежно від здатності конкретного серотипу викликати захворювання та смерть у свійської птиці [58]. Високопатогенний вірус грипу А викликає високий рівень загибелі серед птахів до 100 % [59]. Водоплавні птахи, у силу своєї поведінки та біологічного різноманіття починаючи від харчування до вибору місця довкілля та міграційних шляхів, мають важливу роль у підтриманні вірусу. Шляхи передачі вірусу грипу А фекально-оральний, який відіграє ключову роль у спалах вірусу грипу у свійської птиці. У людей і диких тварин додаткові шляхи зараження можуть включати вживання сирих або недоварених продуктів з птиці, прямий контакт із зараженими вірусом негігієнічними поверхнями або тісний контакт з інфікованим птахом [58]. Клінічні прояви залежать від тривалості інфекції та того, яких саме органів чи системи торкнулась хвороба. За миттєвого перебігу хвороби птахи можуть бути знайдені мертвими без будь-яких ознак зараження вірусом грипу, проте можуть спостерігатись наступні ознаки: пригнічення, зменшення споживання корму чи води, зменшення несучості, що призводить згодом повного припинення яйцекладки, діарея, риніт, кон'юнктивіт, фекалії можуть мати домішки слизу, жовчі або уратів. Якщо клінічний перебіг гострий чи підгострий (від 3 до 10 діб) у птахів можуть з'являтися нервові порушення, включаючи тремор голови та шиї, кривошия, опістотонус, ністагм, рухи крил, що плескають,

парези, паралічі, судоми, кругові рухи, порушення координації, втрата рівноваги та лежаче положення. Виникнення неврологічних ознак буде змінюватись в залежності від виду птаха та штаму вірусу грипу А [59].

1.2 Циркуляція вірусу грипу А в природному резервуарі

Віруси грипу А вражають широкий спектр господарів, серед яких вони циркулюють, але не тільки серед птахів, а й серед інших тварин та людей. Дикі водоплавні птахи, включаючи Гусеподібних (гуси, качки), Сивкоподібних (мартини, кулики) вважаються основними резервуарами вірусу грипу А [60]. Крім того, вірус грипу А було виділено від домашніх птахів (курка, індичка), виключаючи спорадичні інфекції та стійку передачу серед свійської птиці [61]. Вірус грипу може спустошувати популяції свійської птиці, що призводить до значних економічних втрат у сільськогосподарському секторі. Дикі та домашні птахи є основними господарями ВПГП, проте деякі підтипи вірусу грипу можуть долати видові бар'єри та заражати ссавців, часто зі смертельними наслідками. Повідомляється про підтверджені випадки ВПГП серед диких тварин — лисиць, тюленів; бродячих та домашніх тварин (собак та котів); тварин зоопарку (тигрів та леопардів), ВРХ, коней, овець, кіз та свиней [34, 49, 62–64]. Імовірно є ще тварини, які постраждали від вірусу грипу А, проте вони не були виявлені чи зареєстровані. Передбачається, що деякі ссавці є резервуарами для змішування вірусів грипу, що потенційно призводить до появи нових вірусів з підвищеною інфекційністю для тварин та людей. Результати спостережень за вірусом грипу А у перелітних водоплавних птахів показують, що близько 100 видів із 25 родин диких птахів [14], можуть служити резервуарами для вірусу грипу А та зазвичай зв'язані з іншими дикими птахами через водно-болотні угіддя [14, 58]. Разом з тим у силу природної резистентності ці птахи найменше сприйнятливі до інфекції та можуть подолати у процесі міграції значні відстані. Дикі птахи ряду Горобцеподібні, складають понад 150 родин [65], та це становить близько

60 % від усіх птахів [66]. Серед синантропних видів птахів виділяють наступні родини: Ластівкові (*Hirundinidae*), В'юркові (*Fringillidae*), Воронові (*Corvidae*), Шпакові (*Sturnidae*), Мухоловкові (*Muscicapidae*), Горобцеві (*Passeridae*). Представників цих родин можна зустріти на фермах та в урбанізованих екосистемах, де вони можуть мати багато контактів з іншими видами на одній території [65, 67, 68].

Ластівкові (*Hirundinidae*). Є виключно комахоїдними птахами, більшість свого життя знаходяться у повітрі, але достатньо часто зустрічаються на фермах через особливості їх гніздування. Дослідження цих птахів є пріоритетним, адже вони потенційно можуть відігравати роль у динаміці поширення вірусу грипу А [68–72]. Особлива поведінка цих видів полягає у харчуванні в повітрі, у результаті чого виникає запитання, яким чином вони заражаються. Шляхи передачі від ластівок до інших господарів, включно з людьми, можуть відбуватися через інфікований фекальний матеріал відкладений на поверхні. Ластівки не мають прямого контакту з іншими птахами, за винятком інших ластівок, проте зараження може відбуватись у місцях розмноження, де вони збирають бруд на мілководді для побудови своїх гнізд, і де вірус грипу має значно більші шанси на збереження у цьому бруді мілководдя, аніж у відкритих водоймах [73]. Сільські ластівки (*Hirundo rustica*) поширені на багатьох птахофабриках у Мексиці, Канаді та Зімбабве. У США під час спалаху грипу на фермі у штаті Айова вони були найбільш досліджуваним видом. Їх ідентифікують як потенційних господарів вірусу грипу А, адже за дослідження даного виду була виявлена наявність РНК вірусу грипу А [72]. У Словаччині від трьох ластівок було виділено підтипи вірусу грипу H4, H9, H10 та H11, а від клінічно здорової ластівки у В'єтнамі підтип H5N1 [68, 74, 75]. Дослідження з виявлення вірусу грипу серед ластівок у Зімбабве у 2010–2011 роках, проводилось у водно-болотних угіддях та охопило 417 ластівок, що належать до 5 різних видів. Використовуючи метод ПЛР, було виявлено геном вірусу грипу у досліджених птахів [73].

В'юркові (*Fringillidae*). Представниками цієї родини є зяблик, зеленяк, щиглик, костогриз, снігур. Але тільки деякі з цих видів є синантропними: в Євразії — зяблик звичайний (*Fringilla coelebs*), в Північній Америці — мексиканська чечевиця (*Haemorrhous mexicanus*), їх часто можна зустріти на птахофабриках, де були випадки навіть гніздування всередині пташника, а також в радіусі 500 м від самої птахофабрики, також вони зустрічаються на заболочених територіях [67, 68, 76]. У США проведені дослідження серед 420 особин мексиканських чечевиць, у 2 особин було виявлено позитивні проби до РНК вірусу грипу. В Німеччині у 2001 році було досліджено матеріал від 131 особини зябликів, але вірусу грипу ізолювано не було [68, 77]. Проведено дослідження, що вірус A/Brambling/Beijing/16/2012 (H9N2), вперше виділений у 2012 році в Китаї від здорового в'юрка (*Fringilla montifringilla*), має низьку патогенність для курей, але має потенційний ризик для здоров'я людини, оскільки адаптується до зв'язування з людськими рецепторами. Це підкреслює необхідність ретельного моніторингу вірусів H9N2 серед свійської та дикої птиці [78]. Для підтвердження чи можуть ці птахи бути потенційними переносниками вірусу грипу А потрібно провести більше досліджень птахів із цієї родини.

Воронові (*Corvidae*). Серед найбільш поширених представників — сорока, грак, сойка, ворона чорна, ворона сіра. Усі ці птахи є падальниками, що в свою чергу свідчить про їх перебування біля полігонів твердих побутових відходів [79] та на території птахофабрик, адже там можуть бути у доступі трупи, яйця тощо. Проведені дослідження підтверджують присутність цих видів на птахофабриках на постійній основі у Німеччині (здебільшого виявляли ворон), Канаді та Нідерландах (здебільшого сороки) [67, 68, 76, 80]. Після спалахів вірусу грипу H5N1 на фермах, у Бангладеш виявляли мертвих індійських ворон у радіусі 30 км від ферми, а в Японії у 2004 році у 9-ти великодзьобих ворон виявлено геном вірусу грипу H5N1. В Італії проведено масштабне дослідження з оцінювання ризиків зараження та захворюваності птахів серед родин Воронових, але наявності вірусу грипу

виявлено не було [68, 81, 82]. Науковцями Японії були проведені дослідження взаємозв'язку між граками та вірусом грипу підтипу H5N1, через те, що спалах ВПГП H5N1 було зафіксовано серед журавлів в Японії у 2010 році, що спричинило різке скорочення їхньої популяції, адже граки є перелітним, зимуючим видом птахів в Японії, вони співіснують із чорними журавлями (*Grus monacha*) та білошиїми журавлями (*Grus vipio*), які внесені до Червоного списку Міжнародного союзу охорони природи як види під загрозою зникнення. Граки були інфіковані вірусом A/mandarin duck/Miyazaki/22M807-1/2011 H5N1 і виділяли вірус пероральним шляхом до 7-го дня після інфікування, хоча в низьких концентраціях, мали рівень антитіл до вірусу грипу, також вірус виявляли в тканинах загиблих граків [83]. Граки є сприйнятливими до вірусу грипу H5N1 та можуть підтримувати його циркуляцію.

Вони виділяють вірус у низьких титрах, що вказує на обмежену роль у прямому поширенні вірусу, але можуть слугувати переносниками у зграях зимуючих птахів. Граки демонструють стійку імунну відповідь, тому серологічний моніторинг цих птахів у дикій природі може бути корисним для оцінки поширення вірусу в місцях зимівлі птахів.

Шпакові (*Sturnidae*). Шпак звичайний та шпак рожевий єдині представники родини Шпакові. Синантропні птахи, які можуть адаптуватися до різноманітного харчування від корму для худоби на фермах (є спостереження, як ці птахи проникали через вентиляційні отвори до приміщень) до харчування на полігоні твердих побутових відходів [67, 68, 79, 84]. У дослідженнях, проведених у багатьох країнах світу — Ізраїль, Велика Британія, Австралія, Грузія, Словенія, Ірак, США (Огайо), виявлено, що поширеність вірусу грипу А була дуже низькою — виявлено лише 0,58 % серопозитивних зразків (досліджено 1032 проб), а ось РНК вірусу грипу було виявлено у 26 птахів з 1450 досліджуваних та відсоток позитивності склав 1,79 %. За проведення експериментальних досліджень в Австралії, від шпака було ізольовано вірус грипу А підтипу H7N7 [68, 84]. За оцінки 4-х різних

штамів підтипу вірусу грипу H5N1, більшість птахів показала високий титр в оральних мазках, при цьому загибелі птахів не спостерігали [85]. Дослідження, проведене в Китаї, було зосереджене на зараженні шпаків вірусом грипу А. Учені встановили, що шпаки регулярно інфікуються, однак не стають постійними джерелами вірусу через обмежену здатність передавати його контактним шляхом. Це свідчить, що їхня роль у поширенні вірусу грипу А залежить від конкретного штаму вірусу та його патогенності [68, 86].

Мухоловкові (*Muscicapidae*). Найбільш чисельна родина, ряду Горобцеподібних, сюди відносять таких птахів, як мухоловка сіра, мухоловка мала, мухоловка строката, трав'янка чорноголова, трав'янка лучна, вільшанки, соловейко східний, синьошийка, дрізд чорний, дрізд співочий, чикотень, дрізд-омелюх.

Рід *Turdus* є дуже поширеним видом птахів, які зустрічаються як у містах (в урбанізованій екосистемі), так і в сільській місцевості. Наприклад, американська малинівка (*Turdus migratorius*) часто зустрічається на території птахофабрик у Північній Америці, особливо під час гніздового періоду, адже ці птахи, подібно до ластівок, використовують сільськогосподарські будівлі для облаштування гнізд. Основний їхній раціон складається з комах та дрібних плодів, тому вони не проявляють інтересу до кормів для свійських птахів, яєць чи тушок. Однак постійна присутність цих птахів на птахофабриках може становити ризик, адже вони потенційно здатні брати участь у поширенні вірусу пташиного грипу типу А. Дослідники із США виявили антитіла до вірусу грипу H5N8 у двох особин із цієї родини [68, 87].

Дрізд чорний (*Turdus merula*) — може виконувати схожу роль, оскільки його присутність фіксували на птахофабриках у Нідерландах і Німеччині. У рамках дослідження, присвяченого моніторингу вірусу грипу А серед диких птахів у США, РНК вірусу було виявлено у клоакальних змивах як у американських малинівок, так і у дроздів Свенсона (*Catharus ustulatus*). Позитивні результати тестування отримали у 5 із 133 малинівок та у 10 із

265 дроздів Свенсона. Експериментальні дослідження інфікування американських малинівок із використанням трьох штамів H5 показали високу чутливість цих птахів до вірусу грипу А (позитивні 22 з 25 особин), причому значна концентрація вірусу була виявлена у змивах із ротової порожнини. Дослідники вважають, поширеність американських малинівок на фермах у Північній Америці та їхню потенційну вразливість до вірусу пташиного грипу, цей вид необхідно вважати одним із пріоритетних для подальших досліджень, щоб оцінити можливий ризик передачі інфекції свійським птахам [68, 76, 87–89].

Дрізд блідий (*Turdus pallidus*), який мешкає в Японії, є видом, що населяє прикордонні екосистеми, через що його розглядали як потенційного носія вірусу грипу А. У дослідженні дроздів інфікували вірусом H5N1, і було встановлено, що вони виявляють високу сприйнятливість до інфекції. У загиблих птахів, які були заражені, зафіксували високі титри вірусу в легневих тканинах. Автори дослідження припускають, що дрозди можуть бути вразливими до кількох штамів вірусу грипу А, однак для точного визначення ризику вторинного поширення, пов'язаного із цим видом, необхідно провести додаткові дослідження [68, 90].

Горобцеві (*Passeridae*). Дана родина представлена двома видами: синантропним польовим горобцем (*Passer montanus*) та хатнім горобцем (*Passer domesticus*). Обидва види поширені як у міських, так і в сільських регіонах. Їх регулярно фіксують на птахофабриках у Нідерландах, Німеччині, Канаді, на південному сході Бразилії та в Мексиці, де вони мешкають як у приміщеннях, так і на прилеглих водно-болотних угіддях. Численні експериментальні дослідження були спрямовані на вивчення інфікування горобців. Здебільшого ці дослідження підтвердили, що горобці чутливі до більшості штамів вірусу грипу А, часто виділяють високі титри вірусу та здатні передавати його через контакт. У 13 дослідженнях, спрямованих на епідеміологічний нагляд за горобцями, було виявлено високу серологічну поширеність інфекції, яка становила 11,4 % серед протестованих птахів.

Водночас рівень виявлення вірусної РНК був значно нижчим і складав лише 0,64 % [67, 68, 71, 76, 88, 91]. У дослідженні вірусу H7N7 у домашніх горобців спостерігали високі титри вірусу в різних тканинах саме серед інфікованих птахів, однак, хоча третина з них загинула, контактні птахи під час досліду не заразилися. Також у трьох дослідженнях щодо H5N1 було підтверджено зараження горобців: в одному випадку птахи демонстрували слабкі клінічні ознаки, без серйозних ускладнень та смертності, а вірус був виявлений у тканинах лише частково. Ці результати свідчать про обмежену захворюваність і смертність у випадку присутності штаму H5N1. Інше дослідження показало, що горобці чутливі до чотирьох штамів H5N1, виділяючи помірні титри вірусу, але разом з тим зберігалися високі показники загибелі. Третє дослідження підтвердило значну чутливість горобців навіть до низьких доз вірусу [64, 68, 85, 92–94]. Подібні результати отримані у польових горобців у Камбоджі, де дослідження виявили як внутрішньовидову, так і міжвидову передачу вірусу H5N1. У деяких випадках у польових горобців фіксували високе вірусне навантаження та смертність, однак контактні горобці не заражались, тоді як серед курчат відбувалась контактна передача. Ще в одному дослідженні було доведено, що курчата можуть заражатися через воду, інфіковану горобцями, а також через контакт із зараженими птахами [95–97]. Експерименти з іншими вірусами грипу (наприклад, H3N8 і H9N2) також підтвердили чутливість горобців. Зокрема, дослідження в Пакистані показали ефективну передачу вірусу H9N2 між горобцями та курчатами. Водночас штам H7N9 характеризувався обмеженою контактною передачею, хоча інфіковані горобці виділяли високі титри вірусу [68, 77 (с. 2), 86].

Морські ссавці. Роль морських ссавців як носіїв або господарів потенційно зоонозних патогенів, таких як високопатогенні штами H5 і H7, залишається недостатньо вивченою. Тюлені та споріднені з ним ластоногі заражаються вірусами грипу, через вплив вірусів грипу птиці в їхньому середовищі внаслідок тісного контакту на березі. Відомо, що віруси грипу

належать до небагатьох зоонозних патогенів, які здатні викликати інфекцію у морських ссавців. Докази передачі вірусу грипу А підтипу H7N7 від тюленів до людини, а також інфікування популяцій тюленів вірусами пандемічного грипу H1N1 та грипу В без суттєвих генетичних змін підкреслюють важливість моніторингу вірусів грипу серед морських ссавців [34]. Є повідомлення щодо поширення високопатогенного пташиного грипу А (H5N1) серед морських ссавців на північному сході США, що збігається зі спалахами H5N1 серед диких птахів [98]. Також було виявлено високопатогенний вірус пташиного грипу А (H5N1), який пов'язаний із менінгоенцефалітом у морської свині (*Phocoena phocoena*), яка була викинута на берег у Швеції. Цей вірус має тісний зв'язок зі штамми, що спричинили одночасний спалах пташиного грипу серед диких птахів. Випадок підкреслює потенційний ризик поширення вірусу на ссавців–господарів [99].

Кажани. У період 2009–2011 років у Болівії та Гватемалі були виділені два нові віруси H17N10 та H18N11 грипу А з кажанів. Одним із них є H18N11, який не спричинив захворювань у тхорів — стандартної моделі для оцінки зоонозного потенціалу вірусів грипу, — а також не передавався між ними. Проте існують дані, що нові віруси грипу А, отримані від кажанів, здатні проникати в людські клітини та розмножуватися в них. Це свідчить про потенційний ризик зоонозного поширення вірусів грипу кажанів [100].

М'ясоїдні тварини. Неодноразово фіксувалися випадки інфекції вірусу грипу А серед м'ясоїдних тварин, таких як собаки та кішки. Вони були спричинені як прямою передачею вірусів грипу птиці А, так й інфекціями, викликаними людськими або свинячими штамми вірусу грипу. Крім того, спостерігалися тривалі епізоотії серед собак. Наприклад вірус грипу коней H3N8, що почав поширюватися у собак приблизно з 1999 року; вірус грипу птиці А H3N2, який уразив популяції домашніх собак в Азії та США, починаючи з 2004 року; спалах вірусу грипу N2, зафіксований у притулку для тварин у США у 2016 році [101]. У 2004 році Всесвітня організація охорони здоров'я (ВООЗ) повідомила про випадки інфікування домашніх

кішок у Таїланді високопатогенним штамом пташиного грипу H5N1. Щонайменше одна з кішок мала контакт із мертвими інфікованими курчатами. Того ж року в Таїланді були зафіксовані випадки зараження H5N1 тигрів і леопардів, які утримувалися в неволі й харчувались м'ясом інфікованих курчат. Примітно, що частина тигрів захворіла, навіть не вживаючи заражених курчат, що свідчить про можливість передачі вірусу між тваринами одного виду. Експериментальні дослідження підтвердили, що домашні кішки є сприйнятливими до H5N1, та було підтверджено горизонтальну передачу вірусу між кішками [101]. У кінці 2016 року в притулку для тварин у штаті Нью-Йорк (США) стався спалах вірусу пташиного грипу H7N2 серед кішок [62]. Для контролю ситуації кішок перевели в окреме приміщення, але через велику кількість тварин у притулку потрібно було кілька тижнів, щоб взяти спалах під контроль [102]. Серед людей, які брали участь у контролі інфекції, вірус було виявлено у одного ветеринарного лікаря. Зразок вірусу було виділено з його дихальних шляхів, хоча клінічних симптомів захворювання не спостерігалось [63]. Філогенетичний аналіз показав, що ізолят H7N2, виявлений у кішок (*A/feline/NY/2016*), генетично схожий із штамми пташиного H7N2, які циркулювали в районі Нью-Йорка протягом попереднього десятиліття. Ізолят, отриманий від кішок, демонстрував покращену реплікацію в клітинних лініях ссавців та інтенсивне ураження дихальних шляхів кішок, що свідчить про адаптацію вірусу до ссавців [103].

1.3 Лабораторна діагностика вірусу грипу А

Лабораторна діагностика базується на виділенні вірусу з біологічних проб, ними можуть бути клоакальні та оральні змиви, фекалії, відібрані від птахів, а також патологічний матеріал — легені, нирки, трахея, селезінка, печінка, кишечник та мозок, оскільки вірус грипу вражає органи дихання, ШКТ та центральну нервову систему [104–106]. Наступним етапом лабораторної діагностики вірусу грипу А є диференціювання його від

нюкаслської хвороби, інфекційного бронхіту, інфекційного ларинготрахеїту, респіраторного мікоплазмозу, а також від ряду бактеріальних інфекцій та отруєнь [104].

Існують наступні методи лабораторної діагностики вірусу грипу А:

- а) вірусологічна діагностика (виділення та ізоляція вірусу на КЕ, з подальшою ідентифікацією);
- б) молекулярно-генетична діагностика;
- с) серологічна діагностика (РДП, РЗГА, ІФА) [107].

Вірусологічна діагностика. Метою вірусологічного дослідження є ізоляція вірусу з подальшою ідентифікацією та визначенням патогенності. Виділення збудника проводять на 9–11-добових курячих ембріонах з подальшою ідентифікацією за допомогою одного із таких методів: реакції дифузної преципітації (РДП) з антисироватками, у ELISA (ІФА), реакцією затримки гемаглютинації, реакції інгібіції нейрамінідази, ЗТ-ПЛР або ЗТ-ПЛР в реальному часі. Визначення вірулентності виділеного штаму за індексом інтравенозної патогенності на 6-тижневих курчатах (який більш ніж 1,2 для штамів ВПГП) чи внутрішньовенним зараженням 4–8-тижневих курчат (ВПГП викликає загибель 75 % і більше). Допускається виділення вірусу грипу в культурі клітин [107, 108]. Індикацію вірусів грипу проводять за допомогою РГА, а ідентифікацію в РЗГА. Під час постановки РЗГА необхідно використання референтних сироваток до 16 підтипів вірусу грипу [106, 109].

Молекулярно-генетична діагностика. Даний метод діагностики за рекомендацією WHO, займає першочергове місце в постановці діагнозу, а також має безліч переваг, а саме: високу чутливість, специфічність, швидкий час для отримання результату, масштабність, вартість, кращу біобезпеку та біозахист. Рекомендовано для дослідження використовувати біологічний матеріал: тканини, органи, фекалії, клоакальні та оральні змиви [105], але вони повинні бути правильно відібрані з використанням правильного транспортного середовища, для підтримання та збереження нуклеїнової

кислоти [110]. Найбільш поширеними методами для виявлення геному вірусу грипу А є ЗТ-ПЛР у реальному часі та звичайна ПЛР з модифікаціями [111]. Проте, здебільшого, у світі надають перевагу визначенню генотипу вірусу грипу А методом ЗТ-ПЛР у реальному часі (Real-Time RT-PCR) [105, 112, 113]. Даний метод заснований на зміні флуоресценції, пропорційної до збільшення продукту. Флуоресценція відстежується протягом кожного циклу ПЛР, та надає графік ампліфікації, що дозволяє отримати результат у вигляді кількісного визначення [105]. З відкриттям нових методів секвенування генів, стає дедалі важливіше досліджувати послідовності РНК обраної ділянки гену, чи усього геному. Все частіше секвенування генів застосовується не тільки для детальної характеристики вірусів для використання у молекулярній епідеміології, але також для субтипуювання вірусів та визначення діапазону господарів, включаючи зоонозний ризик [105].

Результатом секвенування є визначення нуклеотидної послідовності, що надає можливість дослідити еволюцію вірусів та їх філогенетичні зв'язки [114], що потім використовуються для побудови філогенетичного дерева. Аналіз даних секвенування дозволяє нам провести оцінку можливих мутацій вірусів, їх поширення та прогнозувати можливі спалахи.

Серологічна діагностика. Традиційна серологічна діагностика вірусу грипу А базується на реакції затримки гемаглютинації, імуноферментному аналізі, реакції дифузної преципітації. Головний принцип серологічної діагностики — це визначення наявності антитіл як у вакцинованої, так і у не вакцинованої птиці, дослідження рівня поствакцинального імунітету та залишковий рівень материнських антитіл у курчат, або у жовтках яєць. Найбільш дешевим та відомим серологічним методом, який використовується у всьому світі та є «золотим стандартом», є РЗГА, яка рекомендована ВОАН [105]. Реакція дифузної преципітації відносно недорогий метод, швидкий, немає вибагливості до чистоти компонентів, не потребує стерильної роботи та підходить до умов з обмеженими ресурсами, але він має один єдиний недолік — низьку чутливість [105]. Наразі, його

дедалі частіше замінює ІФА, що має безліч переваг, а саме: помірну вартість та більш ефективний скринінг, який зручно використовувати під час моніторингових досліджень щодо наявності антитіл до вірусу грипу А.

1.4 Загальна характеристика вірусу лихоманки Західного Нілу

Вірус лихоманки Західного Нілу (також нейроінвазивне захворювання Західного Нілу, близькосхідний енцефаліт коней, енцефаліт Західного Нілу, західнонільський енцефаліт, «качина гарячка», Лордідж (англ. West Nile Fever, West Nile Neuroinvasive Disease, West Nile Disease, Near Eastern Equine Encephalitis, Lordige) належить до групи природно-осередкових зооантропонозних арбовірусних особливо небезпечних інфекцій (ОНІ) з трансмісивним механізмом передачі, яку спричиняє вірус роду *Flavivirus* родини *Flaviviridae* [115]. За рекомендацією експертів ВООЗ, лихоманку Західного Нілу (ЛЗН) віднесено до переліку захворювань, що контролюються на міжнародному рівні, тому що вірус здатен чинити серйозний вплив на здоров'я населення і може швидко поширюватися в міжнародних масштабах і також підпадає під регуляцію сучасних Міжнародних медико-санітарних правил (ММСП) 2005 року [116, 117, 118].

Історична довідка. ВЗН був вперше виділений у 1937 році з крові жінки, яка брала участь у дослідженні малярії в регіоні Західного Нілу, Уганда [119]. З моменту першого виявлення в Африці ВЗН поширився на майже всі континенти, за винятком Антарктиди, і сьогодні є одним із найбільш географічно поширених арбовірусів, що передаються комарами [120]. У диких птахів вірус вперше виявили у 1978 році на Мадагаскарі, і хоча він був поширений по всьому острову, епідемії чи епізоотії там не зафіксовано [121]. Найсерйозніший спалах ВЗН стався в Румунії у 1996–1997 роках, коли було зареєстровано близько 5 тисяч випадків захворювання серед людей, зокрема тяжкий енцефаліт [122]. За даними літературного огляду, на території США вірус поширений з 1999 року [123]. Останні два десятиліття спостерігається зростання поширення хвороби у Європі [124].

ВЗН є ендемічним у певних регіонах Африки, Близького Сходу, Західної Азії та Індії, а також був причиною короткочасних епізоотій у Франції, Румунії, Мадагаскарі, Сенегалі та Південній Африці [131]. Нині вірус зустрічається у Європі, Америці, Африці та Азії, що робить його значною загрозою для здоров'я людей і тварин у багатьох регіонах світу [125, 126]. Захворювання серед людей і коней фіксували в таких країнах, як Угорщина, Греція, Австрія, Чехія та Італія [120, 127–131]. До 2003 року інфекції вірусу Західного Нілу в Угорщині не супроводжувалися клінічними симптомами [122]. В Іспанії ВЗН є ендемічним і випадки зараження людей фіксуються з 2004 року [125]. У 2011 році на Мадагаскарі зареєстровано перший смертельний випадок людей, що може вказувати на приховану циркуляцію вірусу та потенційну загрозу епідемії чи епізоотії [121]. У 2018 році в Європі зафіксовано масштабні спалахи ВЗН, найбільше постраждали Сербія, Італія, Греція, Угорщина та Румунія [132]. Розширення ВЗН на північ Європи в останні роки, ймовірно, зумовлене кліматичними змінами. Наприклад, перші випадки інфікування людей було зареєстровано у Німеччині у 2018 році, а у Нідерландах — у 2020 році [133]. У 2020 році південь Іспанії став місцем безпрецедентного спалаху ВЗН серед людей, якому передував тривалий період локальної циркуляції вірусу [125]. За даними Європейського центру з профілактики та боротьби із захворюваннями (ECDC), у серпні 2018 року у країнах ЄС зареєстровано 300 випадків лихоманки Західного Нілу, із яких 144 припали на Італію. За один тиждень серпня було зафіксовано 24 летальні випадки. Загалом станом на 30 серпня 2018 року у країнах ЄС зафіксовано 710 випадків, з них найбільше в Італії (327 випадків), Греції (147), Румунії (117), Угорщині (96), Франції (11), Австрії (8) та Словенії (1) [134]. У 2022 році кількість випадків зараження лихоманкою Західного Нілу у країнах Середземномор'я зросла і було зареєстровано 1041 випадок. Це підтверджує, що вірус Західного Нілу (ВЗН) продовжує розширювати ареал, адаптуючись до нових екологічних умов та взаємодіючи з переносниками та хазяїнами, особливо у країнах з теплим кліматом [135].

Характеристика збудника лихоманки Західного Нілу. За таксономією вірусів, вірус лихоманки Західного Нілу відноситься до роду *Flavivirus*, який об'єднує збудників арбовірусних інфекцій, що переважно належать до групи особливо небезпечних захворювань [136].

Морфологія. Вірус Західного Нілу є РНК-вмісним і має антигенну структуру, схожу на інші арбовіруси, які викликають енцефаліти, а також на вірус гарячки Денге. Для збудника характерний значний антигенний дрейф, особливо у генах, що кодують поверхневі білки, а також певна здатність до гемаглютинації. Вірус є порівняно стійким у навколишньому середовищі, добре переносить висушування та заморожування. Проте він інактивується за високої температури, наприклад, при +60 °C. В Україні ВЗН віднесено до I групи особливо небезпечних патогенів. За класифікацією ВООЗ, він належить до IV групи ризику, що вимагає максимальної безпеки під час роботи з ним. Як і інші флавівіруси, геном вірусу Західного Нілу має одноланцюгову РНК позитивної полярності, що містить 10 генів, оточених 5' і 3' некодуючими областями (NCR) без поліаденільованого хвоста на 3' кінці [137–141]. Некодуючі області геному вірусу Західного Нілу утворюють петлеві структури, необхідні для реплікації вірусу [142, 143]. Вірусний геном кодує один поліпротеїн, який ко- та посттрансляційно розщеплюється на 3 структурні білки: капсид (С); Пре-М/Мембранний (prM/M); та оболонковий (Е); та 7 неструктурних (NS) білків: NS1, NS2A, NS2B, NS3, NS4A, NS4B та NS5 [120, 140, 144].

Структурно віріон ВЗН являє собою ікосаедричну частинку розміром ~50 нм, оточену ліпідним бішаром [145]. Нуклеокапсид складається з білка С, який асоціюється з геномом РНК та опосередковує складання вірусу [146,147]. Гетеродимери білків prM і Е вбудовуються в ліпідний бішар вірусу під час складання та експонуються на поверхні віріону [148]. Вважається, що prM білок захищає незрілий віріон від передчасного злиття до відділення вірусу від поверхні клітини, блокуючи петлю злиття Е, і відщеплюється під час процесу дозрівання вірусу [148–152]. Під час інфекції

утворюються зрілі, незрілі та частково зрілі вірусні частинки, що містять різну кількість незрілих молекул білка ргМ на поверхні [153]. Білок Е опосередковує як зв'язування рецептора поверхні клітини для проникнення вірусу, так і злиття з мембраною клітини-господаря [154–156]. Сім неструктурних білків відіграють важливу роль у синтезі та/або збиранні вірусної РНК. Вважається, що NS1 відіграє ранню роль регуляції вірусної реплікації [157–159]. NS3 має кілька ферментативних функцій, виступаючи в ролі вірусної серинової протеази, яка розщеплює інші неструктурні білки з вірусного поліпротеїну, в асоціації з NS2B [120]. NS2A, NS2B, NS4A та NS4B — це невеликі гідрофобні білки, які не мають відомих ферментативних функцій, але, як вважають, діють як ко-фактори для збирання та локалізації вірусного реплікаційного комплексу [160–163].

Генетична класифікація вірусу лихоманки Західного Нілу. Генетичне секвенування вірусу лихоманки Західного Нілу виявило 5 ліній ізолятів, але саме перші представляють найбільше значення для людства [120].

Лінія 1 ізоляту (перша) містить в собі патогенні штами з Північної Америки, Європи, Австралії, Африки та Азії, тоді як лінія 2 (друга) містить тільки штами з Африки (разом з вихідним штамом з Уганди) та Мадагаскару, які не схильні викликати тяжкі захворювання у людей [164]. Лінія 1 (перша) включає чотири види: індійський, кунджинський, А і В (що містить ізоляти з Індії) [165]. Ізоляти зі Сполучених Штатів знаходяться у В лінії 1 і тісно пов'язані зі штамами із Ізраїлю; усі штами вірулентні для мишей [165].

Лінія 2 ізоляту (друга) історично-ендемична в країнах Африки на південь від Сахари та на Мадагаскарі і вона викликала спорадичні зоонозні спалахи в Південній Африці [164, 166, 167]. Нещодавно штами ВЗН 2 (другої) лінії були пов'язані зі спалахами серед птахів і людей у Південній та Східній Європі [168]. Лінія 2 (друга) також була секвенована з індонезійського клінічного зразку 2004 року [169]. Було висловлено припущення, що лінія 2 ВЗН виникла в Африці і була завезена до Європи, де стала ендемічною принаймні двічі протягом останніх двох десятиліть [170].

Лінія 3 (третя) ізоляту вірусу лихоманки Західного Нілу представлена парою ізолятів, які були виділені від комарів, зібраних у прикордонному районі Чеської Республіки біля Австрії. У 1997 та 1999 роках експериментально було показано, що заражаються тільки комарі і клітини комарів [171, 172].

Лінія 4 (четверта) ізоляту ВЗН містить віруси, що циркулюють з 1988 року, включно з ізолятом від кліща у Південно-західному Кавказі та низкою ізолятів від комарів та рептилій у дельті річки Волги [173, 174].

Лінія 5 (п'ята) ізоляту, яка раніше вважалася підтипом лінії першої, містить ізоляти з Індії з 1955 року по теперішній час [120, 175, 176].

Вважається, що ВЗН реплікується у дендритних клітинах у місці інюкуляції, а потім поширюється у регіональні лімфатичні судини і вже звідти у кровотік [177]. ВЗН напряду проникає у нейрони, особливо чутливі клітини у стовбурі мозку, глибоких ядрах мозку, та клітинах передніх рогів спинного мозку [120, 178–180].

Групи ризику. Серед груп ризику лихоманки Західного Нілу (ЛЗН) відокремлюють дві: перша — це соціально-професійна група: сільське населення, особливо ті, хто проживає поблизу водойм; працівники тваринницьких комплексів і птахоферм; жителі будинків із підтопленими підвалами. Також у цій групі ризику особи, які тривалий час перебувають у природних осередках вірусу, зокрема: мисливці, туристи, лісники, грибники та військовослужбовці, що працюють у заболочених місцевостях. Друга група ризику — пов'язана з медициною: реципієнти донорської крові, органів, тканин і клітин; працівники лабораторій, які працюють із біологічними матеріалами, що можуть містити вірус; новонароджені, які народилися від інфікованих матерів. Ці категорії людей потребують особливої уваги в контексті профілактики та моніторингу ЛЗН, оскільки для них ризику інфікування та ускладнень є підвищеними. Захворюваність має виражену осінньо-літню сезонність, оскільки в цей період активність переносників вірусу (комарів) є найвищою [181].

Патогенез у птахів. Вид птаха є найважливішим фактором, який впливає на патогенез інфікування ВЗН [190–193, 195, 202]. Імунний стан птаха відіграє важливу роль у патогенезі, оскільки він впливає на здатність організму відповісти на вплив вірусу [182–184]. Під час системного інфікування активується адаптивна імунна відповідь, яка включає вироблення Т та В клітин, а також антитіл [184, 185]. Імунна відповідь у птахів може формуватися під впливом різних факторів, зокрема: попереднього імунітету проти вірусу, перехресного імунітету до інших флавівірусів, супутніх захворювань, що можуть послаблювати або змінювати імунну реакцію, гормональних чинників та стресу, які впливають на імунну систему, вікового фактору, адже молоді та старі особини можуть мати різну сприйнятливість до інфекції [191, 196, 197]. Ці чинники визначають здатність організму протистояти вірусу та ефективність імунної відповіді. Вік птаха визначає не тільки імунну відповідь, але і експресію клітинних рецепторів, важливих для проникання вірусу та внутрішньоклітинних факторів, які беруть участь у патогенезі захворювання [189, 200, 201, 205]. Найголовнішою здатністю вірусу лихоманки Західного Нілу є розмноження за умови високої температури тіла хазяїна, на прикладі дослідження генотипу ВЗН NY99 [187]. У птахів наявність периваскулярних запальних інфільтратів вказує на те, що вірус досяг ЦНС через кровотік та почалось інфікування ендотеліальних клітин [188]. Розвиток клінічного захворювання спричиняється ураженням ЦНС та/або інших основних органів, таких як печінка, нирки, селезінка та серце [183]. У більшості випадків клінічні ознаки проявляються на 5 день після інфікування ВЗН птахів, але можуть бути і відсутні як за експериментального, так і за природного зараження [182, 189]. ВЗН вражає основні системи органів та широкий спектр окремих типів клітин. Клітини моноклеарної фагоцитарної системи відіграють важливу роль у поширенні патогенезу у інфікованих птахів, оскільки вірус може реплікуватися всередині цих клітин і поширюватись в різні тканини [183, 188]. Вже на перший день після інфікування ВЗН виявляли у селезінці ворон,

а найвищий титр вірусу в тканинах фіксували на 4-й день, який поступово знижувався з 5-ого дня [188]. У соколів та сов дещо навпаки, максимальний титр вірусу в тканинах спостерігали на 7–8 день після інфікування, поступово зниження з 9-ого дня [190–192].

Клінічні прояви у птахів. У більшості птахів, інфікованих ЛЗН, клінічних ознак не спостерігається, тобто хвороба протікає субклінічно. Водночас у диких птахів у випадку інфікування вірусом ЛЗН можуть реєструватися такі ознаки: млявість, небажання рухатися, скуйовджене пір'я, відмова від корму. Також спостерігають такі клінічні симптоми: у 60 % — судоми, приблизно у 30 % з'являється атаксія, аномальне положення та рух голови, та у 20 % — тремор, некоординований політ, парез та дезорієнтація [183, 193–197]. Розвиток порушення зору та сліпота часто зустрічається у хижих птахів та сов [197, 198]. У хижих птахів можливе виявлення рецидивів неврологічних ознак, та аномальна линька зберігається до 4 років, в цілому, хвороба негативно впливає на тривалість життя птаха, суттєво його скорочуючи [189, 199]. У випадку клінічного прояву загибель інфікованих птахів може наступати протягом 24 годин [200]. Однак експериментально показано, що деякі птахи, такі як американські ворони (*Corvus brachyrhynchos*), блакитні сойки (*Cyanocitta cristata*) і великий тетерев (*Centrocercus uropasianus*), показали високу сприйнятливість до інфекції Західного Нілу, що призводить до 100 % летальності [126].

1.5 Циркуляція вірусу лихоманки Західного Нілу в природному резервуарі

Вірус лихоманки Західного Нілу підтримується у природі в ензоотичному циклі між птахами та комарами (рис. 3) [120], але також може інфікувати людей та інших хребетних, викликаючи серйозні захворювання, що призводить до смерті. Дослідники припускають, що в екології вірусу ЛЗН діють два цикли передачі. Перший цикл, або міський цикл, зосереджений навколо синантропних видів птахів, які живуть біля людей. Висока щільність

переносників комарів *Cx. pipiens*, які харчуються як кров'ю птаха так і ссавців, може спричинити захворювання серед людей. Другий цикл, або лісовий цикл розвивається за рахунок перелітних птахів, які можуть уражуватися вірусом ЛЗН, харчуючись орнітофільними комарами *Cx. periguus (univittatus)*, і заносити його у міські умови. Передбачається, що ці 2 цикли можуть підтримувати себе незалежно, особливо у тропічному чи субтропічному клімату, де вірус є ендемічним [201].

Шляхи передачі та переносники ЛЗН. Комарі являються природними переносниками вірусу лихоманки Західного Нілу. Комар харчується кров'ю хазяїна-переносника, арбовірус розмножується всередині комара та потім передається сприйнятливому хазяїну через укуси, або секрецію слинних залоз [120].

У порівнянні з іншими арбовірусними інфекціями, такими як вірус Денге або вірус жовтої лихоманки, вірус лихоманки Західного Нілу може передаватись різними видами комарів, а саме 45 видами, які відносяться до 8 рядів, вони відіграють роль «мостових переносників» вірусу [120, 202, 203]. Найбільшу роль у поширенні вірусу лихоманки Західного Нілу відіграють види комарів з роду *Culex*: *Cx. pipiens*, *Cx. quinquefasciatus*, *Cx. tarsalis*, *Cx. restuans* [120, 204], але інші види можуть також слугувати локалізованими осередками передачі [204]. Комарі роду *Aedes*, які є переносниками споріднених флавівірусів, також можуть слугувати переносниками ВЗН [202]. Незважаючи на те, що передача вірусу через комарів є найбільш поширеним шляхом розповсюдження вірусу, він також може передаватися напрямку, якщо інфікована тварина або комарі виступають у якості харчового ланцюга, або якщо птахи контактують з клоакальними або оральними рідинами інших птахів з високим ступінем віремії ВЗН [205]. Контактна передача може бути епідеміологічно значущою, якщо велика кількість птахів концентрується в одному районі чи місці, наприклад під час міграції чи гніздування [206]. ВЗН також має шлях передачі від людини до

людини при донорстві крові, трансплантації органів, та через грудне молоко (вигодовування) [207–211].

Дикі птахи. Дикі птахи мають високу віремію, що дозволяє заражати комарів [212–216]. Птахи сімейства вранових (ворони, сойки) часто хворіють або гинуть, тоді як інші види (граклі, горобці) виживають із меншою смертністю [217]. Деякі горобцеподібні (дрізд мандрівний, чечевиця мексиканська) є ключовими у поширенні вірусу в США [218]. Серологічні дослідження виявили серопозитивність у мігруючих птахів на Кіпрі (кропив'янки, горобці, вивільги, очеретянки) [219]. Хижі птахи також уразливі та можуть передавати вірус через хижацтво [206]. Випадки інфікування серед білих лелек, стерв'ятників, голубів та кільчастих горлиць зареєстровані в Ізраїлі [206, 220].

Голуби. В Ізраїлі (1998–2000) серопозитивність серед диких голубів сягала 50 % [206]. У Південній Кореї вірус був виявлений у домашніх голубів за допомогою ПЛР та ІФА [221]. Дослідження в Нігерії виявило серопозитивність 3,5 % серед 376 домашніх голубів [222].

Лелеки. Під час міграцій лелек у період 1986–2000 рр. в Німеччині були проведені серологічні дослідження до ЛЗН на виявлення антитіл реакцією нейтралізації, з яких відсоток серопозитивності склав 14,3 % [201]. При дослідженні лелек у Ізраїлі, перед міграцією на південь, відсоток серопозитивності склав майже 60 %, з них 17 % — молоді лелеки.

Гуси. Вірус лихоманки Західного Нілу вперше виявлено в Ізраїлі у 1997 році серед молодих домашніх гусей [220]. При визначенні ролі гусей в арбовірусному інфекційному циклі, молодих гусей заражали підшкірним або внутрішньом'язовим шляхом з низьким пасажем культур клітин вірусу ЛЗН, виділеного від гусака, що показував клінічні ознаки захворювання. Дослідження показало, що усі гуси через 24 годин після зараження мали достатній рівень віремії, пікові титри були досягнуто на 2–4-й день [201].

Кури. Дослідженням у Мексиці доведено, що кури сприйнятливі до зараження штатом ВЗН NY99 зберігаючи при цьому достатньо помірну

концентрація вірусу в крові [216]. У Нігерії дослідження сироваток крові 78 домашніх курей виявило 7,69 % серопозитивності, що вказує на широке розповсюдження та потенційний ризик зараження даного виду птахів [215].

Ссавці. Вірус лихоманки Західного Нілу виявлено у понад 30 видів ссавців, рептилій та амфібій. Передачу вірусу можуть підтримувати лемури, хом'яки, білки, кролики та бурундуки [89, 92–98, 220, 238–243]. Коні можуть серйозно хворіти, але не беруть участі у поширенні вірусу через низьку віремію [205]. Собаки та коти можуть бути індикаторами ризику зараження людей [229, 230]. При оцінці ролі кішок, встановлено, що вони можуть заражатися через поїдання інфікованих мишей, також у них підтверджено оральну передачу [231]. В Європі: 26 % собак, 9 % кішок, бродячі та сільські тварини мають вищі показники [229]. У Китаї при дослідженні собак та кішок, серед яких 4,6 % собак, 14,9 % кішок мали вищу серопозитивність серед безпритульних тварин [230].

1.6 Лабораторна діагностика вірусу лихоманки Західного Нілу

Для лабораторної діагностики ВЗН за рекомендацією ВОАН [232]. потрібно використовувати комплексний підхід, що включає молекулярні, вірусологічні та серологічні методи. Вибір тесту залежить від виду тварини, стадії інфекції та лабораторних можливостей.

А. Ідентифікація збудника:

Культивування in vitro/in vivo. У птахів для виділення вірусу можна використовувати різноманітні тканини, такі як мозок, серце чи печінка [233]. Для діагностики у загиблих коней найкращими зразками є мозок (особливо задній і довгастий мозок) і спинний мозок [234]. ВЗН добре розмножується в сприйнятливих клітинних культурах, таких як клітини нирок кролика, хом'яка чи свині. Первинна ізоляція також можлива в ембріонах курячих яєць. Для підтвердження наявності вірусу використовуються методи непрямого флуоресцентного фарбування антитілами на інфікованих культурах або молекулярні методи виявлення нуклеїнових кислот

(наприклад, ПЛР). Цей підхід дозволяє підвищити точність діагностики та ізоляції ВЗН, особливо в лабораторних умовах.

Молекулярні методи — виявлення нуклеїнової кислоти [232]. Описано декілька методів полімеразної ланцюгової реакції для ідентифікації збудника вірусу лихоманки Західного Нілу, деякі з них доступні у вигляді комерційних наборів. Сюди можемо віднести ПЛР зі зворотною транскриптазою у реальному часі (ЗТ-ПЛР), яка здатна виявити як лінію 1, так і лінію 2 ВЗН [235]. Крім того, описана класична ПЛР з використанням електрофорезу, яку було розроблено для виявлення північноамериканських штамів лінії 1 [236]. Обидва аналізи успішно використовують зі зразками, відібраними в польових умовах. Зразки, які рекомендуються для дослідження на ВЗН у ЗТ-ПЛР — мозок, печінка, селезінка, кишечник та пули комах. Також можливе використання «гніздової» ПЛР, яка є найбільш чутливим методом, та рекомендується для тестування зразків тканин мозку, які можуть містити невелику кількість вірусу.

Виявлення антигену у клітинах біологічних тканин на основі реакції антиген–антитіло, метод імуногістохімії [232]. Імуногістохімічне (ІГХ) забарвлення тканин, фіксованих у формаліні, є надійним підходом для виявлення вірусу Західного Нілу у птахів. Цей метод дозволяє ідентифікувати вірус у таких тканинах, як мозок, серце, нирки, селезінка, печінка, кишечник та легені, які часто виявляються позитивними на інфекцію за дослідження птахів. При дослідженні зразків від коней — виявляється низька чутливість, можливо хибно-негативні результати. Також за рекомендацією WOAH, можливе використання швидких тестів для живих птахів — аналіз оральних та клоакальних зразків, що забезпечує скринінг на наявність інфекції.

В. Серологічні дослідження

Для визначення антитіл до вірусу лихоманки Західного Нілу у сироватках крові використовуються кілька серологічних методів,

запропоновані WOAH, які дозволяють виявити специфічну імунну відповідь у тварин [115, 232, 237].

Імуноферментний аналіз (ІФА) з виявленням IgM: Використовується переважно для досліджень у коней, котрий виявляє гострі інфекції. Виявляє антитіла IgM, які з'являються через 7–10 днів після інфікування і можуть зберігатися до 2-х місяців.

Імуноферментний аналіз (ІФА) з виявленням IgG: Використовується для виявлення антитіл IgG, які з'являються на пізніх стадіях інфекції. Найчастіше застосовується для птахів.

Реакція гальмування гемаглютинації (РГГА): Використовується для птахів.

Реакція нейтралізації (РН): Надзвичайно високочутливий та специфічний метод серед серологічних досліджень за даними WOAH. Метод спрямований на виявлення вірус-нейтралізуючих антитіл. Дозволяє одночасно оцінити титр антитіл до споріднених флавівірусів. Є найточнішим серед доступних серологічних тестів [232].

Реакція мікронейтралізації (РМН) — дозволяє ідентифікувати та кількісно оцінити антитіла до лихоманки Західного Нілу, що містяться у досліджуваних зразках. Його ефективність співставна з реакцією нейтралізації бляшкоутворення [238], проте він потребує меншого об'єму зразка, ніж РН, що робить його більш зручним для використання у випадках, коли доступна лише обмежена кількість біоматеріалу [239].

1.7 Висновок з огляду літератури

За проведеним аналізом літературних джерел, можна зробити висновок, що дикі птахи є основним природним резервуаром не тільки вірусу грипу А, а і арбовірусної інфекції лихоманки Західного Нілу. Дикі птахи є невід'ємною частиною екосистеми, більшість з них мають щорічні міграції, які часто перевищують 500 км, спільні ночівлі та ресурси, що сприяє обміну та поширенню вірусів на великі відстані. Через велику кількість контактів з

іншими ссавцями та членистоногими їхнє коло як природного резервуару розширюється. Горобцеподібні є найбільшою групою птахів. Усього нараховують близько 6500 видів птахів, приблизно два з кожних трьох видів є горобцеподібними. Горобцеподібні розповсюджені по всьому світу, окрім Антарктиди. Завдяки своєму різноманіттю та поширенню горобцеподібні є одними з найвідоміших із усіх птахів і займають чільне місце як у людському житті, так і в науці. Їх різновид у дикій природі робить їх чудовими тваринами–моделями для польових досліджень стійкості до захворювань [240]. Поширеність вірусів грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу залежить від географічного розташування та сезону року, здебільшого циркуляція вірусів грипу А буде зростати під осінньої–весняної міграцій, проте навпаки при циркуляції ЛЗН — при підвищенні температури навколишнього середовища — весна–літо [241].

РОЗДІЛ 2

МАТЕРІАЛИ ТА МЕТОДИ

Робота виконувалась у період 2021–2025 рр. у відділі вивчення хвороб птиці та молекулярної діагностики Національного наукового центру «Інститут експериментальної і клінічної ветеринарної медицини», м. Харків.

2.1 Відбір проб біологічного матеріалу від диких птахів

Відбір зразків. Для відбору проб біологічного матеріалу від диких лісових птахів ряду Горобцеподібні були обрані місця масового їх скупчення у період гніздування, зимівлі, весняної та осінньої міграції на території України (рис. 2.1). Відлов здійснювали за допомогою павутинних сіток у Харківській Полтавській, Одеській, Київській, Хмельницькій та Львівській областях, у тому числі у НПП «Слобожанський», НПП «Гомільшанські ліси», біостанції «Гайдари», РЛП «Нижньоворсклянський», НПП «Тузлівські Лимани», еколого-дослідницька станція «Глибокі Балики», Малієвецький парк та НПП «Яворівський». Дослідження в об'єктах природно-заповідного фонду проводилися у відповідності до договорів про наукову співпрацю. Дослідження проводили з дотриманням усіх вимог та гуманного поводження з дикими птахами, усі птахи були випущені на волю.

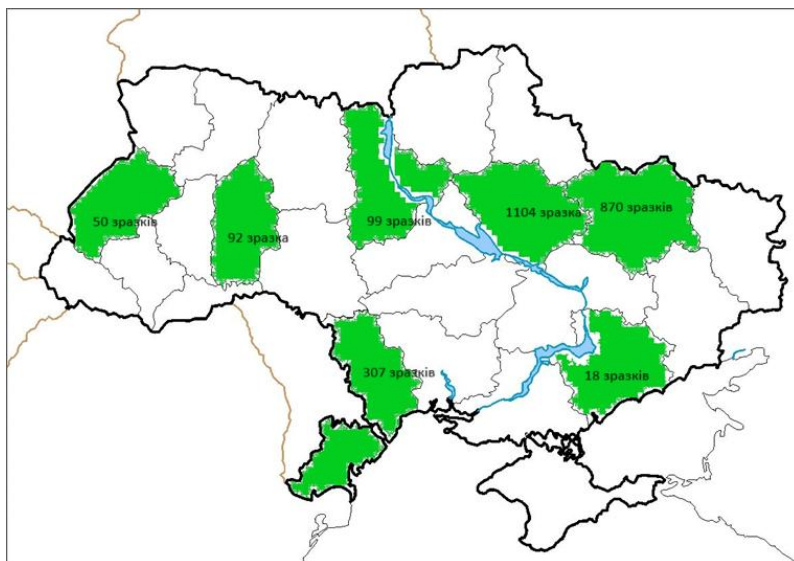


Рис. 2.1. Місця відбору біологічного матеріалу та кількість зразків від диких птахів ряду Горобцеподібні у 2021–2024 рр.

Від 54 видів диких птахів, які належать до ряду Горобцеподібні було зібрано 2534 зразки, з них: фекалії — 368 проб, клоакальні змиви — 1225 проб, оральний змив — 460 проб, сироватка крові — 472 проб, екстракт жовтка — 9 проб. Кількість проб та їх види, які відібрані від різних видів птахів у період 2021–2024 рр. наведена у таблиці 2.1.

Таблиця 2.1

**Відбір проб біологічного матеріалу від диких птахів ряду
Горобцеподібних на території України в період 2021–2024 років**

Родина птахів	Вид птаха	Кількість зразків біологічного матеріалу				Всього, загальна кількість зразків
		Оральний змив	Клоакальний змив	Фекалії	Сироватка крові	
1	2	3	4	5	6	7
Горобцеподібні						
Ластівкові (<i>Hirundinidae</i>)	Ластівка міська (<i>Delichon urbica</i>)	15	15	-	7	37
	Ластівка сільська (<i>Hirundo rustica</i>)	17	17	-	12	46
Плискові (<i>Motacillidae</i>)	Плиска біла (<i>Motacilla alba</i>)	-	2	1	1	4
	Плиска жовта (<i>Motacilla flava</i>)	-	1	1	1	3
Сорокопудові (<i>Laniidae</i>)	Сорокопуд терновий (<i>Lanius collurio</i>)	9	9	-	5	23
	Сорокопуд чорнолобий (<i>Lanius minor</i>)	-	1	1	-	2
Вивільгові (<i>Oriolidae</i>)	Вивільга (<i>Oriolus oriolus</i>)	4	4	-	4	12
Шпакові (<i>Sturnidae</i>)	Шпак звичайний (<i>Sturnus vulgaris</i>)	1	49	1	2	53
Воронові (<i>Corvidae</i>)	Сойка (<i>Garrulus glandarius</i>)	3	6	4	6	19
Волові очка (<i>Troglodytidae</i>)	Волове очко (<i>Troglodytes troglodytes</i>)	2	1	3	-	6

1	2	3	4	5	6	7
Тинівкові (<i>Prunellidae</i>)	Тинівка лісова (<i>Prunella modularis</i>)	-	1	-	-	1
Кропив'янкові (<i>Sylviidae</i>)	Кобилочка солов'їна (<i>Locustella luscinioides</i>)	-	1	1	-	2
	Очеретянка велика (<i>Acrocephalus arundinaceus</i>)	4	9	4	9	26
	Очеретянка індійська (<i>Acrocephalus agricola</i>)	-	16	6	2	24
	Очеретянка лучна (<i>Acrocephalus schoenobaenus</i>)	-	-	-	1	1
	Очеретянка ставкова (<i>Acrocephalus scirpaceus</i>)	-	32	20	4	56
	Берестянка звичайна (<i>Hippolais icterina</i>)	-	1	1	-	2
	Кропив'янка прудка (<i>Sylvia curruca</i>)	-	32	24	-	56
	Кропив'янка рябогруда (<i>Sylvia nisoria</i>)	4	4	-	2	10
	Кропив'янка сіра (<i>Sylvia communis</i>)	9	23	3	8	44
	Кропив'янка чорноголова (<i>Sylvia atricapilla</i>)	8	23	12	11	54
	Вівчарик-весняний (<i>Phylloscopus trochilus</i>)	-	17	8	-	25
	Вівчарик-ковалик (<i>Phylloscopus collybita</i>)	6	19	4	-	29

1	2	3	4	5	6	7
Золотомушкові (<i>Regulidae</i>)	Золотомушка жовточуба (<i>Regulus regulus</i>)	-	-	12	-	12
Мухоловкові (<i>Muscicapidae</i>)	Мухоловка білошия (<i>Ficedula albicollis</i>)	3	12	7	4	26
	Мухоловка мала (<i>Ficedula parva</i>)	-	1	-	-	1
	Мухоловка сіра (<i>Muscicapa striata</i>)	3	4	1	3	11
	Мухоловка строката (<i>Ficedula hypoleuca</i>)	-	1	1	1	3
	Трав'янка лучна (<i>Saxicola rubetra</i>)	1	1	-	-	2
	Трав'янка чорноголова (<i>Saxicola torquata</i>)	-	1	1	-	2
	Горихвістка чорна (<i>Phoenicurus ochruros</i>)	1	1	1	-	3
	Вільшанка (<i>Erithacus rubecula</i>)	22	90	37	14	163
	Соловейко східний (<i>Luscinia luscinia</i>)	2	5	3	4	14
	Дрізд співочий (<i>Turdus philomelos</i>)	30	71	29	63	193
	Дрізд чорний (<i>Turdus merula</i>)	30	62	22	58	172
	Омелюх (<i>Bombycilla garrulus</i>)	-	10			10
	Синьошийка (<i>Luscinia svecica</i>)	1	1	-	-	2
	Чикотень (<i>Turdus pilaris</i>)	-	18	-	-	18

1	2	3	4	5	6	7
Суторові (Paradoxornithidae)	Синиця вусата (<i>Panurus biarmicus</i>)	-	4	-	-	4
Довгохвості синиці (Aegithalidae)	Синиця довгохвоста (<i>Aegithalos caudatus</i>)	-	3	13	-	16
Синицеві (Paridae)	Гаїчка болотяна (<i>Parus palustris</i>)	6	13	7	-	26
	Синиця велика (<i>Parus major</i>)	100	249	57	87	493
	Синиця блакитна (<i>Parus caeruleus</i>)	22	26	7	-	55
Повзикові (Sittidae)	Повзик (<i>Sitta europaea</i>)	-	2	2	-	4
Підкоришникові (Certhiidae)	Підкоришник звичайний (<i>Certhia familiaris</i>)	-	1	-	-	1
Горобцеві (Passeridae)	Горобець польовий (<i>Passer montanus</i>)	29	67	16	24	136
	Горобець хатній (<i>Passer domesticus</i>)	11	74	-	11	96
	Горобець чорногрудий (<i>Passer hispaniolensis</i>)	-	6	-	6	12
В'юркові (Fringillidae)	Зяблик (<i>Fringilla coelebs</i>)	27	69	22	44	162
	Зеленяк (<i>Chloris chloris</i>)	54	96	22	51	226
	Щиглик (<i>Carduelis carduelis</i>)	13	21	2	8	44
	Костогриз (<i>Coccothraustes coccothraustes</i>)	16	22	4	20	62
Вівсянкові (Emberizidae)	Вівсянка звичайна (<i>Emberiza citrinella</i>)	3	14	7	5	29
	Вівсянка очеретяна (<i>Emberiza schoeniclus</i>)	-	1	-	-	1
Всього	54	460	1225	368	472	2525

Проведені відбори яєць диких птахів в місцях гніздування в кількості 1 яйце з гнізда для подальшого приготування їх в екстракт жовтків. Всього було відібрано 9 яєць від 5-ти видів на сході (Полтавська область) та заході (Хмельницька область) країни. Перелік видів птахів у таблиці 2.2.

Таблиця 2.2

Відбір яєць від дуплогнізних птахів ряду Горобцеподібних

Вид птаха	Локація	Кількість
Зеленяк (<i>Chloris chloris</i>)	НПП «Нижньоворсклянський» Полтавська область	3
Зяблик (<i>Fringilla coelebs</i>)	с. Маліївці, Хмельницька область	1
Синиця велика (<i>Parus major</i>)	Горішні Плавні, Полтавська область	1
Дрізд співочий (<i>Turdus philomelos</i>)	с. Маліївці, Хмельницька область	2
Дрізд чорний (<i>Turdus merula</i>)	с. Маліївці, Хмельницька область с. Балико-Щучінка, Київська область	2
Всього	Видів	5
	Кількість	9

Відбір та підготовка проб до досліджень. Відбір проб біологічного матеріалу: оральні та клоакальні змиви, фекалії проводили згідно із загальноприйнятими методиками та з дотриманням усіх біоетичних вимог [105, 242]. Для цього використовували кріопробірки об'ємом 1–2 см³ Cryovial®, Simport (Канада), а також Cryo Tube 2.0 ml Techno Plastic Products (Швейцарія). Клоакальні та оральні змиви, фекалії відбирали за допомогою одноразових стерильних тампонів (аплікаторів) із синтетичними волокнами фірми Puritan, та фірми Flocked SWAB. У якості транспортного середовища було використано мозково-серцевий бульйон з додаванням антибіотиків, pH 7,0–7,4 [243], а також DNA/RNA Shield Reagent (США) для молекулярно-генетичних досліджень [244]. Після відбору біологічного матеріалу

(клоакальні змиви, оральні змиви, фекалії), зразки заморожували у рідкому азоті за температури $(-196)^\circ\text{C}$, де вони зберігалися під час транспортування. В лабораторії зразки зберігалися в морозильній камері за температури $(-75)^\circ\text{C}$ до початку досліджень. Транспортування проб проводили згідно із міжнародними правилами транспортування інфекційних матеріалів, які виключали розсіювання збудника в навколишньому середовищі [245].

При підготовці проб біологічного матеріалу (фекалії, клоакальні змиви) для вірусологічних досліджень додавали суміш антибіотиків та витримували протягом 30 хвилин за температури $(4 \pm 0,5)^\circ\text{C}$. Фекалії гомогенізували та готували 10–20 % суспензію на фосфатно-сольовому буфері (ФСБ $\text{pH}=7,2 \pm 0,1$). До суспензії фекалій додавали суміш антибіотиків та витримували (30–60) хвилин за температури $(4 \pm 0,5)^\circ\text{C}$ (таблиця 2.3) [109, 249].

Клоакальні змиви, суспензію фекалій освітлювали центрифугуванням за 800–1000 g упродовж 10 хв. Після цього надосадову рідину використовували для інфікування ембріонів [105, 247].

Таблиця 2.3

Концентрація антибіотиків у транспортних середовищах

Антибіотики	Клоакальні змиви та зразки фекалій	Зразки тканин, назооральні та трахеальні змиви
Пеніцилін	10 000 ОД/см ³	2 000 ОД/см ³
Стрептоміцин	10 000 мкг/см ³	2 000 мкг/см ³
Гентаміцин	0,25 мг/см ³	0,05 мг/см ³
Ністатин	5 000 ОД/см ³	1 000 ОД/см ³

2.2. Серологічні дослідження

Дослідження спрямовані на виявлення АТ до вірусу грипу А та до вірусу лихоманки Західного Нілу у сироватках крові та жовтках яєць від диких птахів. Наявність антитіл визначали у сироватках крові та екстрактах жовтків яєць шляхом постановки імуноферментного аналізу з використанням

тест-системи «ID.Vet — ID Screen Influenza A Antibody Competition Multi-Species» (виробник Франція) та тест-системи «ID.Vet — ID Screen West Nile Competition/ID. Screen Flavivirus Competition» (виробник Франція), згідно інструкцій до наборів. Також визначали наявність антитіл до збудника вірусу грипу А підтипу H5 та H7 у жовтках яєць за допомогою реакції затримки гемаглютинації (РЗГА) за загальноприйнятими методиками з використанням тест-системи для виявлення антитіл до вірусу грипу птиці підтипів H5 та H7, виробництва ТОВ «Ветеринарна медицина». Постановку та облік реакції затримки гемаглютинації здійснювали за рекомендаціями WOAH [242, 248].

Кров відбирали з підкрильцевої вени за допомогою сталевого стерильного скарифікатора Igar, або стерильної голки Alexpharm 22 G у капілярну систему взяття крові — мікро пробірку з активатором згортання крові Microvette CB 300 за допомогою одноканального піпет-дозатора Biohit-Proline 2–20 мкл, або одноканального піпет-дозатора DragonLab 20–200 мкл з подальшим центрифугуванням з метою отримання сироватки крові [249]. Після центрифугування відбиралась сироватка крові за допомогою одноканального піпет-дозатора у мікропробірку 0,5–1,5 мл Eppendorf. Відбір сироваток крові супроводжувався подальшим зберіганням за температури (-20) °C.

Відбір яєць проводили шляхом вилучення одного ненасидженого яйця із гніздівель диких птахів. Транспортування проводили за температури (+4–8) °C. Для проведення досліджень екстрактів жовтків яєць, їх готували за методикою, розробленою в Національному науковому центрі «Інститут експериментальної і клінічної ветеринарної медицини» [250]. Жовтки ретельно змішували з ФСБ у співвідношенні 1:1, додавали до цієї суміші рівний об'єм хлороформу, шутелювали протягом 5–10 хв і центрифугували за 1000 g упродовж 15 хв. Надосадову рідину відбирали та використовували для подальших досліджень.

2.3. Вірусологічні дослідження

Вірусологічні дослідження польових зразків від диких птахів. Для вірусологічних досліджень біологічного матеріалу від диких птахів використовували 9–10 добові курячі ембріони, які отримані від курей, вільних від антитіл до вірусу грипу, з господарств, благополучних щодо інфекційних захворювань.

Надосадовою рідиною, отриманою після центрифугування зразків, інфікували 9–10 добові курячі ембріони в дозі 0,1–0,2 см³ в алантоїсну порожнину. Після інфікування КЕ інкубували в термостаті при температурі $37 \pm 0,5$ °C впродовж 4–7 днів, в середньому 5 днів. В процесі інкубації ембріони овоскопували раз на добу. Ембріони, які загинули впродовж перших 24-х годин, знищували. Через 96–120 годин усі ембріони охолоджували за температури 4–6 °C протягом 13–18 годин та піддавали розтину. На кожен зразок використовували не менше 2–4 ембріонів [247].

Про наявність у досліджуваних пробі збудника вірусних захворювань свідчила загибель ембріонів (за винятком першої доби), відставання в розвитку живих, наявність патологічних змін та позитивна реакція гемаглютинації при виключенні контамінації бактеріальною мікрофлорою. Виключення контамінації екстраембріональної рідини сторонньою бактеріальною та грибовою мікрофлорою проводили висівом біологічного матеріалу на прості рідкі та тверді поживні середовища (МПА, МПБ, тіогліколіве середовище). Наявність вірусу визначали в РГА за наявністю гемаглютинації. РГА проводили з 1 % суспензією еритроцитів півнів-донорів старше 6-ти місячного віку, за методикою, рекомендованою Всесвітньою організацією з охорони здоров'я тварин [105, 247].

Вивчення біологічних властивостей вірусу: здатності культивуватися на КЕ та титрування вірусу. Вірусний матеріал зберігався у колекції ННЦ «ІЕКВМ» у рідкому стані за температури (-80) °C. Для визначення біологічної активності вірусів (їх титрацію) готували десятикратні

розведення їх від 10^{-1} до 10^{-10} на ФСБ з додаванням антибіотиків. Отримані розведення витримували за кімнатної температури впродовж 30 хвилин. На кожне розведення брали не менше 4 ембріонів. Інфікування КЕ здійснювали згідно із загальноприйнятими методиками [104, 242, 249]. Інфікування КЕ здійснювали в алантоїсну порожнину у дозі $0,2 \text{ см}^3$. Період інкубування інфікованих ембріонів за температури $(37 \pm 0,5) ^\circ\text{C}$ та відносній вологості 60 % становив 96–120 годин. Інфекційну активність вірусу визначали за Рідом та Менчем ($\text{EID}_{50}/\text{см}^3$ та $\text{ELD}_{50}/\text{см}^3$).

При розтині ембріонів екстраембріональну рідину від кожного ембріону відбирали індивідуально в окремі флакони. Гемаглютинуючу активність вірусу визначали в РГА в полістиролових планшетах з V-подібною формою дна з використанням 1 % суспензії еритроцитів півня згідно рекомендацій ВОАН. Критерієм відбору вірусміщуючого матеріалу для подальшого пасажування були якість екстраембріональної рідини, час загибелі КЕ та титр гемаглютининів (стосується гемаглютинуючих вірусів).

Ідентифікація польових ізолятів. Ідентифікацію гемаглютинуючих ізолятів проводили за допомогою РЗГА з використанням референтних сироваток крові [242, 248]. Для досліджень використовували референтні сироватки крові до орто- та авуловірусів з референс-лабораторій Veterinary Laboratories Agency (Вейбрідж, Великобританія) та Референс-лабораторії з грипу Міжнародного епізоотичного бюро Інституту Зоопрофілактики (Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, м. Падуга, Італія) (таблиця 2.4).

2.4 Молекулярно-генетичні дослідження

Молекулярно-генетичні дослідження, а саме ПЛР, були спрямовані на виявлення генетичного матеріалу (таргетного гену М, гену РВ1, підтипів Н1, Н3, Н4, Н5, Н6, Н7, Н9) вірусу грипу А в біологічному матеріалі від птахів. Дослідження проводили в лабораторії молекулярної діагностики ННЦ «ІЕКВМ».

**Перелік референтних до вірусу грипу та до параміксовірусів сироваток,
які використовували для досліджень**

Підтип ортоміксо-/авуловірусу	Штам вірусу
H1N1	A/Dk/Alberta/35/76
H2N3	A/Dk/Germ/1215/73
H3N8	A/Psitt/Italy/2873/00
H4N6	A/Dk/Czech/56
H5N1	A/Ck/Scot/59
H5N2	чирянка/Джанкой/4-17-11/10
H5N3	A/duck/It/775/04
H5N8	A/гуска білолоба/АН/1-15-12/16
H6N8	A/Ost/RSA/946/98
H7N1	курка/Росія/87
H7N7	A/Tky/Eng/647/77
H8N4	A/Tky/Ont/6118/68
H9N2	A/Tky/Wisc/1/66
H10N7	A/Ck/Germ/N/49
H11N6	A/Dk/Eng/56
H12N5	A/Dk/Alberta/60/76
H13N6	A/Gull/Maryland/74
H14N6	A/Mall/Gurj/244/82
H15N9	A/Shearwater/Australia/2576/79
H16N3	A/Gull/Denmark/68/110
AaV-1	Ulster 2 C
AaV-2	Yucaipa
AaV-3	Tky/1087/82
AaV-4	P/Duck/HK/D3/75
AaV-6	Duck/Hong Kong/199/77
AaV-7	P/Dove/TN/4/75
AaV-8	P/Goose/Del/1053/76
AaV-9	P/Dk/NY/22/78

Для виділення РНК використовували клоакальні змиви та фекалії від птиці, які були зібрані у середовище DNA/RNA Shield Reagent (США) та у

середовище з використанням мозково-серцевого бульйону з додаванням антибіотиків, рН 7,0–7,4 [243].

Виділення РНК і ЗТ-ПЦР. Екстракцію нуклеїнових кислот здійснювали за допомогою комерційних наборів для виділення Quick-DNA/RNA Viral Kit (ZYMO RESEARCH) або Patho Gene-spin™ DNA/RNA Extraction Kit (США) [253] згідно з настановою виробника [252]. Для проведення полімеразної ланцюгової реакції у реальному часі застосовували стандартні операційні процедури [254–256]. Для приготування реакційної суміші використовували комерційний набір AgPath-ID™ OneStep RT-PCR Reagents (Applied Biosystems™), пропис приготування реакційної суміші для проведення ПЛР у реальному часі на виявлення таргетного гену М вірусу грипу (табл. 2.5) та класичної ПЛР, на виявлення гену PB1 вірусу грипу, з подальшим встановленням приналежності у ПЛР у реальному часі до підтипів вірусу грипу H1, H3, H4, H5, H6, H7, H9, що наведено у таблиці 2.5 [254, 255, 256, 257]. Кінцеві концентрації праймерів та їх послідовність наведено у таблиці 2.6 та 2.7.

Ампліфікацію у режимі реального часу проводили за допомогою термоциклера FAST 7500 («Applied Biosystems», США). Програма ампліфікації для виявлення **таргетного гену М вірусу грипу** була наступна: зворотна транскрипція 45 °С протягом 10 хв, ініціація активації ПЛР 95 °С протягом 10 хв, 40 циклів денатурації 95 °С протягом 10 с, відпалу 64 °С протягом 30 с, елонгації 72 °С протягом 10 с. Після завершення реакції ампліфікації оцінювали графіки ампліфікації. Базову лінію та поріг встановлювали вручну. Порогові значення були розташовані над фоновим шумом флуоресценції. У якості позитивних контролів використовували РНК референтних штамів вірусу грипу А. Негативним контролем слугувала реакційна суміш з водою.

Також нами було проведено класичну ПЛР зі зворотною транскрипцією (ЗТ-ПЛР) для виявлення гену PB1 вірусу грипу у досліджуваних зразках від диких птахів [257].

Таблиця 2.5

Пропис приготування реакційної суміші для проведення ПЛР на виявлення таргетного гену М та підтипів вірусу грипу Н1, Н3, Н4, Н5, Н6, Н7, Н9 методом ПЛР у режимі реального часу

Реагент	Концентрація Фінальний розчин	Кількість мкл на 1 реакцію
Деонізована вода H ₂ O		4,0
2x Buffer	1x	12,5
Enzym Mix	1x	1,0
SVIP-MP-F	0,2 μM	1,0
SVIP-MP-R	0,2 μM	1,0
SVIP-MP_P	0,2 μM	0,5
Hmix* Н1, Н3, Н4, Н5, Н6, Н7	0,2 μM	2,0
Hmix* Н9	0,2 μM	2,0
Загальний об'єм мастерміксу		20,0
Об'єм ДНК		5,0
Загальний об'єм реакційної суміші		25,0

Примітка: *- даний мікс використовувався тільки для визначення підтипів вірусу грипу.

Таблиця 2.6

Послідовність та кінцева концентрація праймерів для визначення таргетного гену М вірусу грипу А у геномі вірусу грипу

Таргетний ген	Праймер /зонд	Послідовність	Кінцева концент- рація/об'єм у сумішші*	Поси- лання
М	SVIP-MP-F	ggccccctcaaagccga	600 нМ	[254]
	SVIP-MP-R	cgtctacgytgcagtcc	600 нМ	
	SVIP-MP_P	FAM-tcactkggcacggtgagcgt-MGB	210 нМ	

Примітка: * — для кожного аналізу готували вихідну суміш об'ємом 200 мкл; в таблиці наведено кількість у мкл 100 пмоль/мкл розчину кожного праймера та зонда для базової суміші. Потім додавали деіонізовану воду до кінцевого об'єму 200 мкл. В реакції використовували 1 мкл вихідної суміші.

Реакцію ампліфікації проводили з використанням полімерази та комплекту компонентів AgPath-ID™ One-Step RT-PCR («Thermo Fisher Scientific», США) (для першого раунду) та комплекту компонентів GoTaq® Green Master Mix (для другого раунду) за допомогою термоциклера «BioMetra» (Німеччина). Програма ампліфікації була наступна: зворотна транскрипція 45 °C протягом 30 хв, ініціація активації ПЛР 94 °C протягом 2 хв, 40 циклів денатурації 94 °C протягом 15 с, відпалу 50 °C протягом 30 с, елонгації 72 °C протягом 30 с [257]. Аналіз продукту ПЛР проводили методом гель-електрофорезу з метою виявлення продуктів ампліфікації та встановлення відповідності їх розмірам фрагментів. Електрофорез проводили з використанням агарозного гелю з фарбуванням бромістим етидієм у кінцевій концентрації 0,3 мкг/мл. Концентрація агарози у гелі при цьому становила 1,5 %. Облік результатів електрофорезу проводили з використанням трансільюмінатору Gel Doc XR фірми «Biorad» (США) в пронизуючих УФ-променях з довжиною хвилі 310 нм. Амплікони, що утворилися, виявляли у вигляді смужок, довжину яких визначали в порівнянні з відповідними фрагментами маркеру молекулярної маси «Quick load 100 bp purple DNA-ladder» («Thermo Fisher Scientific», США). Геном вірусу грипу А виявляли на рівні 324 пар нуклеотидів. У якості позитивних контролів використовували РНК референтних штамів вірусу грипу А. Негативним контролем слугувала реакційна суміш з водою.

Реакцію ампліфікації для встановлення належності позитивних зразків до підтипів вірусу грипу проводили з використанням полімерази та комплекту компонентів AgPath-ID™ One-Step RT-PCR («Thermo Fisher Scientific», США). Ампліфікацію у режимі реального часу проводили за допомогою термоциклера FAST 7500 («Applied Biosystems», США). Програми ампліфікації були наступні для **підтипів вірусу грипу Н1, Н3, Н4, Н5, Н6, Н7**: зворотна транскрипція 45 °C протягом 10 хв, ініціація активації ПЛР 95 °C протягом 10 хв, 45 циклів денатурації 95 °C протягом 15 с, відпалу 56,5 °C протягом 20 с, елонгації 72° C протягом 30 с [255]; для **підтипу**

вірусу грипу Н9: зворотна транскрипція 45 °С протягом 10 хв, ініціація активації ПЛР 95 °С протягом 10 хв, 45 циклів денатурації 95 °С протягом 15 с, відпалу 54 °С протягом 30 с, елонгації 72 °С протягом 15 с [256]. Після завершення реакції ампліфікації оцінювали графіки ампліфікації. Базову лінію та поріг встановлювали вручну. Порогові значення були розташовані над фоновим шумом флуоресценції. У якості позитивних контролів використовували РНК референтних штамів вірусу грипу А. Негативним контролем слугувала реакційна суміш з водою.

Таблиця 2.7

Послідовність та кінцева концентрація праймерів для визначення підтипів геному вірусу грипу А

Підтип	Праймер/ зонд	Послідовність	Кінцева концент- рація/об'єм у сумішші*	Поси- лання
1	2	3	4	5
H1	H1-F1	ccatctgtataggctaycat	20 мкл	[255]
	H1-F2	aaacatyccttcrrtcaatc	20 мкл	
	H1-FAM1	FAM-tacagacactgtgacacdgctgct-BHQ1	5 мкл	
	H1-FAM2	FAM-ttcattgaaggrggrtgacaggaat-BHQ1	5 мкл	
	H1-R1	gtgagtcacrgtyacattctt	20 мкл	
	H1-R2	gagcaaggitcyggttatg	20 мкл	
H3	H3-F1	cctcgrggctayttcaarat	15 мкл	
	H3-F2	agactggatcytrtgatttc	15 мкл	
	H3-F3	ctgggrcaccatgcagt	15 мкл	
	H3-FAM1	FAM-tgcatctgayctcattatygartttt-BHQ1	4 мкл	
	H3-FAM2	FAM-acrcaaagcaaaaagcatgatatggc-BHQ1	4 мкл	
	H3-FAM3	FAM-acagggaataatgcarcaatccyca-BHQ1	4 мкл	
	H3-R1	atttggrgtgatrcattcaga	15 мкл	
	H3-R2	ctcaaatgcaaatgktgcayc	15 мкл	
	H3-R3	tgtgcagtcycttccatc	15 мкл	

1	2	3	4	5
H4	H4-F1	acycaggggtacaaggaca	20 мкл	[255]
	H4-F2	ggacatcatyctygtgatttc	20 мкл	
	H4-FAM	FAM-tccatatcatgcttytgctygtagc-BHQ1	4 мкл	
	H4-R	caagcccacaaaayraagg	40 мкл	
H5	H5-HA1-F	gattytaaargattgtagygtagc	20 мкл	
	H5-FAM3	FAM-cgcacattggrttyccraggagcc-BHQ1	6 мкл	
	H5-HA1-R1	ctctcyaccatgtargacca	15 мкл	
	H5-HA1-R2	ctctcyactatgtargacca	15 мкл	
	H5-F2	gtccctagyaytggcaatcat	20 мкл	
	H5-FAM2	FAM-ctgggtctatyytrtgatgtgctcc-BHQ1	6 мкл	
	H5-R2	aattctaratgcaaattctgcaytg	15 мкл	
H6	H6-F1	ttggygtgtatcaaatycttkc	20 мкл	
	H6-F2	ttgrcgtgtatcaaatacttgc	20 мкл	
	H6-FAM	FAM-agrctgctcgayaccgtactataaa-BHQ1	10 мкл	
	H6-R	ttgarcyatttgaacacatcca	40 мкл	
H7	H7-F	caactgaaacrgtrgarcg	45 мкл	
	H7-FAM	FAM-cccaggatytgctcaaragggraaaa-BHQ1	10 мкл	
	H7-R1	caggagyccacattgacc	15 мкл	
	H7-R2	cagwagyccacattgacc	15 мкл	
	H7-R3	ttctaggaattggtcacattg	15 мкл	
H9	H9-F	atrgggttgctgcc	400 нМ	[256]
	H9-R1	tcatatacaaattgttgcaactg	200 нМ	
	H9-R2	ttatatacagatgttgcaactg	200 нМ	
	H9-FAM	FAM-ttctgggcyatgtchaaygg-BHQ1	200 нМ	

Примітка: * — для кожного аналізу готували вихідну суміш об'ємом 200 мкл; в таблиці наведено кількість у мкл 100 пмоль/мкл розчину кожного праймера та зонда для базової суміші. Потім додавали деіонізовану воду до кінцевого об'єму 200 мкл. В реакції використовували 1 мкл вихідної суміші.

РОЗДІЛ 3

РЕЗУЛЬТАТИ ВЛАСНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ

3.1 Аналіз епізоотичної ситуації щодо вірусу грипу птиці у світі і в Україні протягом 2021–2024 рр.

Вірус грипу А є одним із найнебезпечніших патогенів, що загрожують як тваринам, так і людям. Його висока здатність до мутацій та реасортації сприяє появі нових штамів, що можуть долати міжвидові бар'єри та викликати пандемії [16, 258]. Останні роки показали значне ускладнення епізоотичної ситуації через розширення географії вірусу, збільшення кількості видів-резервуарів та високий рівень летальності. Зокрема, виявлення вірусу серед раніше несприйнятливих тварин, доводить, що вірус грипу А не обмежується лише водоплавними птахами. Це вимагає більш ретельного дослідження природних резервуарів вірусу та можливих шляхів його поширення [19, 259].

З огляду на те, що віруси грипу птиці, потрапляючи в навколишнє середовище можуть залишатися інфекційними протягом тижнів або навіть місяців за підходящих умов природних температур (впливає на виживаність вірусу), вологості (що, в свою чергу сприяє або обмежує передачу збудника), в місцях масового скупчення птахів. Необроблені відходи на відкритих територіях також можуть відігравати важливу роль в епідеміології цього захворювання [2, 4]. Зокрема, такі місця можуть сприяти збереженню та поширенню вірусу і становити потенційні ризики для птахівництва. Наприклад, у Бангладеш високий рівень серопозитивності до вірусів H5 та H9 було виявлено у ворон, які мешкали на сміттєзвалищах, що підтверджує екологічну роль антропогенних факторів у підтриманні циркуляції вірусу [260].

За даними ВООЗ, спалахи ВПГП призвели до загибелі та масового забою понад 633 мільйонів птахів по всьому світу в період з 2005 по 2024 рік,

з піком у 146 мільйонів у 2022 році. Під час піку у 2022 році 84 країни та території у світі були схильні до поширення ВПГП, що можна порівняти з 82 постраждалими у 2024 році. Крім того, досі люди іноді заражалися кількома підтипами вірусу грипу (в основному H5N1, H7N9, H5N6, H9N2 з більш ніж 2500 випадками з 2003 року). У період з 2003 по 2023 рік було підтверджено 873 випадки H5N1 у людей з 458 (52 %) летальними наслідками, 1500 випадків зараження H7N9 у людей з 600 летальними наслідками, близько 80 випадків зараження H9N2 з 30 летальними, а також спорадичні випадки зараження вірусом грипу підтипів H3N8, H7N4, H7N7 та H10N3 [105, 262, 263].

За аналізом епізоотичної ситуації ВПГП у Європі (2022 рік) зафіксовано 763 спалахи у 23-х країнах. Понад 4000 випадків реєструвалось у 2023 році серед диких і домашніх птахів, що свідчить про інтенсивну циркуляцію вірусу. У 2024 році спалахи зареєстровані у Великобританії, Франції, Німеччині, Іспанії, Італії та країнах, що межують з Україною (Угорщина, Польща, Молдова). У січні 2025 року спалахи серед диких птахів в Європі зросли, що вказує на потенційний ризик подальшого поширення [105, 262].

У Єгипті були виявлені антитіла до вірусу грипу H9 у 86,4 % ворон, що свідчить про їхню значну роль у підтриманні циркуляції вірусу [264]. У 2021-2022 роках у чорного дрозда та сорокопуда-жулана виділено вірус H5N1, який був генетично споріднений із європейськими штамами [265 (с. 2021–2022)].

В Японії виявлено нові ізоляти A/large-billed crow/Hokkaido/B067/2023 (H5N1) та B068/2023 (H5N1) у ворон. Генетичний аналіз показав схожість з H5N5 у Північній Європі, що вказує на трансконтинентальну циркуляцію вірусу [266].

У США виявлено поширення H5N1 серед морських ссавців, що збігається зі спалахами серед диких птахів. Проведені експериментальні зараження диких птахів і ссавців довели, що горобці, шпаки, голуби, а також

скунси, опосуми та кролики можуть виділяти вірус грипу, що робить їх потенційними факторами поширення [58]. З 2022 по 2024 роки циркуляція вірусу охопила широкий спектр видів-господарів, що свідчить про його адаптаційний потенціал [261].

Згідно з даними Всесвітньої організації охорони здоров'я тварин (BOOЗ) та Європейської системи нотифікації про захворювання тварин (ADNS), епізоотична ситуація щодо високопатогенного грипу птиці (H5N1) значно ускладнилася. Повідомляється про зростання випадків зараження людей — понад 2500 лабораторно підтверджених випадків із 2003 року. З початку 2024 року випадки високопатогенного грипу птиці А (H5N1) вже зафіксовано в Сполучених Штатах Америки, Королівстві Швеція, Королівстві Данія, Чеській Республіці [267].

Україна залишається у зоні високого ризику поширення вірусу грипу А через географічне розташування на міграційних шляхах птахів. У період 2020–2021 років зафіксовано 20 спалахів H5N1 та H5N8 у шести областях (Вінницька, Миколаївська, Київська, Донецька, Херсонська, Тернопільська) [270]. У 2023 році виявлено 2 випадки грипу птиці (Сумська та Чернівецька області) [272]. У 2024 році зареєстровано 7 випадків H5N1 (Волинська, Кіровоградська, Миколаївська, Рівненська, Сумська, Чернівецька області). Прикордонні області (Чернівецька, Сумська, Рівненська) є особливо вразливими, оскільки тут зафіксовано 4 нові випадки вірусу грипу птиці. Одеська область залишається критичною через високу концентрацію мігруючих птахів [273].

Результати досліджень висвітлено у науковій праці [68].

3.2 Аналіз епізоотичної ситуації щодо вірусу лихоманки Західного Нілу у світі і в Україні протягом 2021–2024 рр.

Вірус лихоманки Західного Нілу належить до захворювання зі складним циклом розмноження вірусу, рушійною силою якого є комари [274], при цьому повинні бути дотримані усі ланки цього циклу, екологічні та

біологічні, а саме: температура навколишнього середовища, наявність водно-болотних угідь, переносника вірусу лихоманки Західного Нілу та резервуара вірусів (дикі перелітні птахи). Дикі птахи відіграють дуже важливу роль у якості резервуарних хазяїв та переносників зоонозних арбовірусів та сприяють їх поширенню у навколишнє середовище. Арбовіруси, які переносяться комарами, відповідають за мільйони випадків захворювання серед людей і за кілька тисяч смертей кожного року [274]. Види птахів, які були ідентифіковані як хазяїв вірусу ЛЗН, здебільшого перелітні птахи, бо вони можуть поширювати вірус на значні відстані, а можливо й на цілі континенти.

ВЗН реєструється у багатьох країнах світу і його поширення значною мірою визначається міграцією птахів [277]. Було встановлено, що перелітні види птахів можуть не тільки підтримувати вірус у природних осередках, а й поширювати його на значні відстані, навіть на інші континенти. Так, флавівіруси, які циркулювали серед птахів в Ірані, мали спорідненість із тими, що були зареєстровані в Іспанії, Словаччині, Німеччині та Австрії. Водночас, високі титри антитіл до ВЗН були зафіксовані у східній Німеччині, що свідчить про місцеву циркуляцію вірусу [275–278].

Серологічні дослідження підтверджують наявність антитіл до ВЗН у 107 видів птахів із 39 родин, серед яких важливу роль у передачі вірусу відіграють представники ряду Горобцеподібні (Passeriformes). Зокрема, серед найбільш серопозитивних видів у Європі виділяють: дрізд чорний (*Turdus merula*), кропив'янка прудка (*Sylvia curruca*), кропив'янка сіра (*Sylvia communis*), кропив'янка садова (*Sylvia borin*), кропив'янка чорноголова (*Sylvia atricapilla*), шпак звичайний (*Sturnus vulgaris*), горобець хатній (*Passer domesticus*), синиця велика (*Parus major*), синиця блакитна (*Parus caeruleus*), мухоловка строката (*Ficedula hypoleuca*), горихвістка чорна (*Phoenicurus ochruros*), вільшанка (*Erithacus rubecula*), ластівка сільська (*Hirundo rustica*), ластівка міська (*Delichon urbica*), сорока (*Pica pica*), сойка (*Garrulus glandarius*), ворона чорна (*Corvus corone*), ворона сіра (*Corvus cornix*),

очеретянка ставкова (*Acrocephalus scirpaceus*) [279]. Нашими дослідженнями підтверджується те, що перелітні птахи ряду Горобцеподібних задіяні у підтриманні ензоотичного циклу арбовірусної інфекції, адже виявлені нами антитіла до ЛЗН на території України були у вивільги (*Oriolus*), вільшанки (*Erithacus rubecula*), дрозда чорного (*Turdus merula*), дрозда співочого (*Turdus philomelos*), костогриза (*Coccothraustes*), кропив'янки чорноголової (*Sylvia atricapilla*), мухоловки строкатої (*Ficedula hypoleuca*), мухоловки сірої (*Muscicapa striata*), очеретянки великої (*Acrocephalus arundinaceus*), очеретянки ставкової (*Acrocephalus scirpaceus*), синиці великої (*Parus major*).

Дослідження в Іспанії показали, що 12,7 % горобцеподібних птахів ($n=645$) мали антитіла до ВЗН, що підтверджує важливість моніторингу даного ряду птахів, через близькість до антропогенної середи та частотою контактів з людьми [280]. Аналогічні дослідження в Бразилії виявили серопозитивність у дрозда рудочеревого, горобця хатнього та чубатого в'юрка, що підтверджує їх потенційну участь в ензоотичному циклі розмноження вірусу [281].

Сезонність та фізіологічні зміни у птахів відіграють важливу роль в поширенні ВЗН, яка залежить від ендогенних факторів господаря, особливо сезонні зміни в імунній відповіді. Проведені дослідження на горобці хатньому в контрольованих умовах підтверджують, що сезонні коливання захворюваності можуть частково пояснюватися фізіологічними змінами у господарях (линяння, енергетичними витратами на розмноження та адаптацію до змін навколишнього середовища) [282].

За даними Європейського центру із профілактики та контролю захворювань (ECDC) повідомляється, що протягом одного сезону у 2021 році, у країнах Європейського Союзу та країнах, що межують з ними, було зареєстровано 159 випадків зараження людей вірусом Західного Нілу на місцевому рівні, у тому числі 13 випадків зі смертельним наслідком [283].

За даними ECDC, у 2022 році зареєстровано 1340 випадків зараження вірусом Західного Нілу серед людей, з яких 104 закінчилися смертю. Цей рік

відзначився найбільшим числом зареєстрованих випадків ЛЗН з часу піку епідемії у 2018 році, коли було зафіксовано 1612 випадків. Щодо тварин, в ЄС у 2022 році виявили позитивні результати на вірус у 431 птаха та 166 коней, що майже вдвічі перевищує показники 2021 року. Вірус також поширився на нові території, зокрема південний захід Франції, північ Німеччини та південь Італії [283]. Станом на 2022 рік у США, за інформацією Центру з контролю та профілактики захворювань (CDC), було зафіксовано 2946 випадків захворювання людей на лихоманку Західного Нілу, з яких 160 закінчилися летально.

У 2023 році серед країн ЄС зареєстровано 784 випадки інфікування людей ЛЗН, з них 19 — пов'язані з туристичними поїздками. Серед країн ЄС виділяють Італію (кількість інфікування 329), Грецію (162, з яких 1 випадок з невідомим місцем зараження), Румунію (101), Францію (38), Угорщину (29), Іспанію (16), Німеччину (6), Хорватію (6) та Кіпр (5). Серед них 63 випадки смерті: в Італії — 26, Греції — 22, Румунії — 12 та в Іспанії — 3. Сусідні з ЄС країни повідомили про 92 випадки зараження людей вірусом Західного Нілу: в Сербії — 91, Північній Македонії — 1 і 2 випадки смерті в Сербії. За цей період країни ЄС повідомили про 137 спалахів серед коней та 240 спалахів серед птахів. Спалахи серед кінських були зареєстровані у Франції (38 — кількість реєстрації захворювання), Іспанії (34), Угорщині (26), Італії (23), Німеччині (13), Португалії (2) і Австрії (1). Спалахи серед птахів були зареєстровані в Італії (189 випадків), Німеччині (19), Іспанії (19), Болгарії (6), Угорщині (3), Франції (2), Австрії (1) та Греції (1) [283].

У 2024 році в країнах Європи зареєстровано 1375 випадків інфікування людей вірусом Західного Нілу (ЛЗН). Найбільше випадків зафіксовано в Італії (449 — випадків інфікування людей), Греції (217), Іспанії (131), Угорщині (111), Албанії (102) та Румунії (99). Інші країни мали нижчу кількість випадків, серед них: Сербія (63), Туреччина (55), Франція (37), Австрія (34), Німеччина (24), Хорватія (20), Болгарія (14), Словаччина (5), Словенія (5), Косово (4), Кіпр (2), Північна Македонія (2) та Чехія (1).

Смертельних випадків зафіксовано 113. Найбільше летальних випадків було у Греції (34 летальні випадки), Румунії (20), Італії (18), Албанії (13), Іспанії (10), Сербії (5), Туреччині (5), Болгарії (3), Угорщині (3), Франції (1) та Північній Македонії (1). За даними ECDC, 2024 рік став роком наймасштабнішого поширення ВЗН за останні три роки, причому більшість випадків припадала на чоловіків старше 65 років. Серед тварин: Непарнокопитні — 483 спалахи, з них у Німеччині — 174, Франції — 79, Іспанії — 67, Австрії — 54, Угорщині — 41, Італії — 34, Португалії — 17, Хорватії — 8, Польщі — 6 та у Греції — 3; птахи — 435 повідомлень, зокрема з Італії — 307, Німеччини — 76, Австрії — 20, Іспанії — 14, Франції — 4, Словенії — 4, Угорщини — 3, Болгарії — 2, Хорватії — 2, Польщі — 2 та Латвії — 1. Сезон реєстрації спалахів серед тварин тривав із 2 квітня до 21 жовтня 2024 року. Таким чином, 2024 рік став значущим у контексті поширення вірусу Західного Нілу як серед людей, так і серед тварин, із значним розширенням географії інфекції [283]. Дані наведено у таблиці 3.1.

Таблиця 3.1

Зареєстровані спалахи інфікування на ЛЗН серед людей та тварин у світі за період 2021–2024 рр.

Країни	Кількість зареєстрованих випадків/ у тому числі зі смертельним наслідком				
	2021	2022	2023	2024	Усього
Країни ЄС (серед людей)	159/19	1340/104	784/65	1375/113	3658/301
США (серед людей)	-	2946/160	-	-	2946/160
Країни ЄС (серед тварин, з них: коней птахів)	-	597	377	918	1892
	-	166	137	483	786
	-	431	240	435	1106

Примітка: «-» — дані відсутні.

Згідно з даними Центру громадського здоров'я та контролю, кількість випадків лихоманки Західного Нілу в Україні за останні роки поступово зростає. Так, літом 2021 року зареєстровано 5 звернень: Київська область

(Бучанський та Фастівський райони) — 3 випадки (жінки 33, 56 та 90 років), Запорізька область — 1 випадок (дівчинка 12 років), Київська область — 1 завезений випадок із Камеруну (чоловік 25 років). У 2022 році реєструвалося 11 випадків, 2023 рік — 14 випадків, 2024 рік — 69 випадків, з них 41 випадок зафіксовано у серпні. Випадки зареєстровані у Київській, Полтавській, Черкаській областях та місті Києві [284]. Зростання кількості випадків, особливо в літній період, підкреслює необхідність посиленого епідеміологічного нагляду, профілактичних заходів та підвищення обізнаності населення про шляхи передачі та методи захисту від інфекції.

3.3 Серологічні дослідження диких птахів

3.3.1 Серологічні дослідження сироваток крові та жовтків яєць диких птахів щодо наявності антитіл до вірусу лихоманки Західного Нілу. Серологічний моніторинг диких птахів щодо вірусу лихоманки Західного Нілу був проведений нами в 4-х регіонах України у різні сезони року — під час гніздування, осінньої та весняної міграції птахів. Результати досліджень сироваток крові від диких птахів наведено в таблиці 3.2.

Нами було проведено серологічні дослідження 27 видів птахів ряду Горобцеподібні з 5 регіонів України, щодо наявності у досліджуваних зразках крові специфічних антитіл до вірусу лихоманки Західного Нілу. За узагальненими даними встановлено, що від 11,1 % до 100 % птахів мали антитіла до цього збудника. За результатами ІФА найбільший відсоток серопозитивності мала: вивільга (*Oriolus oriolus*), вільшанка (*Erithacus rubecula*), дрізд чорний (*Turdus merula*), дрізд співочий (*Turdus philomelos*), костогриз (*Coccothraustes coccothraustes*), кропив'янка чорноголова (*Sylvia atricapilla*), мухоловка строката (*Ficedula hypoleuca*), мухоловка сіра (*Muscicapa striata*), очеретянка велика (*Acrocephalus arundinaceus*), очеретянка ставкова (*Acrocephalus scirpaceus*), синиця велика (*Parus major*); так серед птахів цього виду більше всього було позитивних зразків з Одеської та Полтавської області.

Результати серологічних досліджень сироваток крові диких птахів щодо наявності антитіл до вірусу лихоманки Західного Нілу у ІФА у період 2023–2024 рр.

Вид птаха	Місце відбору	Рік	Усього зразків	Результат у серологічних досліджень в ІФА		Серопреваленція, %
				негативний	позитивний	
1	2	3	4	5	6	7
Вівсянка звичайна <i>Emberiza citronella</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	4	1	3	75 %
Вівільга <i>Oriolus</i>		2023	4	0	4	100 %
Вівсянка очеретяна <i>Emberiza schoeniclus</i>	с. Лиман, Одеська область	2024	1	1	0	0
Вільшанка <i>Erithacus rubecula</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	8	3	5	62,5 %
	НПП "Подільські Товтри", с. Завалля, Хмельницька область		1	0	1	100 %
Горобець польовий <i>Passer montanus</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	4	4	0	0
		2024	1	1	0	0
	с. Лиман, Одеська область	2024	1	1	0	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		3	2	1	33,3 %
Горобець хатний <i>Passer domesticus</i>	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе	2023	7	7	0	0
		2024	3	2	1	33,3 %

1	2	3	4	5	6	7
Горобець чорногрудий <i>Passer hispaniolensis</i>	с. Трапівка, Одеська область	2024	3	3	0	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		3	3	0	0
Дрізд співочий <i>Turdus philomelos</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклян- ський»	2023	8	3	5	62,5 %
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари		5	2	3	60 %
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклян- ський»	2024	26	7	19	73 %
	НПП "Подільські Товтри", с. Завалля, Хмельницька область		1	1	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе		6	3	3	50 %
Дрізд чорний <i>Turdus merula</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклян- ський»	2023	8	4	4	50 %
	Київська область, <i>Екологічна Дослідницька станція «Глибокі Балики»</i>		2	0	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари		2	1	1	50 %
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклян- ський»	2024	16	1	15	93,7 %
	НПП "Подільські Товтри", с. Завалля, Хмельницька область "		1	1	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе		11	5	6	55 %

Продовження табл. 3.2

1	2	3	4	5	6	7
Зеленяк <i>Chloris</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклян- ський»	2023	27	24	3	11,1 %
		2024	11	9	2	18,1 %
Зяблик <i>Fringilla coelebs</i>	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари	2023	2	1	1	50 %
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклян- ський»	2024	13	5	8	62 %
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе		10	10	0	0
Костогриз <i>Coccothraustes coccothraustes</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклян- ський»	2023	2	1	1	50 %
		2024	4	1	3	75 %
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе	2024	1	0	1	100 %
Кропив'янка <i>сіра Sylvia communis</i>	С. Лиман, Одеська область	2024	1	1	0	0
	с. Трапівка, Одеська область		2	1	1	50 %
	с. Трапівка-2, Одеська область		1	1	0	0
Кропив'янка чорноголова <i>Sylvia atricapilla</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклян- ський»	2024	1	0	1	100 %
	С. Лиман, Одеська область		1	1	0	0
	с. Трапівка, Одеська область		1	1	0	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		2	2	0	0
	НПП "Подільські Товтри", с. Завалля, Хмельницька область		4	1	3	75 %

1	2	3	4	5	6	7
Ластівка сільська <i>Hirundo rustica</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклян- ський»	2023	2	2	0	0
Мухоловка білошия <i>Ficedula albicollis</i>	с. Лиман, Одеська область	2024	2	2	0	0
Мухоловка строката <i>Ficedula hypoleuca</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклян- ський»	2024	1	0	1	100 %
Мухоловка сіра <i>Muscicapa striata</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклян- ський»	2023	1	1	0	0
		2024	1	0	1	100 %
Очеретянка велика <i>Acrocephalus arundinaceus</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклян- ський»	2023	2	2	0	0
	С. Лиман, Одеська область	2024	3	2	1	33,3 %
	с. Трапівка, Одеська область		1	0	1	100 %
	с. Трапівка-2, Одеська область		1	1	0	0
Очеретянка індійська <i>Acrocephalus agricola</i>	С. Лиман, Одеська область	2024	1	1	0	0
Очеретянка лучна <i>Acrocephalus schoenobaenus</i>		2024	1	1	0	0
Очеретянка ставкова <i>Acrocephalus scirpaceus</i>	с. Лиман, Одеська область	2024	2	2	0	0
	с. Трапівка, Одеська область		1	0	1	100 %
Синиця велика <i>Parus major</i>	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе	2023	5	4	1	20 %
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклян- ський»		1	0	1	100 %

1	2	3	4	5	6	7
Синиця велика <i>Parus major</i>	Київ, Екологічна Дослідницька станція «Глибокі Балики»	2023	5	5	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе	2024	23	15	8	35 %
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		5	0	5	100 %
	с. Трапівка, Одеська область		1	0	1	100 %
	с. Трапівка-2, Одеська область		1	1	0	0
	НПП "Подільські Товтри", с. Завалля, Хмельницька область		2	0	2	100 %
Сойка <i>Garrulus glandarius</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	1	1	0	0
	Київ, Екологічна Дослідницька станція «Глибокі Балики»		2	1	1	50 %
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	2	2	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе		1	1	0	0
Соловейко східний <i>Luscinia luscinia</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	1	1	0	0
	с. Лиман, Одеська область	2024	1	1	0	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		1	1	0	0
Сорокопуд терновий <i>Lanius collurio</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	2	2	0	0
Щиглик <i>Carduelis carduelis</i>		2023	3	3	0	0

У 2023 році загальний відсоток серопозитивності з 98 зразків склав 26,5 % (n=26), серед 9 видів птахів. Найбільше було серопозитивних птахів у кількості 19 зразків з Полтавської області, серед наступних 7 видів птахів — синиця велика (*Parus major*), дрізд співочий (*Turdus philomelos*), дрізд чорний (*Turdus merula*), вивільга (*Oriolus oriolus*), горобець польовий (*Passer montanus*), зеленьк (*Chloris chloris*), сойка (*Garrulus glandarius*).

У 2024 році загальний відсоток серопозитивності зі 195 зразків склав 48,7 % (n=95), серед 17 видів птахів. Найбільше серопозитивних птахів було у кількості 64 зразка з Полтавської області, від дрізд співочий (*Turdus philomelos*), дрізд чорний (*Turdus merula*), зяблик (*Fringilla coelebs*), вільшанка (*Erithacus rubecula*), синиця велика (*Parus major*), вівсянка звичайна (*Emberiza citrinella*), костогриз (*Coccothraustes coccothraustes*), соловейко східний (*Luscinia luscinia*), мухоловка строката (*Ficedula hypoleuca*), мухоловка сіра (*Muscicapa striata*).

Отже, за результатами досліджень у Харківській області встановлено, що найбільший відсоток серопозитивності 100 % був серед птахів — зяблик (*Fringilla coelebs*), горобець хатній (*Passer domesticus*) та костогриз (*Coccothraustes coccothraustes*), дрізд співочий (*Turdus philomelos*), дрізд чорний (*Turdus merula*) мали відсоток серопозитивності на рівні 50 %–60 %. Найменший відсоток серопозитивності мала синиця велика (*Parus major*). Якщо поррахувати відсоток серопозитивності по рокам, то бачимо що у 2024 році відсоток серопозитивності більше і становить 61,1 %, у порівнянні з 2023 роками — на рівні 26 % та 33,3 % відповідно.

У Полтавській області встановлено, що найбільший відсоток серопозитивності було виявлено серед наступних 11 видів птахів: у 100 % вивільга (*Oriolus oriolus*), синиця велика (*Parus major*), вівсянка звичайна (*Emberiza citrinella*), співочий дрізд (*Turdus philomelos*), чорний дрізд (*Turdus merula*), зеленьк (*Chloris chloris*), костогриз (*Coccothraustes coccothraustes*), кропив'янка чорноголова (*Sylvia atricapilla*), мухоловка сіра (*Muscicapa striata*), мухоловка строката (*Ficedula hypoleuca*) та соловейко східний

(*Luscinia luscinia*). Як бачимо з таблиці 3.2, зразки, які були відібрані в Полтавській області у 2024 році, мають дуже великий відсоток серопозитивності 86 %, що підтверджує поширеність вірусу лихоманки Західного Нілу в залежності від зміни клімату та активізацією комарів — головних переносників захворювання.

У Київській області отримано лише один позитивний зразок сироватки крові від сойки (*Garrulus glandarius*), представника родини Воронові *Corvidae*, а саме відсоток серопозитивності склав 50 %. Антитіл до вірусу лихоманки Західного Нілу не було виявлено у чорного дрозда (*Turdus merula*), синиці великої (*Parus major*).

У Одеській області встановлено найбільший відсоток серопозитивності серед наступних видів: 100 % у синиці великої (*Parus major*), очеретянка велика (*Acrocephalus arundinaceus*), очеретянка ставкова (*Acrocephalus scirpaceus*), кропив'янка сіра (*Sylvia communis*) — 50 % та горобець польовий (*Passer montanus*) — 33,3 %. Очеретянка ставкова та очеретянка велика будують гнізда та харчуються саме біля очерету, через це вони більш піддаються укусам комарів.

У Хмельницькій області встановлено, що вільшанка (*Erithacus rubecula*) та синиця велика (*Parus major*) мали відсоток серопозитивності у 100 %, трохи нижчий — у 75 % — мала кропив'янка чорноголова (*Sylvia atricapilla*).

Також нами було проведено дослідження жовтків яєць від диких птахів та отримані результати на наявність антитіл до вірусу лихоманки Західного Нілу (табл. 3.3)

Отже за результатами досліджень встановлено, що у жовтку яйця дрозда чорного (*Turdus merula*) виявлено антитіла, у інших видів птахів при тестуванні антитіл не виявлено. Необхідно відзначити, що ці результати також співпадають з нашими результатами, щодо виявлення антитіл до цього збудника у сироватці крові.

Результати дослідження жовтків яєць диких птахів на наявність антитіл до вірусу лихоманки Західного Нілу у ІФА

Вид птаха	Рік	Кіль- кість, зраз- ків	Результат серологічних досліджень в ІФА		Серопрева- ленція, %
			негатив- ний	позитив- ний	
Київська область					
Дрізд чорний (Turdus merula)	2023	1	0	1	100 %
Хмельницька область					
Дрізд чорний (Turdus merula)	2023	1	1	0	0
Дрізд співочий (Turdus philomelos)		2	2	0	0
Зяблик (Fringilla coelebs)		1	1	0	0
Полтавська область					
Синиця велика (Great Tit)	2023	1	1	0	0
Зеленяк (Chloris chloris)		3	3	0	0
Всього		9	8	1	11,1 %

Результати досліджень висвітлено у наукових публікаціях [251, 269, 285, 302].

3.3.2 Серологічні дослідження сироваток крові та жовтків яєць диких птахів щодо наявності антитіл до вірусу грипу А

В період 2023–2024 років нами було проведено серологічні дослідження щодо наявності антитіл до вірусу грипу А у сироватках крові та жовтку яєць від диких птахів на території України у різних регіонах (Східному, Центральному, Південному та Західному), під час гніздування, зимівлі, осінньої та весняної міграції. Результат серологічних досліджень наведено в табл. 3.4.

Таблиця 3.4

Результати серологічних досліджень сироваток крові диких птахів щодо наявності антитіл до вірусу грипу А у ІФА у період 2023–2024 рр.

Вид птаха	Місце відбору	Рік	Усього зразків	Результат серологічних досліджень в ІФА		Серопреваленція, %
				негативний	позитивний	
1	2	3	4	5	6	7
Вівсянка звичайна (<i>Emberiza citronella</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	1	1	0	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	3	3	0	0
Вивільга (<i>Oriolus oriolus</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	4	4	0	0
Вівсянка очеретяна (<i>Emberiza schoeniclus</i>)	с. Лиман, Одеська область	2024	1	1	0	0
Вільшанка (<i>Erithacus rubecula</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	6	6	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари	2023	1	1	0	0
Горобець польовий (<i>Passer montanus</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	14	14	0	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	2	2	0	0
	с. Лиман, Одеська область		1	1	0	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		5	5	0	0
Горобець хатній (<i>Passer domesticus</i>)	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе	2023	8	8	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе	2024	1	1	0	0
Горобець чорногрудий (<i>Passer hispaniolensis</i>)	с. Трапівка, Одеська область	2024	3	3	0	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		3	3	0	0

1	2	3	4	5	6	7
Дрізд співочий (<i>Turdus philomelos</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	10	10	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари		7	7	0	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	21	21	0	0
	НПП "Подільські Товтри", с. Завалля, Хмельницька область		1	1	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе		5	4	1	20%
Дрізд чорний (<i>Turdus merula</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	10	9	1	10%
	Київська область, Екологічна Дослідницька станція «Глибокі Балики»		2	0	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари		7	7	0	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	14	14	0	0
	НПП "Подільські Товтри", с. Завалля, Хмельницька область"		1	1	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе		9	9	0	0
Зеленяк (<i>Chloris chloris</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	33	33	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари		1	1	0	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	9	9	0	0
Зяблик (<i>Fringilla coelebs</i>)	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари	2023	3	3	0	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	6	6	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе		6	6	0	0

1	2	3	4	5	6	7
Костогриз (<i>Coccothraustes coccothraustes</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	3	3	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари		8	8	0	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	5	5	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе		1	1	0	0
Кропив'янка рябогруда (<i>Sylvia nisoria</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	2	2	0	0
Кропив'янка сіра (<i>Sylvia communis</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	2	2	0	0
	с. Лиман, Одеська область	2024	2	2	0	0
	с. Трапівка, Одеська область		3	3	0	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		1	1	0	0
Кропив'янка чорноголова (<i>Sylvia atricapilla</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	2	2	0	0
	С. Лиман, Одеська область		1	1	0	0
	с. Трапівка, Одеська область		1	1	0	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		3	3	0	0
	НПП "Подільські Товтри", с. Завалля, Хмельницька область		1	0	1	100%
Ластівка міська (<i>Delichon urbica</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	7	7	0	0
Ластівка сільська (<i>Hirundo rustica</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	12	12	0	0

Продовження табл. 3.4

1	2	3	4	5	6	7
Мухоловка білошия (<i>Ficedula albicollis</i>)	с. Лиман, Одеська область	2024	3	3	0	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		2	2	0	0
Мухоловка сіра (<i>Muscicapa striata</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	2	2	0	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	1	1	0	0
Очеретянка велика (<i>Acrocephalus arundinaceus</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	4	4	0	0
	с. Лиман, Одеська область	2024	3	3	0	0
	с. Трапівка, Одеська область		1	1	0	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		1	1	0	0
Очеретянка індійська (<i>Acrocephalus agricola</i>)	с. Лиман, Одеська область	2024	2	2	0	0
Очеретянка лучна (<i>Acrocephalus schoenobaenus</i>)	с. Лиман, Одеська область	2024	1	1	0	0
Очеретянка ставкова (<i>Acrocephalus scirpaceus</i>)	с. Лиман, Одеська область	2024	3	3	0	0
	с. Трапівка, Одеська область		1	1	0	0
Плиска біла (<i>Motacilla alba</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	1	1	0	0
Плиска жовта (<i>Motacilla flava</i>)	с. Трапівка, Одеська область	2024	1	1	0	0
Синиця велика (<i>Parus major</i>)	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе	2023	11	11	0	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		7	7	0	0
	Київ, Екологічна Дослідницька станція «Глибокі Балики»		8	8	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе	2024	15	15	0	0

1	2	3	4	5	6	7
Синиця велика (<i>Parus major</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	1	1	0	0
	с. Лиман, Одеська область		1	1	0	0
	с. Трапівка, Одеська область		1	1	0	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		2	2	0	0
Сойка (<i>Garrulus glandarius</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	1	1	0	0
	Київ, Екологічна Дослідницька станція «Глибокі Балики»		2	2	0	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	2	2	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе		1	1	0	0
Соловейко східний (<i>Luscinia luscinia</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	2	2	0	0
	с. Лиман, Одеська область	2024	1	1	0	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		1	1	0	0
Сорокопуд терновий (<i>Lanius collurio</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	5	5	0	0
Щиглик (<i>Carduelis carduelis</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	6	6	0	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари		1	1	0	0
Шпак звичайний (<i>Sturnus vulgaris</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	1	1	0	0
	с. Бородино, Одеська область	2024	1	1	0	0

Так, за результатами серологічних досліджень диких птахів на території України в 4-х різних регіонах, які представлені в таблиці 3.4, у

сироватках крові виявлена наявність антитіл до вірусу грипу А у ІФА, але необхідно зауважити, що рівень серопревалентності був не високим. Зокрема серопозитивність до вірусу грипу А була виявлена, від виду кропив'янки чорноголової (*Sylvia atricapilla*), НПП «Подільські товтри», Хмельницька область; від чорного дрозда (*Turdus merula*) відловленого у РЛП «Нижньоворсклянський» у Полтавській області та від співочого дрозда (*Turdus philomelos*) у с. Першотравневого, Харківської області.

Загальний відсоток серопозитивності до наявності антитіл до вірусу грипу А у сироватках крові склав 0,86 %. У 2023 році загальний відсоток серопозитивності відповідає 0,67 %, відповідно у 2024 році — 1,2 %. Рівень інфікованості зріс у 2024 році, у порівнянні з минулим 2023 роком.

За результатами серологічних досліджень жовтків яєць диких птахів, що гніздяться на території України, наявності антитіл до вірусу грипу А у ІФА не виявлено, результати в таблиці 3.5.

Таблиця 3.5

Результати серологічного дослідження жовтків яєць диких птахів на наявність антитіл до вірусу грипу А у ІФА

Вид птаха	Рік	Кількість, зразків (загальна)	Результат серологічних досліджень в ІФА		Серопреваленція, %
			негативні	позитивні	
Київська область					
Дрізд чорний (Turdus merula)	2023	1	1	0	0
Хмельницька область					
Дрізд чорний (Turdus merula)	2023	1	1	0	0
Дрізд співочий (Turdus philomelos)		2	2	0	0
Зяблик (Fringilla coelebs)		1	1	0	0
Полтавська область					
Синиця велика (Great Tit)	2023	1	1	0	0
Зеленяк (Chloris chloris)		3	3	0	0
Всього		9	9	0	0

Таким чином, результати досліджень жовтків підтверджують результати досліджень сироваток крові у ІФА.

Також проведені дослідження жовтків яєць на наявність антитіл до вірусу грипу А підтипу H5 та H7 у реакції затримки гемаглютинації з використанням референтних сироваток вірусу грипу. Результати наведені в таблиці 3.6.

Таблиця 3.6

Результати дослідження жовтків яєць диких птахів на наявність антитіл до вірусу грипу у РЗГА

Вид птаха	Рік	Кількість, зразків	Результат серологічних досліджень (РЗГА)	
			H5	H7
Київська область				
Дрізд чорний (<i>Turdus merula</i>)	2023	1	-	-
Хмельницька область				
Дрізд чорний (<i>Turdus merula</i>)	2023	1	-	1:16
Дрізд співочий (<i>Turdus philomelos</i>)		2	-	-
Зяблик (<i>Fringilla coelebs</i>)		1	-	-
Полтавська область				
Синиця велика (<i>Great Tit</i>)	2023	1	-	-
Зеленяк (<i>Chloris chloris</i>)		3	-	-

Примітка: «-» — не виявлено антитіл.

За результатами РЗГА, виявлено наступне: до підтипу вірусу грипу H5 титру антитіл виявлено не було. Проте, до підтипу H7 вірусу грипу титр антитіл склав $4 \log_2$, або титр 1:16 у жовтку яйця від чорного дрозда (Хмельницька область).

Результати досліджень висвітлено у наукових публікаціях [79, 251, 306].

3.4. Молекулярно-генетичні дослідження диких птахів

Молекулярно-генетичні дослідження були спрямовані на виявлення таргетного гену М вірусу грипу А методом ПЛР у реальному часі у досліджуваних пробах біологічного матеріалу від птахів ряду Горобцеподібні. Результати наведено в таблиці 3.7.

Таблиця 3.7

Результати молекулярно-генетичних досліджень зразків біологічного матеріалу у ПЛР на наявність таргетного гену М вірусу грипу А серед птахів ряду Горобцеподібні

Вид птаха	Локація	Рік	Кіль- кість зраз- ків	ПЛР		Інфікова- ність, %
				Позитив- ний	Негатив- ний	
1	2	3	4	5	6	7
Берестянка звичайна (<i>Hippolais icterina</i>)	с. Трапівка-2, Одеська область	2024	1	0	1	0
Вивільга (<i>Oriolus oriolus</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	4	0	4	0
Вівсянка звичайна (<i>Emberiza citrinella</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	9	0	3	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024		0	6	0
Вівчарик весняний (<i>Phylloscopus trochilus</i>)	с. Лиман, Одеська область	2024	4	0	4	0
	с. Трапівка, Одеська область		3	0	3	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		1	0	1	0
Вівчарик-ковалик (<i>Phylloscopus collybita</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	2	0	2	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе	2024	1	0	1	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		4	0	4	0
Вільшанка (<i>Erithacus rubecula</i>)	Київська область, Екологічна Дослідницька станція «Глибокі Балики»	2023	9	0	9	0

1	2	3	4	5	6	7
Вільшанка (<i>Erithacus rubecula</i>)	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари	2023	10	0	10	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		1	0	1	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	24	1	23	4,1 %
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе		4	0	4	0
	Львівська область, НПП «Яворівський»		3	0	3	0
	Хмельницька область, НПП «Подільські Товтри»		6	0	6	0
Волове очко (<i>Troglodytes troglodytes</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	1	0	1	0
	Львівська область, НПП «Яворівський»		2	0	2	0
Гаїчка болотяна (<i>Parus palustris</i>)	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари	2023	1	0	1	0
	Київська область, Екологічна Дослідницька станція «Глибокі Балики»		3	0	3	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе	2024	3	0	3	0
	Хмельницька область, НПП «Подільські Товтри»		3	0	3	0
	Львівська область, НПП «Яворівський»		1	0	1	0
Горихвістка чорна (<i>Phoenicurus ochruros</i>)	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари	2023	1	0	1	0
	Львівська область, НПП «Яворівський»	2024	1	0	1	0
Горобець польовий (<i>Passer montanus</i>)	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	29	0	29	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	12	0	12	0

Продовження табл. 3.7

1	2	3	4	5	6	7
Горобець польовий (<i>Passer montanus</i>)	с. Лиман, Одеська область	2024	1	0	1	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		3	0	3	0
Горобець хатній (<i>Passer domesticus</i>)	Харківська обл., Харківський р-н, м. Дергачі	2022	33	0	33	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Манченки		29	0	29	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе	2023	8	1	7	12,5 %
Дрізд співочий (<i>Turdus philomelos</i>)	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари	2023	17	0	17	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		13	0	13	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе	2024	7	0	7	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		21	0	21	0
	Хмельницька область, НПП "Подільські Товтри"		1	0	1	0
Дрізд чорний <i>Turdus merula</i>	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари	2023	8	0	8	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		11	0	11	0
	Київська область, Екологічна Дослідницька станція «Глибокі Балики»		2	0	2	0
	Хмельницька обл., с. Маліївці		6	0	6	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари	2024	3	2	1	66,6 %
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе		9	0	8	11,1 %
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		12	0	12	0

Продовження табл. 3.7

1	2	3	4	5	6	7
Дрізд чорний <i>Turdus merula</i>	Хмельницька область, НПП «Подільські Товтри»	2024	1	0	1	0
Зеленяк <i>Chloris chloris</i>	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари	2023	8	0	8	0
	Хмельницька обл., с. Маліївці		2	0	2	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		43	1	42	2,3 %
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	21	0	21	0
Золотомушка жовточуба <i>Regulus regulus</i>	Львівська область, НПП «Яворівський»	2024	12	0	12	0
Зяблик <i>Fringilla coelebs</i>	Хмельницька обл., с. Маліївці	2023	5	0	5	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари		22	0	22	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	17	0	17	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе		5	1	4	20 %
Кобилочка солов'їна <i>Locustella luscinioides</i>	с. Лиман, Одеська область	2024	1	1	0	100 %
Костогриз <i>Coccothraustes coccothraustes</i>	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари	2023	11	0	11	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		3	0	3	0
	Хмельницька обл., с. Маліївці		2	0	2	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	3	0	3	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе		1	0	1	0

Продовження табл. 3.7

1	2	3	4	5	6	7
Кропив'янка прудка <i>Sylvia curruca</i>	с. Трапівка, Одеська область	2024	11	0	11	0
	с. Лиман, Одеська область		9	1	8	11,1 %
	с. Трапівка-2, Одеська область		4	1	3	25 %
Кропив'янка рябогруда <i>Sylvia nisoria</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	4	0	4	0
Кропив'янка сіра <i>Sylvia communis</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	9	0	9	0
	с. Трапівка, Одеська область	2024	3	0	3	0
Кропив'янка чорноголова <i>Sylvia atricapilla</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	6	0	4	0
	Хмельницька обл., с. Маліївці		2	0	2	0
	с. Трапівка-2, Одеська область	2024	3	0	3	0
	Хмельницька область, НПП "Подільські Товтри"		4	0	4	0
	с. Лиман, Одеська область		1	0	1	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		4	0	4	0
Ластівка міська <i>Delichon urbica</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	15	0	15	0
Ластівка сільська <i>Hirundo rustica</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	17	0	17	0
Мухоловка білошия <i>Ficedula albicollis</i>	Хмельницька обл., с. Маліївці	2023	4	0	4	0
	с. Лиман, Одеська область	2024	5	0	5	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		2	1	1	50 %
Мухоловка сіра <i>Muscicapa striata</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	3	0	3	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	1	0	1	0

1	2	3	4	5	6	7
Мухоловка строката <i>Ficedula hypoleuca</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	1	0	1	0
Омелюх звичайний <i>Bombycilla garrulus</i>	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе	2023	10	0	10	0
Очеретянка велика <i>Acrocephalus agricola</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	4	0	4	0
	с. Лиман, Одеська область	2024	2	0	2	0
	с. Трапівка, Одеська область		1	0	1	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		1	0	1	0
Очеретянка індійська <i>Acrocephalus agricola</i>	с. Лиман, Одеська область	2024	6	0	6	0
Очеретянка ставкова <i>Acrocephalus scirpaceus</i>	с. Лиман, Одеська область	2024	17	1	0	5,8 %
	с. Трапівка, Одеська область		2	0	2	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		1	0	1	0
Підкоришник звичайний <i>Certhia familiaris</i>	Київська область, Екологічна Дослідницька станція «Глибокі Балики»	2023	1	0	1	0
Плиска біла <i>Motacilla alba</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	1	0	1	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	1	0	1	0
Плиска жовта <i>Motacilla flava</i>	с. Трапівка, Одеська область	2024	1	0	1	0
Повзик <i>Sitta europaea</i>	Хмельницька обл., с. Маліївці	2023	1	0	1	0
	Київська область, Екологічна Дослідницька станція «Глибокі Балики»		1	0	1	0
	Львівська область, НПП «Яворівський»	2024	2	0	2	0

1	2	3	4	5	6	7
Синиця блакитна <i>Parus caeruleus</i>	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари	2023	3	0	3	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе		5	0	5	0
	Київська область, Екологічна Дослідницька станція «Глибокі Балики»		5	0	5	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе	2024	2	0	2	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		3	0	3	0
	Хмельницька область, НПП «Подільські Товтри»		2	0	2	0
Синиця велика <i>Parus major</i>	Харківська обл., Харківський р-н, с. Манченки	2022	55	0	55	0
	Харківська обл., Харківський р-н, м. Дергачі		2	0	2	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе	2023	22	0	22	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари		29	0	29	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		13	0	13	0
	Київська область, Екологічна Дослідницька станція «Глибокі Балики»		15	0	15	0
	с. Трапівка, Одеська область	2024	1	0	1	0
	с. Лиман, Одеська область		2	0	2	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		5	1	4	20
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе		14	0	14	0

Продовження табл. 3.7

1	2	3	4	5	6	7
Синиця велика <i>Parus major</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	16	1	15	6,25 %
	Хмельницька область, НПП «Подільські Товтри»		2	0	2	0
	Львівська область, НПП «Яворівський»		17	0	17	0
Синиця довгохвоста <i>Aegithalos caudatus</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	2	0	2	0
	Львівська область, НПП «Яворівський»		11	0	11	0
Синьошийка <i>Luscinia svecica</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	1	0	1	0
Сойка <i>Garrulus glandarius</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	1	0	1	0
	Київська область, Екологічна Дослідницька станція «Глибокі Балики»		2	0	2	0
	Харківська обл., Харківський р-н, с. Першотравневе	2024	1	0	1	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		2	0	2	0
	Львівська область, НПП «Яворівський»		1	0	1	0
Соловейко східний <i>Luscinia luscinia</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	2	0	2	0
	с. Лиман, Одеська область	2024	1	0	1	0
	с. Трапівка-2, Одеська область		1	0	1	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		1	0	1	0
Сорокопуд терновий <i>Lanius collurio</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	9	0	9	0
Сорокопуд чорнолобий <i>Lanius minor</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	1	0	1	0

1	2	3	4	5	6	7
Трав'янка лучна <i>Saxicola rubetra</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2023	1	0	1	0
Трав'янка чорноголова <i>Saxicola torquata</i>	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	1	0	1	0
Шпак звичайний <i>Sturnus vulgaris</i>	Харківська обл., Харківський р-н, м. Дергачі	2023	47	0	47	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		1	0	1	0
Щиглик <i>Carduelis carduelis</i>	Харківська обл., Харківський р-н, с. Гайдари	2023	6	0	6	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»		6	0	6	0
	Полтавська область, с. Лучки, РЛП «Нижньоворсклянський»	2024	2	0	2	0

За результатами молекулярно-генетичних досліджень проб біологічного матеріалу від диких птахів досліджених на наявність таргетного гену М вірусу грипу А методом ПЛР у реальному часі, встановлено, що 9 видів (13 зразків) птахів ряду Горобцеподібні мали геном вірусу грипу. Позитивними були наступні види: вільшанка (*Erithacus rubecula*), горобець хатній (*Passer domesticus*), дрізд чорний (*Turdus merula*), зеленяк (*Chloris chloris*), кобилочка солов'їна (*Locustella luscinioides*), кропив'янка прудка (*Sylvia curruca*), мухоловка білошия (*Ficedula albicollis*), очеретянка ставкова (*Acrocephalus scirpaceus*) та синиця велика (*Parus major*). Таким, чином загальний відсоток позитивності птахів до вірусу грипу А у ПЛР склав 1,46 %. Встановлено коливання інфікованості в різних регіонах за різними роками, так у 2023 році Харківській області 1,19 %, у 2024 році — 4,2 %; у 2023 році в Полтавській області 0,48 %, у 2024 році — 1,28 %. При дослідженні зразків з Львівської, Київської та Хмельницької області наявності таргетного гену М вірусу грипу А не виявлено. Необхідно

Таблиця 3.8

Результати молекулярно-генетичного дослідження зразків диких птахів до підтипів Н1,Н3,Н4,Н5,Н6,Н7,Н9 вірусу грипу А

Назва зразку	Місце відбору	Результат типування зразку, на підтип вірусу грипу, значення, Сt						
		H1	H3	H4	H5	H6	H7	H9
Очеретянка ставкова/Лиман/01-05/2024	Одеська обл.	Не виявлено						
Кобилочка солов'їна/Лиман/30-04/2024								
Кропив'янка прудка/Лиман/30-04/2024								
Кропив'янка прудка/Трапівка-2/03-05/2024								
Синиця велика/Трапівка-2/03-05/2024								
Мухоловка білошия/Трапівка-2/03-05/2024								
Дрізд чорний/Гайдари/11-04/2023	Харківська обл.							
Дрізд чорний/Гайдари/10-04/2023								
Дрізд чорний/Першотравневе/21-09/2024								
Зяблик/Першотравневе/21-09/2024								
Синиця велика/Лучки/04-04/2024	Полтавська обл							
Вільшанка/Лучки/02-04/2024								

Отже, за результатами досліджень приналежності позитивних зразків від диких птахів при тестуванні ПЛР у реальному часі до обраних нами підтипів вірусу грипу А, не виявлено.

Також нами проведено додаткове дослідження проб біологічного матеріалу від птахів Горобцеподібних, методом класичної ПЛР на виявлення гену PB1 вірусу грипу А. Результат наведено у рис 3.1.

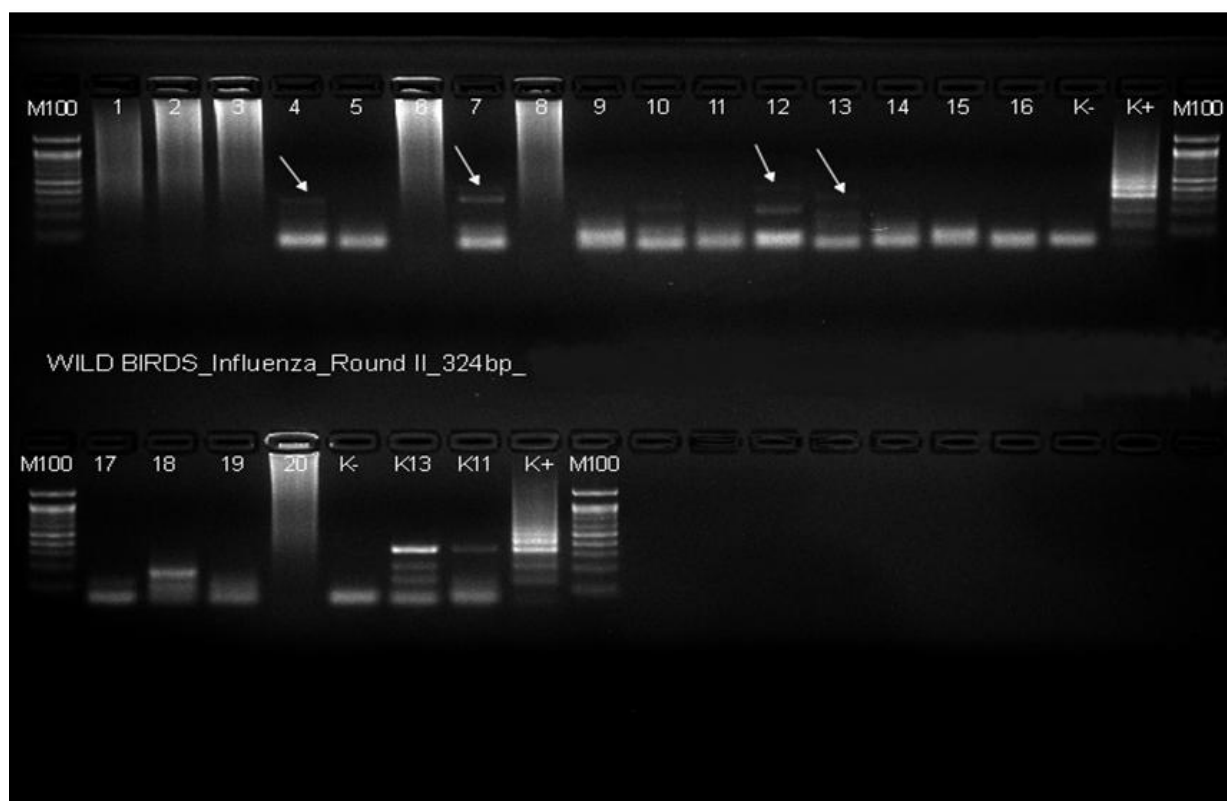


Рис. 3.1. Електрофореграма продуктів ампліфікації фрагменту гену PB1 вірусу грипу А. Лунки K13, K11, K+ — позитивний контроль, лунка K- — негативний контроль, лунки № 4,7,12,13 — наявність гену PB1 вірусу грипу А, M100 — маркер молекулярних мас.

Як свідчать результати електрофореграми, зображені на рис. 3.1, при додатковому дослідженні проб біологічного матеріалу від птахів ряду Горобцеподібних, методом класичної ПЛР, нами було виявлено та підтверджено 4 позитивні зразки з наявністю гену PB1 вірусу грипу А, серед наступних видів птахів: дрізд чорний (*Turdus merula*), зяблик (*Fringilla coelebs*) — Харківська область, синиця велика (*Parus major*), мухоловка білошия (*Ficedula albicollis*) — Одеська область.

3.5 Вірусологічні дослідження диких птахів

3.5.1 Вірусологічне дослідження ПЛР позитивних зразків від диких птахів. За результатами вірусологічного дослідження зразків біологічного матеріалу, не було ізольовано жодного ізоляту від диких птахів. Результати наведені в таблиці 3.9 та 3.10.

Таблиця 3.9

Результати вірусологічних досліджень ПЛР позитивних зразків від диких птахів І пасаж

Назва проби	Кількість КЕ	1 пасаж					РГА
		Доба спостереження та загибель КЕ					
		1	2	3	4	5	
Зеленяк/Лучки/12-05/23	2	-	-	-	-	-	0
Ластівка сільська/Лучки/14-05/23	2	-	-	-	-	-	0
Зеленяк/Лучки/13-05/23	2	-	-	-	-	-	0
Синиця велика/Гайдари/09-04/23	2	-	-	-	-	-	0
Дрізд чорний/Лучки/14-05/23	2	-	-	-	-	-	0
Горобець хатній/Першотравневе/02-03/23	2	-	-	-	-	-	0
Синиця велика/Першотравневе/02-03-01/23	2	-	-	-	-	-	0
Синиця велика/Першотравневе/02-03-02/23	2	-	-	-	-	-	0
Синиця велика/Першотравневе/02-03-03/23	2	-	-	-	-	-	0
Синиця велика/Першотравневе/19-03-01/23	2	-	-	-	-	-	0
Синиця велика/Першотравневе/19-03-02/23	2	-	-	-	-	-	0
Вільшанка/Гайдари/10-04/23	2	-	-	-	-	-	0
Щиглик звичайний/Гайдари/10-04/23	2	-	-	-	-	-	0
Вільшанка/Гайдари/11-04/23	2	-	-	-	-	-	0
Синиця велика/Гайдари/09-04/23	2	-	-	-	-	-	0
Контроль	2	-	-	-	-	-	0

Примітка: * — загибель КЕ відсутня.

За результатами вірусологічних досліджень загибель курячих ембріонів не відбулась, а титр гемаглютининів після розтину ембріонів становив 1:0.

**Результати вірусологічних досліджень ПЛР позитивних зразків від
диких птахів II пасаж**

Назва проби	Кількість КЕ	2 пасаж					РГА
		Доба спостереження та загибель КЕ					
		1	2	3	4	5	
Зеленяк/Лучки/12-05/23	2	-	-	-	-	-	0
Ластівка сільська/Лучки/14-05/23	2	-	-	-	-	-	0
Зеленяк/Лучки/13-05/23	2	-	-	-	-	-	0
Синиця велика/Гайдари/09-04/23	2	-	-	-	-	-	0
Дрізд чорний/Лучки/14-05/23	2	-	-	-	-	-	0
Горобець хатній/Периотравневе/02-03/23	2	-	-	-	-	-	0
Синиця велика/Периотравневе/02-03-01/23	2	-	-	-	-	-	0
Синиця велика/Периотравневе/02-03-02/23	2	-	-	-	-	-	0
Синиця велика/Периотравневе/02-03-03/23	2	-	-	-	-	-	0
Синиця велика/Периотравневе/19-03-01/23	2	-	-	-	-	-	0
Синиця велика/Периотравневе/19-03-02/23	2	-	-	-	-	-	0
Вільшанка/Гайдари/10-04/23	2	-	-	-	-	-	0
Щиглик звичайний/Гайдари/10-04/23	2	-	-	-	-	-	0
Вільшанка/Гайдари/11-04/23	2	-	-	-	-	-	0
Синиця велика/Гайдари/09-04/23	2	-	-	-	-	-	0
Контроль	2	-	-	-	-	-	0

Примітка: * — загибель КЕ відсутня

За результатами вірусологічних досліджень загибель курячих ембріонів не відбулась, а титр гемаглютининів після розтину ембріонів становив 1:0.

3.5.2 Вірусологічні дослідження архівних зразків вірусу грипу та вивчення біологічних властивостей вірусу грипу птиці. В наших дослідженнях ми також проводили роботу з біологічними матеріалом, відібраним від Горобцеподібних в попередні роки та який зберігався в колекції відділу вивчення хвороб птиці ННЦ «ІЕКВМ». Так, при дослідженні 18 проб біологічного матеріалу, відібраного від чикотнів у 2021 році в Запорізькій області, було ізольовано гемаглютинуючий ізолят. Результати наведено в таблиці 3.11.

**Результати вірусологічних досліджень проб біологічного матеріалу, які
були відібрані від чикотнів (*Turdus pilaris*)**

Номер пулу	Кількість проб фекалій у пулі	Кількість КЕ	Доба спостереження та загибель КЕ 1 пасаж					РГА	Номер пулу	Кількість КЕ	Доба спостереження та загибель КЕ 2 пасаж					РГА
			1	2	3	4	5				1	2	3	4	5	
1	4	3	1	-	-	-	-	0	1	2	-	-	1	-	-	0
2	5	3	-	-	-	-	-	0	2	2	-	-	-	-	-	0
3	5	3	-	2	1	-	-	0	3	2	1	1	-	-	-	1:8
4	4	3	-	1	1	-	-	0	4	2	1	1	-	-	-	1:512
Всього	18															
Кон-троль		3	-	-	-	-	-	0	Кон-троль	2	-	-	-	-	-	0

Примітка: * — загибелі не було КЕ

При вірусологічному дослідженні зразків від чикотня, було ізольовано 2 гемаглютинуючих ізолята чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21 (активність 1:8 в РГА) та чикотень/Богатир/М218914-(91-94)/24-02/21 (активність 1:512 в РГА). Подальші дослідження продовжувалися з ізолятом чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21. Третій та 4 пасажі були проведені також на КЕ. Результати наведені в таблиці 3.12.

Наступним етапом досліджень було проведення ідентифікації гемаглютинуючого вірусу. Гемаглютинуючу активність виділеного вірусу визначали у реакції РЗГА із застосуванням референтних сироваток до ортоміксовірусів та авуловірусів. Результати наведено в таблиці 3.13

Отже, згідно з результатами серологічної ідентифікації його віднесено до вірусу грипу А підтипу Н7. Визначення повної антигенної формули було проведено в Інституті Фрідріха Льюфлера за відповідними СОП. Встановлено, що повна антигенна формула становить Н7Н1. Таким чином повною назвою вірусу є чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21 підтипу вірусу грипу Н7Н1.

**Подальші вірусологічні дослідження вірусу
чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21**

Номер проби	Кількість КЕ	Доба спостереження та загибель КЕ (3 пасаж)					РГА	Номер проби	Кількість КЕ	Доба спостереження та загибель КЕ (4 пасаж)					РГА
		1	2	3	4	5				1	2	3	4	5	
чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21 нативний	3						1:8	чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21 нативний 10^{-1}	4	-	-	3	1	-	0
		1	1	-	-	1		чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21 нативний 10^{-2}	4	-	-	4	-	-	0
								чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21 нативний 10^{-3}	4	-	-	4	-	-	0
чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21 розведення 10^{-1}	3						1:4	чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21 $10^{-1} 10^{-1}$	4	-	-	4	-	-	0
		-	-	-	2	1		чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21 $10^{-1} 10^{-2}$	4	-	-	1	3	-	0
								чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21 $10^{-1} 10^{-3}$	4	-	-	4	-	-	1:256
Контроль	3	-	-	-	-	-	0	Контроль	2	-	-	-	-	-	0

Примітка: * — загибелі не було КЕ

Таблиця 3.13

**Результати серологічної ідентифікації гемаглютинуючого ізоляту
чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21 виділеного від чикотня**

Референтна сироватка	Ізоляти для ідентифікації
	чикотень/Богатир/86-90/24-02/21
1	2
ортоміксовіруси	
H1N1	1:32
H2N3	-
H3N8	-
H4N8	-
H5N1	-

1	2
H5N2	-
H5N3	-
H5N8	-
H6N2	-
H7N1	1:128
H8N4	-
H9N7	-
H10N1	-
H11N9	-
H12N1	-
H13N6	-
H14N6	-
H15N9	1:16
H16N3	-
параміксовіруси	
AaV-1	-
AaV-2	-
AaV-3	-
AaV-4	-
AaV-6	-
AaV-7	-
AaV-8	-
AaV-9	-

Також проведені дослідження з визначення біологічної активності, гемаглютинаційних властивостей чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21, а також титру гемаглютинінів, що наведено в таблиці 3.14

За результатами досліджень встановлено, що ізолят чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21 активно репродукувався в курячих ембріонах з накопиченням вірусу у ЕЕР через 36–96 годин в титрі 1:256–1:1024 (РГА). При цьому відмічається, що активна гибель курячих ембріонів була вже через 36 та 48 годин відповідно. При вивченні біологічних властивостей, а саме здатності вірусу гемаглютинуючого ізоляту чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21 культивуватися на КЕ було виявлено наступний титр РГА 1:256, що свідчить про те, що він дуже активно репродукувався на курячих ембріонах, після тривалого зберігання за температурою мінус 80 °С.

**Результати дослідження біологічної активності вірусу
чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21**

Розведення	Кіль- кість КЕ	Доба* спостереження та загибель КЕ, год										Титр в РГА
		1*		2*		3*		4*		5*		
		12	24	36	48	60	72	84	96	108	120	
10 ⁻¹	4								3			1:512
10 ⁻²	4			1		1		1	1			1:256
10 ⁻³	4			2		1			1			1:512
10 ⁻⁴	4			2	1				1			1:512
10 ⁻⁵	4			2	2							1:1024
10 ⁻⁶	4	1			1				1	1		1:256
10 ⁻⁷	4				2		1	1				1:1024
10 ⁻⁸	4							1				1:512
10 ⁻⁹	4											0
10 ⁻¹⁰	4											0

При його титруванні на КЕ встановлено, що інфекційний титр для чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21 склав $7,7 \lg \text{ЕІД}_{50}/0,1\text{см}^3$. Також встановлено, що вірус викликає гибель КЕ, тому нами був проведений підрахунок летального ембріонального титру, який склав $6,74 \lg \text{ЕІД}_{50}/0,1\text{см}^3$. Результати в таблиці 3.15

Таблиця 3.15

**Узагальнені дані щодо біологічної активності, титру гемаглютиніну
вірусу грипу, ізолюваного від дикої птиці ряду Горобцеподібних**

Назва вірусу	Інфекційний титр, $\lg /0,1 \text{ мл}$		Титр в РГА
	ЕІД_{50}	ЕІД_{50}	
чикотень/Богатир/М218914-(86-90)/24-02/21	7,7	6,74	1:256–1:1024

РОЗДІЛ 4

ОБГОВОРЕННЯ ТА УЗАГАЛЬНЕННЯ РЕЗУЛЬТАТІВ ДОСЛІДЖЕНЬ

Дикі птахи — є найголовнішим фактором поширення зоонозних інфекцій на цілі континенти. Значущі види вірусів, виділені від диких перелітних птахів, можуть опосередковано впливати на здоров'я людини. Серед них особливу небезпеку становлять: віруси грипу А та вірус лихоманки Західного Нілу. Ці патогени здатні передаватися через переносників або контакт із зараженим середовищем, що підкреслює важливість епідеміологічного нагляду та моніторингу перелітних птахів як потенційного джерела нових інфекцій [286, 4]. Оскільки птахи ряду Горобцеподібні відіграють значну роль у природних екосистемах і мешкають поблизу людей, вони можуть сприяти поширенню вірусів, зокрема вірусу грипу птиці. Горобцеподібні птахи можуть слугувати природним носіями цих вірусів та бути джерелом передачі свійським видам птахів [287, 288].

Ряд Горобцеподібних є найбільш численною групою птахів в Україні, яка налічує близько 177 видів та робить їх найпоширенішими птахами у найближчому до людини середовищі. До цієї групи належать співучі птахи з 21 родини. Завдяки активному споживанню їжі, високій рухливості та широкому розповсюдженню, горобцеподібні мають важливе значення для екологічних систем, а також для життя людини. Серед 360 видів птахів, які мешкають майже у всіх регіонах України, значну увагу привертають птахи-синантропи — ті, що постійно або частково проживають поблизу житла людини. До них належать: горобці (що поширені по всій території України), галки (зустрічаються майже всюди), граки (адаптуються до урбанізованих ландшафтів і тісно пов'язані з людською діяльністю), сороки (осілі птахи), велика синиця (осілі в Україні), чорні дрозди (перелітні птахи), шпаки (є одними з найчисельніших птахів Європи), сірі мухоловки (гніздові

на всій території України, перелітні), снігурі, ластівки (один із найчисленніших перелітних видів). Враховуючи їх значну роль у природі та близькість до людських поселень, ці птахи можуть відігравати важливу роль у розповсюдженні вірусів, таких як, вірус грипу птиці та вірус лихоманки Західного Нілу.

Перелітні птахи рідко використовують однакові місця зупинок навесні та восени. Це зумовлено складною взаємодією факторів навколишнього середовища, зокрема: напрямком переважних вітрів, погодними умовами, розташуванням джерел їжі, географічними бар'єрами (великі водоймища, пустелі, гірські хребти) [3, 4, 34, 105, 226, 289]. Оскільки ці чинники змінюються від сезону до сезону, маршрути міграції також варіюються, що впливає на динаміку передачі інфекцій. Весняний пік популяції комарів у Європі та Північній Америці збігається з весняною міграцією птахів. У помірних зонах Північної Америки, Європи та Середземномор'я захворюваність на вірус Західного Нілу досягає піку з липня по жовтень. З настанням зими активність комарів знижується, що призводить до падіння рівня інфікування серед птахів і людей майже до нуля. Вірус грипу А довше зберігається у водному середовищі за низьких температур, що сприяє збереженню інфекції взимку. У цей період відбувається велике скупчення водоплавних птахів, що підвищує ймовірність передачі вірусу між особинами. Деякі птахи, зокрема ворони та чайки, активно взаємодіють із стічними водами, сміттєзвалищами, гноєм, та іншими джерелами кишкових патогенів. Ці середовища можуть сприяти поширенню інфекцій серед птахів і подальшій передачі людям. Контроль екологічних ризиків, зокрема обмеження доступу птахів до забруднених середовищ, може допомогти знизити ймовірність поширення зоонозних інфекцій [3, 4, 290].

За останні 15 років вірус грипу А птиці став дуже серйозною проблемою не тільки у секторі промисловості (через дуже великі економічні збитки), але і для громадського здоров'я. Природнім резервуаром вірусу грипу птиці є кури та індички, а також дика птиця, яка здатна переносити

вірус на великі відстані. Вже відомі офіційно підтверджені випадки щодо здатності вірусу грипу долати міжвидовий бар'єр, які згадувались у літературних джерелах [18, 19, 34, 101, 291], та ВПГП H7N7 та H5N1 інфікував людей по усьому світу, але насамперед раніше він інфікував виключно птахів [292]. За даними ВООЗ до кінця 2020 року в світі було виявлено 862 випадки серед людей, з яких 52,8 % закінчились смертю [293]. Основним шляхом поширення вірусу грипу серед людей є повітряно-крапельна передача. Інфікування може відбутися через вдихання інфікованих крапель або їх висушених залишків, що містять вірусний матеріал, а також при безпосередньому контакті з хворими птахами. Це може спричинити розвиток тяжкого грипу, пневмонії та дихальної недостатності [294]. Окрім повітряно-крапельного механізму, можливими шляхами зараження також є: контакт із забрудненою водою, пряма інтраназальна або інтракон'юнктивальна інокуляція, використання необробленого пташиного посліду як добрива. За даними Європейського центру профілактики та контролю захворювань, до групи підвищеного ризику зараження вірусом грипу птиці входять: працівники дрібних тваринницьких ферм (найвища вразливість); працівники великих промислових птахоферм (дещо нижчий ризик) та особи, які працюють на бойнях та беруть участь у ліквідації інфікованих стад [295]. Таким чином, люди, що мають тривалий і тісний контакт з інфікованими птахами або їх виділеннями, є найбільш вразливими до інфікування вірусом грипу птиці, що підкреслює необхідність посиленого епідеміологічного нагляду та дотриманням обов'язкових заходів біобезпеки.

Вірус лихоманки Західного Нілу — це найпоширеніший серед флавівірусів збудник енцефаліту, що має глобальне епідеміологічне значення, періодичні спалахи якого будуть повторюватись, але їх інтенсивність залежить від багатьох факторів. Надзвичайно теплі зими та будь-які зміни погодних умов підвищують ризики розширення зон та передачу ВЗН, не тільки птахам, ссавцям але і людям. Цей трансмісивний патоген циркулює в сільських і міських районах, заражаючи птахів, людей,

коней та інших ссавців. Розповсюдження вірусу визначається складною взаємодією між патогеном (вірусом), переносником (комарами), хребетними господарями (основними носіями вірусу), навколишнім середовищем. Кліматичний фактор, що впливає на передачу вірусу лихоманки Західного Нілу залежить від здатність комарів набувати, підтримувати та передавати вірус (компетентність переносника); динаміки популяції переносників, швидкістю реплікації вірусу в комарах, що значною мірою залежить від температури. Зміна клімату сприяє стабілізації вірусу в природних осередках (ендемизації). Найбільший вплив має: температура — підвищення сприяє швидкій реплікації вірусу в переносниках; опади — коливання кількості опадів впливає на чисельність комарів; відносна вологість і вітер — впливають на поведінку переносників та їхню взаємодію з хазяїнами. Останні кліматичні зміни сприяли поширенню ВЗН у нових регіонах та підтримці вірусу у таких зонах, як: Південна Європа, Західна Азія, Східне Середземномор'я, Канадські прерії, Частини США та Австралія. Оскільки кліматичні тенденції зберігатимуться й надалі, оцінка майбутнього ризику передачі ВЗН повинна враховувати вплив зміни клімату. Це дозволить посилити заходи епідеміологічного нагляду, розробити стратегії попередження спалахів, знизити ризики поширення вірусу в нові регіони [279, 296]. Зміни клімату відіграють ключову роль у глобальній епідеміології ВЗН і їх необхідно враховувати для ефективної боротьби з вірусом.

Вірус грипу А та вірус лихоманки Західного Нілу є достатньо актуальними та поширеними інфекціями для України в останні декілька років, через географічне розташування, міграційні шляхи диких птахів, розвинену птахопромисловість та зміну кліматичних факторів, які ведуть за собою нові територіальні зони ураження (ЛЗН) та здатність вірусів долати міжвидовий бар'єр (вірус грипу А). У зв'язку з цим, потрібно створити епізоотологічний нагляд та систему контролю за розповсюдженням даних вірусів, аби попередити імовірні спалахи та захворюваність людей даними патогенами. У зв'язку з усім вищезазначеним, під час виконання наукових

досліджень було приділено увагу дослідженню епізоотичної ситуації в Україні та світі, а також вивченню циркуляції вірусів грипу А і вірусу лихоманки Західного Нілу серед диких птахів ряду Горобцеподібні на території України, у різних географічних зонах шляхом проведених серологічних, молекулярно-генетичних та вірусологічних досліджень.

Нами проведено аналіз епізоотичної ситуації щодо вірусу грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу серед диких птахів ряду Горобцеподібні як на території України, так і в світі. Отже, за даними офіційних джерел, спалахи вірусу грипу А були зафіксовані майже по всій території України — на сході, півдні, заході та у центральній частині, як у приватному секторі, так і серед диких птахів. Найбільш вразливими територіями залишається південь країни, адже саме там зосереджені майже усі міграційні шляхи диких птахів [271–273]. Згідно з даними ВООЗ, ВПГП у світі реєструється й досі — у 2022 році 84 країни реєстрували спалахи вірусу грипу птиці. Через те що ВПГП долає міжвидові бар'єри він починає становити загрозу не тільки для людства, а й для інших видів тварин, зокрема, диких птахів (лісових), морських ссавців, кажанів та м'ясоїдних тварин. Прикладом слугують виділені у 2023–2024 рр. ізоляти від ворон (ряд Горобцеподібних, родина Воронових) в Японії — *A/large-billed crow/Hokkaido/B067/2023* (H5N1) та *A/large-billed crow/Hokkaido/B068/2023* (H5N1) [266]. Повідомлення про поширення вірусу грипу А серед морських ссавців у США; про виділення нових вірусів грипу серед кажанів, та дані, що вони можуть наражати на небезпеку людство; а також випадки поширення вірусу грипу А серед котів та собак у притулках, де було виділено генетично схожий ізолят з ізолятом вірусу грипу птахів H7N2. Вплив вірусів грипу А викликає значне занепокоєння через їхній потенційний зоонозний та панзоотичний ризик, що підкреслює важливість моніторингу цих вірусів для ветеринарної медицини та громадського здоров'я.

Що стосується вірусу лихоманки Західного Нілу — арбовірусної зоонозної хвороби, яка існує достатньо довго, то періодично її реєстрували

більше у теплих країнах, через особливості циркуляції в природному резервуарі, проте попри зміну клімату та міграції диких птахів, він поширюється на нові території викликаючи серйозні захворювання серед людей. Якщо для протидії вірусу грипу А розроблені заходи профілактики та біобезпеки, то з ЛЗН навпаки — вакцинації не існує. Дослідження підтверджують, що підвищення середніх температур сприяє поширенню вірусу лихоманки Західного Нілу (ВЗН), оскільки позитивно впливає на всі елементи зоонозного циклу, особливо на переносників (комарів) та природні резервуари (птахів). Крім того, наявність водно-болотних угідь у радіусі 500 м сприяє циркуляції вірусу, як це зафіксовано в Іспанії [297, 298]. Передача ВЗН між птахами-господарями була продемонстрована у кількох видів, включаючи гусака звичайного, курку, чайку-кільчатку (*Larus delawarensis*), блакитну сойку (*Cyanocitta cristata*) та сороку чорноклюву (*Pica hudsonia*). Також встановлено, що заражена вода може бути джерелом інфекції, як це сталося у випадку з граком звичайним (*Quiscalus quiscula*) [182, 299, 300].

Дикі птахи вважаються основним резервуаром та господарями ЛЗН, але передача відбувається за рахунок комарів виду *Cx. pipiens*, *Cx. quinquefasciatus*, *Cx. tarsalis*, *Cx. restuans*. За літературними даними антитіла до вірусу ЛЗН були виявлені у 107 видів птахів, що належать до 39 родин, та частиною цих птахів є ряд Горобцеподібні, найбільш серед них зареєстровані наступні види птахів — дрізд чорний (*Turdus merula*), кропив'янка прудка (*Sylvia curruca*), кропив'янка сіра (*Sylvia communis*), кропив'янка садова (*Sylvia borin*), кропив'янка чорноголова (*Sylvia atricapilla*), шпак звичайний (*Sturnus vulgaris*), горобець хатній (*Passer domesticus*), синиця велика (*Parus major*), синиця блакитна (*Parus caeruleus*), мухоловка строката (*Ficedula hypoleuca*), горихвістка чорна (*Phoenicurus ochruros*), вільшанка (*Erithacus rubecula*), ластівка сільська (*Hirundo rustica*), ластівка міська (*Delichon urbica*), сорока (*Pica pica*), войка (*Garrulus glandarius*), ворона чорна (*Corvus corone*), ворона сіра (*Corvus cornix*),

очеретянка ставкова (*Acrocephalus scirpaceus*) [279]. Наші дослідження показали серопозитивність у 100 % хатнього горобця (*Passer domesticus*), що підтверджує його роль як природного хазяїна ВЗН у всьому світі. Відомо, що цей вид демонструє високі показники серопозитивності у різних регіонах, а РНК вірусу може зберігатися понад 6 місяців після інфікування у лабораторно заражених особин [301].

При серологічному дослідженні сироваток крові на наявність антитіл до вірусу лихоманки Західного Нілу серед птахів ряду Горобцеподібних, встановлено, що Україна відноситься до ареалу поширення циркуляції ЛЗН з наступними результатами — при дослідженні 27 видів птахів від 11,1 % до 100 % птахів мали антитіла до цього збудника, це підкреслює важливість подальших досліджень птахів ряду Горобцеподібних. Найвищий рівень серопозитивності було встановлено у таких видів птахів: вивільга (*Oriolus*), вільшанка (*Erithacus rubecula*) — 100 %, дрізд чорний (*Turdus merula*) — 93,7 %, дрізд співочий (*Turdus philomelos*) — 73 %, костогризт (*Coccothraustes coccothraustes*) — 100 %, кропив'янка чорнологова (*Sylvia atricapilla*) — 100 %, мухоловка строката (*Ficedula hypoleuca*) — 100 %, мухоловка сіра (*Muscicapa striata*) — 100 %, очеретянка велика (*Acrocephalus arundinaceus*) — 100 %, очеретянка ставкова (*Acrocephalus scirpaceus*) — 100 %, синиця велика (*Parus major*) — 100 %. Найбільша кількість позитивних зразків серед цих видів була виявлена в Одеській та Полтавській областях. У 2023 році загальний відсоток серопозитивності зі 105 зразків склав 25,7 % (n=27). У 2024 році загальний відсоток серопозитивності зі 195 зразків склав 48,7 % (n=95). Також виявлено антитіла до вірусу ЛЗН у жовтку яйця від дрозда чорного (*Turdus merula*). Дані співпадають з даними інших досліджень в світі, та свідчить про зростання та поширення арбовірусної інфекції серед птахів ряду Горобцеподібні територією України. За даними ECDC у світі захворюваність ЛЗН серед людей була різною у різні роки, але пік реєстрації звернень відбувався саме у період з червня по жовтень, коли є сприятливі умови для розвитку комарів. Усього в період з

2021 по 2024 рік, кількість зареєстрованих випадків серед людей у Європі на ЛЗН склала 3658, з них смертельних 301, у США — 2946 випадків, з них 160 смертельні. Серед тварин за той самий період в Європі кількість зареєстрованих птахів склала 1106, коней — 786 голів. Найбільш пікові роки щодо звернень на ЛЗН були у 2022 та 2024 році. У різних областях України також почало поширюватись захворювання серед людей щодо лихоманки Західного Нілу, зростаючи з кожним роком. Пік ЛЗН прийшовся на 2024 рік, коли було зареєстровано 50 випадків офіційних діагнозів.

Нами проведено серологічні дослідження стосовно наявності антитіл до вірусу грипу А на території України серед птахів ряду Горобцеподібні та встановлено, що на території України були позитивні зразки сироваток крові від кропив'янки чорноголової (*Sylvia atricapilla*) (НПП «Подільські товтри», Хмельницька область), від чорного дрозда (*Turdus merula*) (РЛП «Нижньоворсклянський», Полтавська область) та від співочого дрозда (*Turdus philomelos*) (с. Першотравневе, Харківська область). Також при тестуванні в РЗГА жовтків яєць, встановлено титр антитіл 1:16 у чорного дрозда. Наші результати співпадають з дослідженнями інших вчених, а саме — при серологічному дослідженні в Китаї польових горобців (*Passer montanus*) на наявність антитіл до вірусу грипу А, більшість яких було відловлено в природі, а частина придбана в зоомагазинах, 94 зразки з 800 були серопозитивними [92]. В Іспанії було проведено серологічне дослідження 39 зразків сироватки крові від хатніх горобців (*Passer domesticus*) на наявність антитіл до вірусу грипу А. Результати показали, що 13 зразків були позитивними [303]. У період 2003–2006 років в Об'єднаних Арабських Еміратах було проведено дослідження великодзьобих круків (*Corvus albicollis*) на антитіла до підтипів H5N1, H7N1 та H9N2, однак позитивних результатів не отримано [304]. Наші власні дослідження також не виявили антитіл до вірусу грипу А серед представників родини Воронових. Під час весняної та осінньої міграції 2001 року на острові Гельголанд (Північне море) дослідили біологічний матеріал як від близьких мігрантів

(зяблик (*Fringilla coelebs*), співочий дрізд (*Turdus philomelos*)), так і дальніх мігрантів (кропив'янка садова (*Sylvia borin*), горихвістка звичайна (*Phoenicurus phoenicurus*)), однак вірус грипу А виявлений не був [305]. Разом із тим, наші дослідження показали наявність антитіл до вірусу грипу А у дальнього мігранта — кропив'янки чорноголової (*Sylvia atricapilla*), відловленої на території НПП «Подільські Товтри» (Хмельницька область).

Наступним етапом нашої роботи були молекулярно-генетичні дослідження наявності РНК геному вірусу грипу А серед птахів ряду Горобцеподібних та подальше встановлення належності позитивних зразків до підтипів вірусу грипу H1, H3, H4, H5, H6, H7, H9. Нами було встановлено, що при дослідженні проб біологічного матеріалу від диких птахів (клоакальні змиви та фекалії), методом ПЛР у реальному часі та класичної ПЛР, 13 зразків мали наявність РНК геному вірусу грипу А, а саме: зеленяк (*Chloris chloris*) — 2,3 %, горобець хатній (*Passer domesticus*) — 12,5 %, очеретянка ставкова (*Acrocephalus scirpaceus*) — 5,8 %, кобилочка солов'їна (*Locustella luscinioides*) — 100 %, дрізд чорний (*Turdus merula*) — 5,7 %, кропив'янка прудка (*Sylvia curruca*) — 8,3 %, синиця велика (*Parus major*) — 1 %, вільшанка (*Erithacus rubecula*) — 4,1 %, зяблик (*Fringilla coelebs*) — 20 %, мухоловка білошия (*Ficedula albicollis*) — 50 %. При встановленні належності зразків до обраних підтипів вірусу грипу А, а саме H1, H3, H4, H5, H6, H7, H9 приналежності виявлено не було. Таким чином, при порівнянні з дослідженнями інших країн — в Єгипті були позитивні у ПЛР до вірусу грипу А до підтипу H5N1 зразки від чорного дрозда та сорокопуда-жулана [264]. В Японії було виділено ізоляти A/large-billed crow/Hokkaido/B067/2023 та A/large-billed crow/Hokkaido/B068/2023 від ворон, з подальшим встановленням підтипу H5N1 та при генетичному аналізі ці штами мали схожість з вірусами грипу H5N1 в Північній Європі, також у 2004 році було виявлено геному вірусу грипу H5N1 серед 9 великодзьобих ворон [68, 81, 82]. При дослідженні мексиканських чечевиць, які також відносяться до ряду Горобцеподібні, в США, у 2-х особин було виявлено РНК вірусу грипу. У

В'єтнамі від ластівки виділено вірусу грипу H5N1. При дослідженні у Словаччині ластівок, було виділено підтипи вірусу грипу H4, H9, H10 та H11. Наявність РНК вірусу грипу А було встановлено від шпаків з Ізраїлю, Великої Британії, Австралії, Грузії, Словенії, Іраку та США з відсотком 1,79 %. Нашими дослідженнями середній відсоток інфікованості птахів ряду Горобцеподібні у ПЛР склав 1,4 %.

За результатами вірусологічних досліджень позитивних проб біологічного матеріалу у ПЛР — жодного ізоляту виділено не було. Проте, при дослідженні архівного зразка, який зберігався в ННЦ «ІЕКВМ» від чикотня (*Turdus pilaris*) — відібрано у 2021 році в Запорізькій області, ізольовано ізолят гемаглютинуючого вірусу чикотень/Богатир/M218914-(91-94)/24-02/21. За результатами серологічної ідентифікації його віднесено до підтипу вірусу грипу H7N1. При дослідженні біологічних властивостей вірусу встановлено, що виділений ізолят від чикотня (*Turdus pilaris*) — чикотень/Богатир/M218914-(86-90)/24-02/21 дуже активно репродукувався на курячих ембріонах та при цьому мав високий інфекційний — $7,7 \lg \text{ЕІД}_{50}/0,1\text{см}^3$ та летальний титр — $6,74 \lg \text{ЕЛД}_{50}/0,1\text{см}^3$, при цьому титр в РГА складає 1:256–1:1024. Дослідження проведене в іншій країні показує нам, що в Японії був виділений ізолят у 2023–2024 роках від ворон — A/large-billed crow/Hokkaido/B067/2023 (H5N1) та A/large-billed crow/Hokkaido/B068/2023 (H5N1) та також активно репродукувався на КЕ.

Аналізуючи наші результати та порівнюючи їх з дослідженнями інших вчених по всьому світу, можна побачити, що за результатами імунологічних, молекулярно-генетичних, вірусологічних досліджень нами отримано нові знання щодо циркуляції вірусів грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу серед птахів ряду Горобцеподібні в Україні. Потрібно наголосити, що досліджень стосовно птахів ряду Горобцеподібних як потенційних переносників вірусу грипу А та вірусу ЛЗН в Україні немає. Проведені нами дослідження розкривають мету поставленого завдання та доповнюють наявну інформацію про епізоотичне та епідеміологічне значення.

ВИСНОВКИ

1. У дисертації представлено результати досліджень диких птахів ряду Горобцеподібних в Україні, що залучені до природної циркуляції та поширення вірусу грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу, в період 2023–2024 рр. Встановлено, що дрізд чорний (*Turdus merula*), співочий дрізд (*Turdus philomelos*), кропив'янка чорноголова (*Sylvia atricapilla*) є можливими потенційними носіями вірусу грипу за даними серологічного моніторингу; зеленяк (*Chloris chloris*), горобець хатній (*Passer domesticus*), очеретянка ставкова (*Acrocephalus scirpaceus*), кобилочка солов'їна (*Locustella luscinioides*), дрізд чорний (*Turdus merula*), кропив'янка прудка (*Sylvia curruca*), синиця велика (*Parus major*), вільшанка (*Erithacus rubecula*), зяблик (*Fringilla coelebs*), мухоловка білошия (*Ficedula albicollis*) — за даними ПЛР та чикотень (*Turdus pilaris*) — за даними вірусологічного моніторингу. Рівень серопозитивності до ЛЗН 18 видів диких птахів ряду Горобцеподібні (вивільга (*Oriolus oriolus*), вільшанка (*Erithacus rubecula*), дрізд чорний (*Turdus merula*), дрізд співочий (*Turdus philomelos*), костогриз (*Coccothraustes coccothraustes*), кропив'янка чорноголова (*Sylvia atricapilla*), мухоловка строката (*Ficedula hypoleuca*), мухоловка сіра (*Muscicapa striata*), очеретянка велика (*Acrocephalus arundinaceus*), очеретянка ставкова (*Acrocephalus scirpaceus*), синиця велика (*Parus major*)) коливався в середньому від 11 % до 100 %, що свідчить про активну циркуляцію цього збудника в природному резервуарі в Україні.

2. За результатами аналізу встановлено, що епізоотична ситуація щодо вірусу грипу А в світі та в Україні протягом 2021–2024 рр. була напруженою. Це обумовлено здатністю вірусу грипу А долати міжвидовий бар'єр. У Європі в період 2021–2024 рр. спалахи ВПГП реєструвались у 23 країнах, у тому числі що межують з Україною; також зареєстровано понад 4 000 випадків ВПГП серед домашніх і диких птахів. В Україні у 2021–2024 рр.

повідомляється про 29 спалахів ВПГП H5N1 та H5N8, що зареєстровані у 12 областях.

3. За епізоотологічним аналізом циркуляції вірусу лихоманки Західного Нілу у світі та в Україні встановлено, що його ареал в світі змінювався, в період 2021–2024 рр. зафіксовано 3 658 випадків у Європі та 2 946 зареєстрованих випадків серед людей у США. При цьому кількість зареєстрованих випадків серед тварин у Європі склала 1 106 випадків серед птахів та 786 — серед коней. Що стосується України, то в період 2021–2024 рр. спалахи ЛЗН серед людей в офіційних зверненнях реєструвались у кількості 85 випадків у м. Києві та у 3 областях (Київська, Полтавська, Черкаська).

4. У результаті серологічного моніторингу диких птахів ряду Горобцеподібні у різних регіонах України на наявність у них специфічних антитіл до вірусу лихоманки Західного Нілу встановлено, що серопозитивних птахів було виявлено як під час весняної та осінньої міграцій, так і під час зимівлі в Полтавській, Одеській, Харківській, Київській, Хмельницькій областях. У 2023 році загальна серопозитивність склала 25,7 %, а у 2024 році — 48,7 %. Найбільшу кількість серопозитивних птахів було виявлено у Харківській (29 %) та Полтавській (51 %) областях. Встановлено коливання серопозитивності у різних регіонах, так у 2023 році в Харківській області вона становила 28,5 %, в Полтавській — 28 %, в Київській — 9 %; у 2024 році у Харківській області — 29,2 %, Полтавській — 68,4 %, Одеській — 17,4 %, Хмельницькій — 70 %. Під час дослідження жовтків за допомогою ІФА виявлено антитіла до вірусу ЛЗН у дрозда чорного (*Turdus merula*), що становить 100 % серопозитивності.

5. У результаті серологічного моніторингу диких птахів ряду Горобцеподібні у різних регіонах України на наявність у них специфічних антитіл до вірусу грипу А, встановлено, що серопозитивних птахів було виявлено серед таких видів: кропив'янка чорноголова (*Sylvia atricapilla*) — в період гніздування 2024 року у Хмельницькій області (серопозитивна і до

ЛЗН); чорний дрізд (*Turdus merula*) — у весняну міграцію 2023 року у Полтавській області (серопозитивний до ЛЗН); співочий дрізд (*Turdus philomelos*) — в осінню міграцію 2024 року у Харківській області. Встановлено, що відбувалося коливання серопозитивності птахів в різних регіонах в різні роки: у 2023 році у Полтавській області — 0,78 %, у 2024 році у Харківській — 2,6 % та Хмельницькій — 33,3. Так, в 2023 році серопозитивність до вірусу грипу А була 0,67 %, а в 2024 році склала 1,2 %. Рівень інфікованості зріс у 2024 році, у порівнянні з 2023 роком. У той же час необхідно відзначити, що методом ІФА антитіл до вірусу грипу А в жовтках Горобцеподібних птахів виявлено не було. За результатами РЗГА до підтипу вірусу грипу Н5 титру антитіл виявлено не було, проте до підтипу Н7 вірусу грипу титр антитіл склав $4 \log_2$ у жовтку яйця від чорного дрозда (Хмельницька область).

6. Молекулярно-генетичними дослідженнями встановлено наявність таргетного гена М вірусу грипу А у птахів ряду Горобцеподібних в різних регіонах України та у різні роки. Встановлено коливання інфікованості в різних регіонах за різними роками: так у 2023 році в Харківській області — 1,19 %, у 2024 році — 4,2 %; у 2023 році в Полтавській області — 0,48 %, у 2024 році — 1,28 %. Під час дослідження зразків зі Львівської, Київської та Хмельницької областей наявності таргетного гена М вірусу грипу А не виявлено. Необхідно зазначити, що найбільшу частку інфікованих птахів було виявлено в Одеській (6,4 %) та Харківській області (1,05 %). У результаті додаткового дослідження методом класичної ПЛР проб біологічного матеріалу від птахів ряду Горобцеподібні на наявність фрагмента гена PB1 вірусу грипу, нами було виявлено та підтверджено позитивні зразки серед наступних видів птахів: дрізд чорний (*Turdus merula*), зяблик (*Fringilla coelebs*) — з Харківської області, синиця велика (*Parus major*), мухоловка білошия (*Ficedula albicollis*) — з Одеської. У той же час, необхідно зазначити, що під час визначення приналежності позитивних

зразків до обраних нами підтипів вірусів грипу А, підтипів Н1, Н3, Н4, Н5, Н6, Н7, Н9 не встановлено.

7. За результатами вірусологічних досліджень ПЛР-позитивних зразків вірусу грипу А ізолювано не було.

8. Під час вірусологічних досліджень архівних зразків біологічного матеріалу (проб фекалій) від диких Горобцеподібних, зібраних в Запорізькій області у 2021 році від чикотня (*Turdus pilaris*), було ізолювано вірус грипу А/чикотень/Богатир/M218914-(86-90)/24-02/21. За результатами серологічної ідентифікації встановлено антигенну формулу вірусу грипу — Н7N1. Встановлено, що ізолят активно репродукувався у курячих ембріонах та мав високий інфекційний титр — $7,7 \lg \text{ЕІД}_{50}/0,1 \text{ см}^3$ та летальний титр — $6,74 \lg \text{ЕІД}_{50}/0,1 \text{ см}^3$. Гемаглютинаційна активність у РГА становила 1:256–1:1024. Після подальших досліджень виділений ізолят можливо використовувати як антиген для тест-системи ІФА або як РНК-зонд для ПЛР.

ПРОПОЗИЦІЇ ВИРОБНИЦТВУ

1. Одержані результати наукових досліджень рекомендуються до використання у навчальному процесі підготовки здобувачів вищої освіти за спеціальністю «Ветеринарна медицина» під час викладання курсів «Епізоотологія та інфекційні хвороби тварин», «Епідеміологія та інфекційні хвороби тварин», «Ветеринарна мікробіологія», «Ветеринарна вірусологія», «Зоонози та концепція «Єдине здоров'я»» та «Ветеринарна імунологія» у закладах вищої освіти України.

2. Після подальших досліджень виділений ізолят можливо використовувати як антиген для тест-системи ІФА або як РНК-зонд для ПЛР.

СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. Causey, D., & Edwards, S. V. (2008). Ecology of avian influenza virus in birds. *The Journal of Infectious Diseases*, 197(s1), S29–S33. <https://doi.org/10.1086/524991>.
2. Reed, K. D., Meece, J. K., Henkel, J. S., & Shukla, S. K. (2003). Birds, migration and emerging zoonoses: west nile virus, lyme disease, influenza A and enteropathogens. *Clinical Medicine & Research*, 1(1), 5–12. <https://doi.org/10.3121/cmr.1.1.5>.
3. Wu, T., & Perrings, C. (2018). The live poultry trade and the spread of highly pathogenic avian influenza: Regional differences between Europe, West Africa, and Southeast Asia. *PloS One*, 13(12), e0208197. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0208197>.
4. Tsiodras, S., Kelesidis, T., Kelesidis, I., Bauchinger, U., & Falagas, M. E. (2008). Human infections associated with wild birds. *The Journal of Infection*, 56(2), 83–98. <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2007.11.001>.
5. El-Sayed, A., & Kamel, M. (2021). Future threat from the past. *Environmental Science and Pollution Research International*, 28(2), 1287–1291. <https://doi.org/10.1007/s11356-020-11234-9>.
6. Spackman E. (2014). A brief introduction to avian influenza virus. *Methods in Molecular Biology*, 1161, 61–68. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-0758-8_6.
7. Centanni, E. (1902). Die Vogelpest. *Zentbl. Bakt. Paraskitkde, Abt. 1*(31), 145–152, 182–201.
8. Jurado-Tarifa, E., Napp, S., Lecollinet, S., Arenas, A., Beck, C., Cerdà-Cuéllar, M., Fernández Morente, M., & García-Bocanegra, I. (2016). Monitoring of West Nile virus, Usutu virus and Meaban virus in waterfowl used as decoys and wild raptors in southern Spain. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 49, 58–64. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2016.10.001>.

9. Інформаційне повідомлення про поширення небезпечних інфекційних захворювань у світі. (б. д.). https://www.phc.org.ua/sites/default/files/users/user92/%D0%A6%D0%93%D0%97_%D0%86%D0%BD%D1%84.%20%D1%85%D0%B2.%20%D0%86%D0%BD%D1%84%D0%BE%D1%80%D0%BC%20%D0%B1%D1%8E%D0%BB%D0%B5%D1%82%D0%B5%D0%BD%D1%8C%20%D0%B7%D0%B0%20III%20%D0%BA%D0%B2.%202024.pdf.

10. OIE. (2012). *Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals*. OIE. <http://www.oie.int/en/international-standard-setting/terrestrial-manual/access-online/>.

11. Shao, W., Li, X., Goraya, M. U., Wang, S., & Chen, J. L. (2017). Evolution of influenza A virus by mutation and re-assortment. *International Journal of Molecular Sciences*, 18(8), 1650. <https://doi.org/10.3390/ijms18081650>.

12. *Current ICTV Taxonomy Release*. (б. д.). <https://ictv.global/taxonomy>.

13. National Institutes of Health. (2007). Two thousand influenza virus genomes and counting ... <https://www.nih.gov/news-events/nih-research-matters/two-thousand-influenza-virus-genomes-counting>.

14. Cardona, C. J., Halvorson, D. A., Hall, J., Pantin-Jackwood, M. J., & Brown, J. D. (2020). Conducting influenza virus pathogenesis studies in avian species. *Methods in Molecular Biology*, 2123, 195–209. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-0346-8_15.

15. Liu, X., Zhao, Z., & Liu, W. (2013). Insights into the roles of cyclophilin A during influenza virus infection. *Viruses*, 5(1), 182–191. <https://doi.org/10.3390/v5010182>.

16. Medina, R. A., & García-Sastre, A. (2011). Influenza A viruses: new research developments. *Nature Reviews. Microbiology*, 9(8), 590–603. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2613>.

17. Noda T. (2012). [Orthomyxoviruses]. *Uirusu*, 62(2), 219–228. <https://doi.org/10.2222/jsv.62.219>.

18. Kessler, S., Burke, B., Andrieux, G., Schinköthe, J., Hamberger, L., Kacza, J., Zhan, S., Reasoner, C., Dutt, T. S., Kaukab Osman, M., Henao-Tamayo, M., Staniek, J., Villena Ossa, J. F., Frank, D. T., Ma, W., Ulrich, R., Cathomen, T., Boerries, M., Rizzi, M., Beer, M., ... Cimini, K. (2024). Deciphering bat influenza H18N11 infection dynamics in male Jamaican fruit bats on a single-cell level. *Nature Communications*, 15(1), 4500. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-48934-6>.
19. Wu, Y., Wu, Y., Tefsen, B., Shi, Y., & Gao, G. F. (2014). Bat-derived influenza-like viruses H17N10 and H18N11. *Trends in Microbiology*, 22(4), 183–191. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2014.01.010>.
20. Tumpey, T. M., Basler, C. F., Aguilar, P. V., Zeng, H., Solórzano, A., Swayne, D. E., Cox, N. J., Katz, J. M., Taubenberger, J. K., Palese, P., & García-Sastre, A. (2005). Characterization of the reconstructed 1918 Spanish influenza pandemic virus. *Science*, 310(5745), 77–80. <https://doi.org/10.1126/science.1119392>.
21. Kawaoka, Y., & Neumann, G. (2012). Influenza viruses: an introduction. *Methods in Molecular Biology*, 865, 1–9. https://doi.org/10.1007/978-1-61779-621-0_1.
22. FAO. (2010). Avian Influenza: Continued support is required. *FAOAIDEnews Animal Influenza Disease Emergency, Situation Update 70*, 1–7. <https://www.fao.org/4/ak783e/ak783e00.pdf>.
23. Cumulative number of confirmed human cases for avian influenza A(H5N1) reported to WHO, 2003–2013. (n. d.). http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/EN_GIP_20130604CumulativeNumberH5N1cases.pdf.
24. Press Conference by UN System Senior Coordinator for Avian, Human Influenza. (n. d.). https://web.archive.org/web/20060420023115/http://www.un.org/News/briefings/docs/2005/050929_Nabarro.doc.htm.
25. Китайські експерти вважають, що пташиний грип H5N8 може викликати пандемію. (2021). <https://interfax.com.ua/news/pharmacy/745743.html>.

26. Wageningen University & Research. (2014, Березень 16). WUR. <https://www.wur.nl/nl.htm>.
27. Verhagen, J. H., Herfst, S., & Fouchier, R. A. (2015). Infectious disease. How a virus travels the world. *Science*, 347(6222), 616–617. <https://doi.org/10.1126/science.aaa6724>.
28. Zhang, Y., Aevermann, B. D., Anderson, T. K., Burke, D. F., Dauphin, G., Gu, Z., He, S., Kumar, S., Larsen, C. N., Lee, A. J., Li, X., Macken, C., Mahaffey, C., Pickett, B. E., Reardon, B., Smith, T., Stewart, L., Suloway, C., Sun, G., Tong, L., ... Scheuermann, R. H. (2017). Influenza research database: an integrated bioinformatics resource for influenza virus research. *Nucleic Acids Research*, 45(D1), D466–D474. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw857>.
29. Munster, V. J., Wallensten, A., Baas, C., Rimmelzwaan, G. F., Schutten, M., Olsen, B., Osterhaus, A. D., & Fouchier, R. A. (2005). Mallards and highly pathogenic avian influenza ancestral viruses, northern Europe. *Emerging Infectious Diseases*, 11(10), 1545–1551. <https://doi.org/10.3201/eid1110.050546>.
30. Campitelli, L., Di Martino, A., Spagnolo, D., Smith, G. J. D., Di Trani, L., Facchini, M., De Marco, M. A., Foni, E., Chiapponi, C., Martin, A. M., Chen, H., Guan, Y., Delogu, M., & Donatelli, I. (2008). Molecular analysis of avian H7 influenza viruses circulating in Eurasia in 1999–2005: detection of multiple reassortant virus genotypes. *The Journal of General Virology*, 89(1), 48–59. <https://doi.org/10.1099/vir.0.83111-0>.
31. Röhm, C., Horimoto, T., Kawaoka, Y., Süss, J., & Webster, R. G. (1995). Do hemagglutinin genes of highly pathogenic avian influenza viruses constitute unique phylogenetic lineages?. *Virology*, 209(2), 664–670. <https://doi.org/10.1006/viro.1995.1301>.
32. Joseph, U., Su, Y. C., Vijaykrishna, D., & Smith, G. J. (2017). The ecology and adaptive evolution of influenza A interspecies transmission. *Influenza and Other Respiratory Viruses*, 11(1), 74–84. <https://doi.org/10.1111/irv.12412>.

33. Abdelwhab, E. M., Veits, J., & Mettenleiter, T. C. (2014). Prevalence and control of H7 avian influenza viruses in birds and humans. *Epidemiology and Infection*, 142(5), 896–920. <https://doi.org/10.1017/S0950268813003324>.
34. Fereidouni, S., Munoz, O., Von Dobschuetz, S., & De Nardi, M. (2016). Influenza virus infection of marine mammals. *EcoHealth*, 13(1), 161–170. <https://doi.org/10.1007/s10393-014-0968-1>.
35. Mostafa, A., Abdelwhab, E. M., Mettenleiter, T. C., & Pleschka, S. (2018). Zoonotic potential of influenza A viruses: a comprehensive overview. *Viruses*, 10(9), 497. <https://doi.org/10.3390/v10090497>.
36. Capua, I., Mutinelli, F., Pozza, M. D., Donatelli, I., Puzelli, S., & Cancellotti, F. M. (2002). The 1999–2000 avian influenza (H7N1) epidemic in Italy: veterinary and human health implications. *Acta Tropica*, 83(1), 7–11. [https://doi.org/10.1016/s0001-706x\(02\)00057-8](https://doi.org/10.1016/s0001-706x(02)00057-8).
37. Abbas, M. A., Spackman, E., Swayne, D. E., Ahmed, Z., Sarmento, L., Siddique, N., Naeem, K., Hameed, A., & Rehmani, S. (2010). Sequence and phylogenetic analysis of H7N3 avian influenza viruses isolated from poultry in Pakistan 1995–2004. *Virology Journal*, 7, 137. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-7-137>.
38. Suarez, D. L., Senne, D. A., Banks, J., Brown, I. H., Essen, S. C., Lee, C. W., Manvell, R. J., Mathieu-Benson, C., Moreno, V., Pedersen, J. C., Panigrahy, B., Rojas, H., Spackman, E., & Alexander, D. J. (2004). Recombination resulting in virulence shift in avian influenza outbreak, Chile. *Emerging Infectious Diseases*, 10(4), 693–699. <https://doi.org/10.3201/eid1004.030396>.
39. Pasick, J., Handel, K., Robinson, J., Copps, J., Ridd, D., Hills, K., Kehler, H., Cottam-Birt, C., Neufeld, J., Berhane, Y., & Czub, S. (2005). Intersegmental recombination between the haemagglutinin and matrix genes was responsible for the emergence of a highly pathogenic H7N3 avian influenza virus in British Columbia. *The Journal of General Virology*, 86(3), 727–731. <https://doi.org/10.1099/vir.0.80478-0>.

40. Berhane, Y., Hisanaga, T., Kehler, H., Neufeld, J., Manning, L., Argue, C., Handel, K., Hooper-McGrevy, K., Jonas, M., Robinson, J., Webster, R. G., & Pasick, J. (2009). Highly pathogenic avian influenza virus A (H7N3) in domestic poultry, Saskatchewan, Canada, 2007. *Emerging Infectious Diseases*, 15(9), 1492–1495. <https://doi.org/10.3201/eid1509.080231>.

41. Fao. (2012). Highly Pathogenic Avian Influenza in Mexico (H7N3) — A significant threat to poultry production not to be underestimated. *Empres Watch*, 26, 1–9. <https://www.fao.org/4/an395e/an395e.pdf>.

42. Maurer-Stroh, S., Lee, R. T., Gunalan, V., & Eisenhaber, F. (2013). The highly pathogenic H7N3 avian influenza strain from July 2012 in Mexico acquired an extended cleavage site through recombination with host 28S rRNA. *Virology Journal*, 10, 139. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-10-139>.

43. *Highly Pathogenic Avian Influenza H7N7, Oxfordshire, UK Situation at 12.30pm Wednesday 2nd July*. (n. d.). <https://webarchive.nationalarchives.gov.uk/ukgwa/20130402151656/http://archive.defra.gov.uk/foodfarm/farmanimal/diseases/atoz/ai/documents/epireport-080711.pdf>.

44. Iglesias, I., Martínez, M., Muñoz, M. J., de la Torre, A., & Sánchez-Vizcaíno, J. M. (2010). First case of highly pathogenic avian influenza in poultry in Spain. *Transboundary and Emerging Diseases*, 57(4), 282–285. <https://doi.org/10.1111/j.1865-1682.2010.01145.x>.

45. Dietze, K., Graaf, A., Homeier-Bachmann, T., Grund, C., Forth, L., Pohlmann, A., Jeske, C., Wintermann, M., Beer, M., Conraths, F. J., & Harder, T. (2018). From low to high pathogenicity-Characterization of H7N7 avian influenza

viruses in two epidemiologically linked outbreaks. *Transboundary and Emerging Diseases*, 65(6), 1576–1587. <https://doi.org/10.1111/tbed.12906>.

46. Seekings, A. H., Slomka, M. J., Russell, C., Howard, W. A., Choudhury, B., Nuñez, A., Löndt, B. Z., Cox, W., Ceeraz, V., Thorén, P., Irvine, R. M., Manvell, R. J., Banks, J., & Brown, I. H. (2018). Direct evidence of H7N7 avian influenza virus mutation from low to high virulence on a single poultry premises during an outbreak in free range chickens in the UK, 2008. *Infection, Genetics and Evolution*, 64, 13–31. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2018.06.005>.

47. Chen, Y., Liang, W., Yang, S., Wu, N., Gao, H., Sheng, J., Yao, H., Wo, J., Fang, Q., Cui, D., Li, Y., Yao, X., Zhang, Y., Wu, H., Zheng, S., Diao, H., Xia, S., Zhang, Y., Chan, K. H., Tsoi, H. W., ... Yuen, K. Y. (2013). Human infections with the emerging avian influenza A H7N9 virus from wet market poultry: clinical analysis and characterisation of viral genome. *Lancet*, 381(9881), 1916–1925. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(13\)60903-4](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(13)60903-4).

48. Pantin-Jackwood, M. J., Miller, P. J., Spackman, E., Swayne, D. E., Susta, L., Costa-Hurtado, M., & Suarez, D. L. (2014). Role of poultry in the spread of novel H7N9 influenza virus in China. *Journal of Virology*, 88(10), 5381–5390. <https://doi.org/10.1128/JVI.03689-13>.

49. Wang, C., Wang, J., Su, W., Gao, S., Luo, J., Zhang, M., Xie, L., Liu, S., Liu, X., Chen, Y., Jia, Y., Zhang, H., Ding, H., & He, H. (2014). Relationship between domestic and wild birds in live poultry market and a novel human H7N9 virus in China. *The Journal of Infectious Diseases*, 209(1), 34–37. <https://doi.org/10.1093/infdis/jit478>.

50. Millman, A. J., Havers, F., Iuliano, A. D., Davis, C. T., Sar, B., Sovann, L., Chin, S., Corwin, A. L., Vongphrachanh, P., Douangngeun, B., Lindblade, K. A., Chittaganpitch, M., Kaewthong, V., Kile, J. C., Nguyen, H. T., Pham, D. V., Donis, R. O., & Widdowson, M. A. (2015). Detecting spread of avian influenza A(H7N9) virus beyond China. *Emerging Infectious Diseases*, 21(5), 741–749. <https://doi.org/10.3201/eid2105.141756>.

51. Gao, R., Cao, B., Hu, Y., Feng, Z., Wang, D., Hu, W., Chen, J., Jie, Z., Qiu, H., Xu, K., Xu, X., Lu, H., Zhu, W., Gao, Z., Xiang, N., Shen, Y., He, Z., Gu, Y., Zhang, Z., Yang, Y., ... Shu, Y. (2013). Human infection with a novel avian-origin influenza A (H7N9) virus. *The New England Journal of Medicine*, 368(20), 1888–1897. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa1304459>.
52. Halwe, N. J., Hamberger, L., Sehl-Ewert, J., Mache, C., Schön, J., Ulrich, L., Calvelage, S., Tönnies, M., Fuchs, J., Bandawane, P., Loganathan, M., Abbad, A., Carreño, J. M., Bermúdez-González, M. C., Simon, V., Kandeil, A., El-Shesheny, R., Ali, M. A., Kayali, G., Budt, M., ... Beer, M. (2024). Bat-borne H9N2 influenza virus evades MxA restriction and exhibits efficient replication and transmission in ferrets. *Nature Communications*, 15(1), 3450. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-47455-6>.
53. Tan, M., Zeng, X., Xie, Y., Li, X., Liu, J., Yang, J., Yang, L., & Wang, D. (2023). Reported human infections of H9N2 avian influenza virus in China in 2021. *Frontiers in Public Health*, 11, 1255969. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2023.1255969>.
54. Kim S. H. (2018). Challenge for One Health: Co-circulation of zoonotic H5N1 and H9N2 avian influenza viruses in Egypt. *Viruses*, 10(3), 121. <https://doi.org/10.3390/v10030121>.
55. Seiler, P., Kercher, L., Feeroz, M. M., Shanmuganatham, K., Jones-Engel, L., Turner, J., Walker, D., Alam, S. M. R., Hasan, M. K., Akhtar, S., McKenzie, P., Franks, J., Krauss, S., Webby, R. J., & Webster, R. G. (2018). H9N2 influenza viruses from Bangladesh: Transmission in chicken and New World quail. *Influenza and Other Respiratory Viruses*, 12(6), 814–817. <https://doi.org/10.1111/irv.12589>.
56. Ali, M., Yaqub, T., Mukhtar, N., Imran, M., Ghafoor, A., Shahid, M. F., Naeem, M., Iqbal, M., Smith, G. J. D., & Su, Y. C. F. (2019). Avian influenza A(H9N2) virus in poultry worker, Pakistan, 2015. *Emerging Infectious Diseases*, 25(1), 136–139. <https://doi.org/10.3201/eid2501.180618>.

57. Kim, S. M., Kim, Y. I., Pascua, P. N., & Choi, Y. K. (2016). Avian influenza A viruses: evolution and zoonotic infection. *Seminars in Respiratory and Critical Care Medicine*, 37(4), 501–511. <https://doi.org/10.1055/s-0036-1584953>.
58. Dierauf, L. A., Karesh, W. B., Ip, H. S., Gilardi, K. V., & Fischer, J. R. (2006). Avian influenza virus and free-ranging wild birds. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 228(12), 1877–1882. <https://doi.org/10.2460/javma.228.12.1877>.
59. Pantin-Jackwood, M. J., & Swayne, D. E. (2009). Pathogenesis and pathobiology of avian influenza virus infection in birds. *Revue Scientifique et Technique (International Office of Epizootics)*, 28(1), 113–136. .
60. Zhu, Y., Shi, J. H., & Shu, Y. L. (2014). [An overview of surveillance of avian influenza viruses in wild birds]. *Bing du xue bao = Chinese Journal of Virology*, 30(3), 310–317.
61. Mellouli, F. E., Abouchoaib, N., Zekhnini, H., Khayli, M., Fusaro, A., Idrissi, H. R., & Benhoussa, A. (2022). Molecular detection of avian influenza virus in wild birds in Morocco, 2016–2019. *Avian Diseases*, 66(1), 29–38. <https://doi.org/10.1637/aviandiseases-D-21-00070>.
62. Lee, C. T., Slavinski, S., Schiff, C., Merlino, M., Daskalakis, D., Liu, D., Rakeman, J. L., Misener, M., Thompson, C., Leung, Y. L., Varma, J. K., Fry, A., Havers, F., Davis, T., Newbury, S., Layton, M., & Influenza A(H7N2) Response Team (2017). Outbreak of Influenza A(H7N2) Among Cats in an Animal Shelter With Cat-to-Human Transmission–New York City, 2016. *Clinical Infectious Diseases*, 65(11), 1927–1929. <https://doi.org/10.1093/cid/cix668>.
63. Marinova-Petkova, A., Laplante, J., Jang, Y., Lynch, B., Zanders, N., Rodriguez, M., Jones, J., Thor, S., Hodges, E., De La Cruz, J. A., Belser, J., Yang, H., Carney, P., Shu, B., Berman, L., Stark, T., Barnes, J., Havers, F., Yang, P., Trock, S. C., ... Davis, C. T. (2017). Avian influenza A(H7N2) virus in human exposed to sick cats, New York, USA, 2016. *Emerging Infectious Diseases*, 23(12), 2046–2049. <https://doi.org/10.3201/eid2312.170798>.

64. Perkins, L. E., & Swayne, D. E. (2003). Comparative susceptibility of selected avian and mammalian species to a Hong Kong-origin H5N1 high-pathogenicity avian influenza virus. *Avian Diseases*, 47(3 Suppl), 956–967. <https://doi.org/10.1637/0005-2086-47.s3.956>.

65. Shriner, S. A., & Root, J. J. (2020). A review of avian influenza A virus associations in synanthropic birds. *Viruses*, 12(11), 1209. <https://doi.org/10.3390/v12111209>.

66. Williams, R. A. J., Sánchez-Llatas, C. J., Doménech, A., Madrid, R., Fandiño, S., Cea-Callejo, P., Gomez-Lucia, E., & Benítez, L. (2023). Emerging and novel viruses in passerine birds. *Microorganisms*, 11(9), 2355. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11092355>.

67. Burns, T. E., Ribble, C., Stephen, C., Kelton, D., Toews, L., Osterhold, J., & Wheeler, H. (2012). Use of observed wild bird activity on poultry farms and a literature review to target species as high priority for avian influenza testing in 2 regions of Canada. *The Canadian Veterinary Journal*, 53(2), 158–166.

68. Нікітіна, А. О., & Музика, Д. В. (2022). Птахи ряду горобцеподібних (Passeriformes) як потенційний резервуар та переносники вірусу грипу А (огляд літератури). *Ветеринарна медицина*, 108, 22–29. <https://doi.org/10.36016/VM-2022-108-4>.

69. Nikitina A., Rula O., & Muzyka D. (2022). Epizootic situation on influenza A virus among wild forest birds of the order Passeriformes in Ukraine in 2020–2021. *2022 International Biothreat Reduction Symposium (Kyiv, Ukraine, 24–27 October 2022)*: abstract book (p. 133). <https://swmprogramua.com/wp-content/uploads/2022/11/2022-IBTRS-Abstract-Book.pdf>.

70. Caron, A., Grosbois, V., Etter, E., Gaidet, N., & de Garine-Wichatitsky, M. (2014). Bridge hosts for avian influenza viruses at the wildlife/domestic interface: an eco-epidemiological framework implemented in southern Africa. *Preventive Veterinary Medicine*, 117(3–4), 590–600. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2014.09.014>.

71. Valdez-Gómez, H. E., Navarro-López, R., Vázquez-Mendoza, L. F., Zalapa-Hernández, M., Guerrero-Hernández, I., & Fonseca-Delgado, V. (2017). Risk factors for the transmission of infectious diseases agents at the wild birds — commercial birds interface. A pilot study in the region of the altos de Jalisco, Mexico. *Bulletin de l'Académie Vétérinaire de France*, (1), 142. <http://dx.doi.org/10.4267/2042/62332>.

72. Shriner, S. A., Root, J. J., Lutman, M. W., Kloft, J. M., VanDalen, K. K., Sullivan, H. J., White, T. S., Milleson, M. P., Hairston, J. L., Chandler, S. C., Wolf, P. C., Turnage, C. T., McCluskey, B. J., Vincent, A. L., Torchetti, M. K., Gidlewski, T., & DeLiberto, T. J. (2016). Surveillance for highly pathogenic H5 avian influenza virus in synanthropic wildlife associated with poultry farms during an acute outbreak. *Scientific Reports*, 6, 36237. <https://doi.org/10.1038/srep36237>.

73. Caron, A., Chiweshe, N., Mundava, J., Abolnik, C., Capobianco Dondona, A., Scacchia, M., & Gaidet, N. (2017). Avian viral pathogens in swallows, Zimbabwe: Infectious diseases in Hirundinidae: A risk to swallow?. *EcoHealth*, 14(4), 805–809. <https://doi.org/10.1007/s10393-017-1282-5>.

74. Gronesova, P., Kabat, P., Trnka, A., & Betakova, T. (2008). Using nested RT-PCR analyses to determine the prevalence of avian influenza viruses in passerines in western Slovakia, during summer 2007. *Scandinavian Journal of Infectious Diseases*, 40(11–12), 954–957. <https://doi.org/10.1080/00365540802400576>.

75. Zhong, G., Fan, S., Lopes, T. J. S., Le, M. Q., van Bakel, H., Dutta, J., Smith, G. J. D., Jayakumar, J., Nguyen, H. L. K., Hoang, P. V. M., Halfmann, P., Hatta, M., Su, Y. C. F., Neumann, G., & Kawaoka, Y. (2019). Isolation of highly pathogenic H5N1 influenza viruses in 2009–2013 in Vietnam. *Frontiers in Microbiology*, 10, 1411. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01411>.

76. Römer, A., & Fiedler, W. (2011). Contacts between wild birds and domestic poultry — a serious factor in transmission of avian influenza? *Vogelwarte*, 49, 149–161. https://www.researchgate.net/publication/290312989_

Contacts_between_wild_birds_and_domestic_poultry_-_A_serious_factor_in_transmission_of_avian_influenza.

77. Schnebel, B., Dierschke, V., Rautenschlein, S., Ryll, M., & Neumann, U. (2007). Investigations on infection status with H5 and H7 avian influenza virus in short-distance and long-distance migrant birds in 2001. *Avian Diseases*, 51(1 Suppl), 432–433. <https://doi.org/10.1637/7546-033106R.1>.

78. Yuan, J., Xu, L., Bao, L., Yao, Y., Deng, W., Li, F., Lv, Q., Gu, S., Wei, Q., & Qin, C. (2015). Characterization of an H9N2 avian influenza virus from a *Fringilla montifringilla* brambling in northern China. *Virology*, 476, 289–297. <https://doi.org/10.1016/j.virol.2014.12.021>.

79. **Нікітіна, А. О.,** & Дементєєва, Я. Ю. (2023). Птахи ряду Горобцеподібних (Passeriformes) полігонів твердих побудових відходів як потенційне джерело небезпечних вірусів. *Молоді вчені: гіпотези, проекти, дослідження: збірник матеріалів всеукраїнської науково-практичної конференції, присвяченої 100-річчю факультету природничих наук, м. Миргород, Україна, 23 грудня 2022 р.* (с. 8–11). <https://dspace.hnpu.edu.ua/handle/123456789/13111>.

80. Boender, G. J., Hagenaars, T. J., Bouma, A., Nodelijk, G., Elbers, A. R., de Jong, M. C., & van Boven, M. (2007). Risk maps for the spread of highly pathogenic avian influenza in poultry. *PLoS Computational Biology*, 3(4), e71. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.0030071>.

81. Biswas, P. K., Rahman, M. H., Das, A., Ahmed, S. S., Giasuddin, M., & Christensen, J. P. (2011). Risk for highly pathogenic avian influenza H5N1 virus infection in chickens in small-scale commercial farms, in a high-risk area, Bangladesh, 2008. *Transboundary and Emerging Diseases*, 58(6), 519–525. <https://doi.org/10.1111/j.1865-1682.2011.01235.x>.

82. Ferrazzi, V., Moreno Martin, A., Lelli, D., Gallazzi, D., & Grilli, G. (2007). Microbiological and serological monitoring in hooded crow (*Corvus corone cornix*) in the Region Lombardia, Italy. *Italian Journal of Animal Science*, 6(3), 309–312. <https://doi.org/10.4081/ijas.2007.309>.

83. Soda, K., Tomioka, Y., Usui, T., Ozaki, H., Yamaguchi, T., & Ito, T. (2020). Pathogenicity of H5 highly pathogenic avian influenza virus in rooks (*Corvus frugilegus*). *Avian Pathology*, 49(3), 261–267. <https://doi.org/10.1080/03079457.2020.1724876>.
84. Nestorowicz, A., Kawaoka, Y., Bean, W. J., & Webster, R. G. (1987). Molecular analysis of the hemagglutinin genes of Australian H7N7 influenza viruses: role of passerine birds in maintenance or transmission?. *Virology*, 160(2), 411–418. [https://doi.org/10.1016/0042-6822\(87\)90012-2](https://doi.org/10.1016/0042-6822(87)90012-2).
85. Boon, A. C., Sandbulte, M. R., Seiler, P., Webby, R. J., Songserm, T., Guan, Y., & Webster, R. G. (2007). Role of terrestrial wild birds in ecology of influenza A virus (H5N1). *Emerging Infectious Diseases*, 13(11), 1720–1724. <https://doi.org/10.3201/eid1311.070114>.
86. Jones, J. C., Sonnberg, S., Koçer, Z. A., Shanmuganatham, K., Seiler, P., Shu, Y., Zhu, H., Guan, Y., Peiris, M., Webby, R. J., & Webster, R. G. (2014). Possible role of songbirds and parakeets in transmission of influenza A(H7N9) virus to humans. *Emerging Infectious Diseases*, 20(3), 380–385. <https://doi.org/10.3201/eid2003.131271>.
87. Fuller, T. L., Saatchi, S. S., Curd, E. E., Toffelmier, E., Thomassen, H. A., Buermann, W., DeSante, D. F., Nott, M. P., Saracco, J. F., Ralph, C., Alexander, J. D., Pollinger, J. P., & Smith, T. B. (2010). Mapping the risk of avian influenza in wild birds in the US. *BMC Infectious Diseases*, 10, 187. <https://doi.org/10.1186/1471-2334-10-187>.
88. Elbers, A. R. W., & Gonzales, J. L. (2020). Quantification of visits of wild fauna to a commercial free-range layer farm in the Netherlands located in an avian influenza hot-spot area assessed by video-camera monitoring. *Transboundary and Emerging Diseases*, 67(2), 661–677. <https://doi.org/10.1111/tbed.13382>.
89. Root, J. J., Bosco-Lauth, A. M., Marlenee, N. L., & Bowen, R. A. (2018). Viral shedding of clade 2.3.4.4 H5 highly pathogenic avian influenza A

viruses by American robins. *Transboundary and Emerging Diseases*, 65(6), 1823–1827. <https://doi.org/10.1111/tbed.12959>.

90. Fujimoto, Y., Ito, H., Shinya, K., Yamaguchi, T., Usui, T., Murase, T., Ozaki, H., Ono, E., Takakuwa, H., Otsuki, K., & Ito, T. (2010). Susceptibility of two species of wild terrestrial birds to infection with a highly pathogenic avian influenza virus of H5N1 subtype. *Avian Pathology*, 39(2), 95–98. <https://doi.org/10.1080/03079451003599268>.

91. Brown, J. D., Stallknecht, D. E., Berghaus, R. D., & Swayne, D. E. (2009). Infectious and lethal doses of H5N1 highly pathogenic avian influenza virus for house sparrows (*Passer domesticus*) and rock pigeons (*Columbia livia*). *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, 21(4), 437–445. <https://doi.org/10.1177/104063870902100404>.

92. Han, Y., Hou, G., Jiang, W., Han, C., Liu, S., Chen, J., Li, J., Zhang, P., Huang, B., Liu, Y., & Chen, J. (2012). A survey of avian influenza in tree sparrows in China in 2011. *PloS One*, 7(4), e33092. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0033092>.

93. Liu, Q., Ma, J., Kou, Z., Pu, J., Lei, F., Li, T., & Liu, J. (2010). Characterization of a highly pathogenic avian influenza H5N1 clade 2.3.4 virus isolated from a tree sparrow. *Virus Research*, 147(1), 25–29. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2009.09.014>.

94. Gutiérrez, R. A., Sorn, S., Nicholls, J. M., & Buchy, P. (2011). Eurasian Tree Sparrows, risk for H5N1 virus spread and human contamination through Buddhist ritual: an experimental approach. *PloS One*, 6(12), e28609. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0028609>.

95. Nemeth, N. M., Thomas, N. O., Orahod, D. S., Anderson, T. D., & Oesterle, P. T. (2010). Shedding and serologic responses following primary and secondary inoculation of house sparrows (*Passer domesticus*) and European starlings (*Sturnus vulgaris*) with low-pathogenicity avian influenza virus. *Avian Pathology*, 39(5), 411–418. <https://doi.org/10.1080/03079457.2010.513043>.

96. Forrest, H. L., Kim, J. K., & Webster, R. G. (2010). Virus shedding and potential for interspecies waterborne transmission of highly pathogenic H5N1 influenza virus in sparrows and chickens. *Journal of Virology*, 84(7), 3718–3720. <https://doi.org/10.1128/JVI.02017-09>.
97. Yamamoto, Y., Nakamura, K., Yamada, M., & Mase, M. (2013). Pathogenesis in Eurasian tree sparrows inoculated with H5N1 highly pathogenic avian influenza virus and experimental virus transmission from tree sparrows to chickens. *Avian Diseases*, 57(2), 205–213. <https://doi.org/10.1637/10415-101012-Reg.1>.
98. Puryear, W., Sawatzki, K., Hill, N., Foss, A., Stone, J. J., Doughty, L., Walk, D., Gilbert, K., Murray, M., Cox, E., Patel, P., Mertz, Z., Ellis, S., Taylor, J., Fauquier, D., Smith, A., DiGiovanni, R. A., Jr, van de Guchte, A., Gonzalez-Reiche, A. S., Khalil, Z., ... Runstadler, J. (2023). Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus outbreak in New England seals, United States. *Emerging Infectious Diseases*, 29(4), 786–791. <https://doi.org/10.3201/eid2904.221538>.
99. Thorsson, E., Zohari, S., Roos, A., Banihashem, F., Bröjer, C., & Neimanis, A. (2023). Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus in a Harbor Porpoise, Sweden. *Emerging Infectious Diseases*, 29(4), 852–855. <https://doi.org/10.3201/eid2904.221426>.
100. Abdelwhab, E. M., & Mettenleiter, T. C. (2023). Zoonotic animal influenza virus and potential mixing vessel hosts. *Viruses*, 15(4), 980. <https://doi.org/10.3390/v15040980>.
101. Wasik, B. R., Voorhees, I. E. H., & Parrish, C. R. (2021). Canine and feline influenza. *Cold Spring Harbor Perspectives in Medicine*, 11(1), a038562. <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a038562>.
102. Blachere, F. M., Lindsley, W. G., Weber, A. M., Beezhold, D. H., Thewlis, R. E., Mead, K. R., & Noti, J. D. (2018). Detection of an avian lineage influenza A(H7N2) virus in air and surface samples at a New York City feline

quarantine facility. *Influenza and Other Respiratory Viruses*, 12(5), 613–622. <https://doi.org/10.1111/irv.12572>.

103. Hatta, M., Zhong, G., Gao, Y., Nakajima, N., Fan, S., Chiba, S., Deering, K. M., Ito, M., Imai, M., Kiso, M., Nakatsu, S., Lopes, T. J., Thompson, A. J., McBride, R., Suarez, D. L., Macken, C. A., Sugita, S., Neumann, G., Hasegawa, H., Paulson, J. C., ... Kawaoka, Y. (2018). Characterization of a feline influenza A(H7N2) virus. *Emerging Infectious Diseases*, 24(1), 75–86. <https://doi.org/10.3201/eid2401.171240>.

104. Swayne, D. E., Boulianne, M., Logue, C. M., McDougald, L. R., Nair, V., Suarez, D. L., Wit, S., Grimes, T., Johnson, D., Kromm, M., Prajitno, T. Y., Rubinoff, I., & Zavala, G. (Eds.). (2020). *Diseases of Poultry*. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1002/9781119371199>.

105. Avian Influenza. WOA — World Organisation for Animal Health. <https://www.woah.org/en/disease/avian-influenza/>.

106. Корнієнко, Л. Є., Наливайко, Л. І., Дудников, Л. А., Ушкалов, В. О., Ярчук, Б. М., Корнієнко, Л. М. (2012). *Інфекційні хвороби птахів*. Херсон : Грін Д. С.

107. Про затвердження Інструкції з профілактики та ліквідації грипу птахів, Наказ Міністерства аграрної політики та продовольства України № 547 (2011) (Україна). <https://zakon.rada.gov.ua/laws/show/z1277-11#Text>.

108. Герман, В. В., Стегній, Б. Т., & Вербицький, П. І. (2002). *Хвороби птахів*. Харків: NTMT.

109. Swayne, D. E., Glisson, J. R., McDougald, L. R., Nolan, L. K., Suarez, D. L., & Nair, V. L. (Eds.). (2013). *Diseases of Poultry*. Ames, IA, USA: John Wiley & Sons. <https://doi.org/10.1002/9781119421481>.

110. Druce, J., Garcia, K., Tran, T., Papadakis, G., & Birch, C. (2012). Evaluation of swabs, transport media, and specimen transport conditions for optimal detection of viruses by PCR. *Journal of Clinical Microbiology*, 50(3), 1064–1065. <https://doi.org/10.1128/JCM.06551-11>.

111. Стегній, Б. Т., & Герілович, А. П. (Ред.). (2014). *Молекулярно-генетичні методи діагностики у ветеринарній медицині та біотехнології*. Київ: СТ-Друк.

112. Spackman E. (2020). Avian influenza virus detection and quantitation by real-time RT-PCR. *Methods in Molecular Biology*, 2123, 137–148. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-0346-8_11.

113. Kim, G. S., Kim, T. S., Son, J. S., Lai, V. D., Park, J. E., Wang, S. J., Jheong, W. H., & Mo, I. P. (2019). The difference of detection rate of avian influenza virus in the wild bird surveillance using various methods. *Journal of Veterinary Science*, 20(5), e56. <https://doi.org/10.4142/jvs.2019.20.e56>.

114. Pareek, C. S., Smoczynski, R., & Tretyn, A. (2011). Sequencing technologies and genome sequencing. *Journal of Applied Genetics*, 52(4), 413–435. <https://doi.org/10.1007/s13353-011-0057-x>.

115. Rovid, A. (2023). West Nile virus infection. *CFSPH*, 1–15. https://www.cfsph.iastate.edu/Factsheets/pdfs/west_nile_fever.pdf.

116. Roth, H., Kreß, J., Chudy, M., Blümel, J., Schmidt-Chanasit, J., Cadar, D., Niedrig, M., Ferenczi, E., Herrmann, M., Baylis, S. A., & Miskey, C. (2021). Genome sequences of West Nile virus reference materials. *Microbiology Resource Announcements*, 10(43), e0074021. <https://doi.org/10.1128/MRA.00740-21>.

117. Young, J. J., Coulombier, D., Domanović, D., European Union West Nile fever working group, Zeller, H., & Gossner, C. M. (2019). One Health approach for West Nile virus surveillance in the European Union: relevance of equine data for blood safety. *Euro Surveillance*, 24(16), 1800349. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.16.1800349>.

118. World Health Organization. (2007). *International Health Regulations (2005): Areas of work for implementation*. https://web.archive.org/web/20150714102720/http://apps.who.int/iris/bitstream/10665/69770/1/WHO_CDS_EPR_IHR_2007.1_eng.pdf.

119. Smithburn, K. C., Hughes, T. P., Burke, A. W., & Paul, J. H. (1940). A neurotropic virus isolated from the blood of a native of Uganda 1. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 1-20(4), 471–492. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1940.s1-20.471>.
120. Chancey, C., Grinev, A., Volkova, E., & Rios, M. (2015). The global ecology and epidemiology of West Nile virus. *BioMed Research International*, 2015, 376230. <https://doi.org/10.1155/2015/376230>.
121. Tantely, M. L., Goodman, S. M., Rakotondranaivo, T., & Boyer, S. (2016). Review of West Nile virus circulation and outbreak risk in Madagascar: Entomological and ornithological perspectives. *Revue sur la circulation du virus du Nil occidental et le risque d'épidémie à Madagascar : perspectives entomologiques et ornithologiques*. *Parasite*, 23, 49. <https://doi.org/10.1051/parasite/2016058>.
122. Bakonyi, T., Ivanics, E., Erdélyi, K., Ursu, K., Ferenczi, E., Weissenböck, H., & Nowotny, N. (2006). Lineage 1 and 2 strains of encephalitic West Nile virus, central Europe. *Emerging Infectious Diseases*, 12(4), 618–623. <https://doi.org/10.3201/eid1204.051379>.
123. Roehrig, J. T. (2013). West nile virus in the United States - a historical perspective. *Viruses*, 5(12), 3088–3108. <https://doi.org/10.3390/v5123088>.
124. Hubálek, Z., & Halouzka, J. (1999). West Nile fever — a reemerging mosquito-borne viral disease in Europe. *Emerging Infectious Diseases*, 5(5), 643–650. <https://doi.org/10.3201/eid0505.990505>.
125. Magallanes, S., Llorente, F., Ruiz-López, M. J., Puente, J. M., Ferraguti, M., Gutiérrez-López, R., Soriguer, R., Aguilera-Sepúlveda, P., Fernández-Delgado, R., Jiménez-Clavero, M. Á., & Figuerola, J. (2024). Warm winters are associated to more intense West Nile virus circulation in southern Spain. *Emerging Microbes & Infections*, 13(1), 2348510. <https://doi.org/10.1080/22221751.2024.2348510>.

126. Rajaiah, P., Mayilsamy, M., & Kumar, A. (2023). West Nile virus in India: An update on its genetic lineages. *Journal of Vector Borne Diseases*, 60(3), 225–237. <https://doi.org/10.4103/0972-9062.374039>.
127. Bakonyi, T., Ferenczi, E., Erdélyi, K., Kutasi, O., Csörgő, T., Seidel, B., Weissenböck, H., Brugger, K., Bán, E., & Nowotny, N. (2013). Explosive spread of a neuroinvasive lineage 2 West Nile virus in Central Europe, 2008/2009. *Veterinary microbiology*, 165(1–2), 61–70. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2013.03.005>.
128. Wodak, E., Richter, S., Bagó, Z., Revilla-Fernández, S., Weissenböck, H., Nowotny, N., & Winter, P. (2011). Detection and molecular analysis of West Nile virus infections in birds of prey in the eastern part of Austria in 2008 and 2009. *Veterinary Microbiology*, 149(3–4), 358–366. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2010.12.012>.
129. Papa, A., Bakonyi, T., Xanthopoulou, K., Vázquez, A., Tenorio, A., & Nowotny, N. (2011). Genetic characterization of West Nile virus lineage 2, Greece, 2010. *Emerging Infectious Diseases*, 17(5), 920–922. <https://doi.org/10.3201/eid1705.101759>.
130. Popović, N., Milošević, B., Urošević, A., Poluga, J., Lavadinović, L., Nedeljković, J., Jevtović, D., & Dulović, O. (2013). Outbreak of West Nile virus infection among humans in Serbia, August to October 2012. *Euro Surveillance*, 18(43), 20613. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.es2013.18.43.20613>.
131. Barzon, L., Papa, A., Lavezzo, E., Franchin, E., Pacenti, M., Sinigaglia, A., Masi, G., Trevisan, M., Squarzon, L., Toppo, S., Papadopoulou, E., Nowotny, N., Ulbert, S., Piralla, A., Rovida, F., Baldanti, F., Percivalle, E., & Palù, G. (2015). Phylogenetic characterization of Central/Southern European lineage 2 West Nile virus: analysis of human outbreaks in Italy and Greece, 2013–2014. *Clinical Microbiology and Infection*, 21(12), 1122. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2015.07.018>.

132. Гарячка Західного Нілу. (б. д.). <https://phc.org.ua/kontrol-zakhvoryuvan/inshi-infekciyni-zakhvoryuvannya/osoblivo-nebezpechni-infekcii/virusni-gemoragichni-garyachki/garyachka-zakhidnogo-nilu>.
133. de Freitas Costa, E., Streng, K., Avelino de Souza Santos, M., & Counotte, M. J. (2024). The effect of temperature on the boundary conditions of West Nile virus circulation in Europe. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 18(5), e0012162. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0012162>.
134. *Factsheet about West Nile virus infection*. (2010). <https://www.ecdc.europa.eu/en/west-nile-fever/facts>.
135. D'Amore, C., Grimaldi, P., Ascione, T., Conti, V., Sellitto, C., Franci, G., Kafil, S. H., & Pagliano, P. (2023). West Nile Virus diffusion in temperate regions and climate change. A systematic review. *Le Infezioni in Medicina*, 31(1), 20–30. <https://doi.org/10.53854/liim-3101-4>.
136. *Current ICTV Taxonomy Release*. (n. d.). [https://ictv.global/taxonomy/taxondetails?taxnode_id=202103119&taxon_name=West %20Nile %20virus](https://ictv.global/taxonomy/taxondetails?taxnode_id=202103119&taxon_name=West%20Nile%20virus).
137. Castle, E., Nowak, T., Leidner, U., Wengler, G., & Wengler, G. (1985). Sequence analysis of the viral core protein and the membrane-associated proteins V1 and NV2 of the flavivirus West Nile virus and of the genome sequence for these proteins. *Virology*, 145(2), 227–236. [https://doi.org/10.1016/0042-6822\(85\)90156-4](https://doi.org/10.1016/0042-6822(85)90156-4).
138. Castle, E., Leidner, U., Nowak, T., Wengler, G., & Wengler, G. (1986). Primary structure of the West Nile flavivirus genome region coding for all nonstructural proteins. *Virology*, 149(1), 10–26. [https://doi.org/10.1016/0042-6822\(86\)90082-6](https://doi.org/10.1016/0042-6822(86)90082-6).
139. Coia, G., Parker, M. D., Speight, G., Byrne, M. E., & Westaway, E. G. (1988). Nucleotide and complete amino acid sequences of Kunjin virus: definitive gene order and characteristics of the virus-specified proteins. *The Journal of General Virology*, 69(1), 1–21. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-69-1-1>.
140. Speight, G., Coia, G., Parker, M. D., & Westaway, E. G. (1988). Gene mapping and positive identification of the non-structural proteins NS2A, NS2B,

NS3, NS4B and NS5 of the flavivirus Kunjin and their cleavage sites. *The Journal of General Virology*, 69 (1), 23–34. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-69-1-23>.

141. Wengler, G., Castle, E., Leidner, U., Nowak, T., & Wengler, G. (1985). Sequence analysis of the membrane protein V3 of the flavivirus West Nile virus and of its gene. *Virology*, 147(2), 264–274. [https://doi.org/10.1016/0042-6822\(85\)90129-1](https://doi.org/10.1016/0042-6822(85)90129-1).

142. Brinton, M. A., Fernandez, A. V., & Dispoto, J. H. (1986). The 3'-nucleotides of flavivirus genomic RNA form a conserved secondary structure. *Virology*, 153(1), 113–121. [https://doi.org/10.1016/0042-6822\(86\)90012-7](https://doi.org/10.1016/0042-6822(86)90012-7).

143. Wengler, G., & Castle, E. (1986). Analysis of structural properties which possibly are characteristic for the 3'-terminal sequence of the genome RNA of flaviviruses. *The Journal of General Virology*, 67(6), 1183–1188. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-67-6-1183>.

144. Nowak, T., Färber, P. M., Wengler, G., & Wengler, G. (1989). Analyses of the terminal sequences of West Nile virus structural proteins and of the in vitro translation of these proteins allow the proposal of a complete scheme of the proteolytic cleavages involved in their synthesis. *Virology*, 169(2), 365–376. [https://doi.org/10.1016/0042-6822\(89\)90162-1](https://doi.org/10.1016/0042-6822(89)90162-1).

145. Heinz, F. X., & Stiasny, K. (2012). Flaviviruses and their antigenic structure. *Journal of Clinical Virology*, 55(4), 289–295. <https://doi.org/10.1016/j.jcv.2012.08.024>.

146. Khromykh, A. A., & Westaway, E. G. (1996). RNA binding properties of core protein of the flavivirus Kunjin. *Archives of Virology*, 141(3-4), 685–699. <https://doi.org/10.1007/BF01718326>.

147. Markoff, L., Falgout, B., & Chang, A. (1997). A conserved internal hydrophobic domain mediates the stable membrane integration of the dengue virus capsid protein. *Virology*, 233(1), 105–117. <https://doi.org/10.1006/viro.1997.8608>.

148. Zhang, Y., Corver, J., Chipman, P. R., Zhang, W., Pletnev, S. V., Sedlak, D., Baker, T. S., Strauss, J. H., Kuhn, R. J., & Rossmann, M. G. (2003).

Structures of immature flavivirus particles. *The EMBO Journal*, 22(11), 2604–2613. <https://doi.org/10.1093/emboj/cdg270>.

149. Guirakhoo, F., Heinz, F. X., Mandl, C. W., Holzmann, H., & Kunz, C. (1991). Fusion activity of flaviviruses: comparison of mature and immature (prM-containing) tick-borne encephalitis virions. *The Journal of General Virology*, 72(6), 1323–1329. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-72-6-1323>.

150. Heinz, F. X., Stiasny, K., Püschner-Auer, G., Holzmann, H., Allison, S. L., Mandl, C. W., & Kunz, C. (1994). Structural changes and functional control of the tick-borne encephalitis virus glycoprotein E by the heterodimeric association with protein prM. *Virology*, 198(1), 109–117. <https://doi.org/10.1006/viro.1994.1013>.

151. Stadler, K., Allison, S. L., Schlich, J., & Heinz, F. X. (1997). Proteolytic activation of tick-borne encephalitis virus by furin. *Journal of Virology*, 71(11), 8475–8481. <https://doi.org/10.1128/JVI.71.11.8475-8481.1997>.

152. Zhang, Y., Kaufmann, B., Chipman, P. R., Kuhn, R. J., & Rossmann, M. G. (2007). Structure of immature West Nile virus. *Journal of Virology*, 81(11), 6141–6145. <https://doi.org/10.1128/JVI.00037-07>.

153. Junjhon, J., Edwards, T. J., Utaipat, U., Bowman, V. D., Holdaway, H. A., Zhang, W., Keelapang, P., Puttikhunt, C., Perera, R., Chipman, P. R., Kasinrerak, W., Malasit, P., Kuhn, R. J., & Sittisombut, N. (2010). Influence of pr-M cleavage on the heterogeneity of extracellular dengue virus particles. *Journal of Virology*, 84(16), 8353–8358. <https://doi.org/10.1128/JVI.00696-10>.

154. Kaufmann, B., & Rossmann, M. G. (2011). Molecular mechanisms involved in the early steps of flavivirus cell entry. *Microbes and Infection*, 13(1), 1–9. <https://doi.org/10.1016/j.micinf.2010.09.005>.

155. Stiasny, K., & Heinz, F. X. (2006). Flavivirus membrane fusion. *Journal of General Virology*, 87(10), 2755–2766. <https://doi.org/10.1099/vir.0.82210-0>.

156. Smit, J. M., Moesker, B., Rodenhuis-Zybert, I., & Wilschut, J. (2011). Flavivirus cell entry and membrane fusion. *Viruses*, 3(2), 160–171. <https://doi.org/10.3390/v3020160>.
157. Mackenzie, J. M., Jones, M. K., & Young, P. R. (1996). Immunolocalization of the dengue virus nonstructural glycoprotein NS1 suggests a role in viral RNA replication. *Virology*, 220(1), 232–240. <https://doi.org/10.1006/viro.1996.0307>.
158. Lindenbach, B. D., & Rice, C. M. (1997). trans-Complementation of yellow fever virus NS1 reveals a role in early RNA replication. *Journal of Virology*, 71(12), 9608–9617. <https://doi.org/10.1128/JVI.71.12.9608-9617.1997>.
159. Khromykh, A. A., Sedlak, P. L., & Westaway, E. G. (1999). trans-Complementation analysis of the flavivirus Kunjin ns5 gene reveals an essential role for translation of its N-terminal half in RNA replication. *Journal of Virology*, 73(11), 9247–9255. <https://doi.org/10.1128/JVI.73.11.9247-9255.1999>.
160. Brinton M. A. (2002). The molecular biology of West Nile Virus: a new invader of the western hemisphere. *Annual Review of Microbiology*, 56, 371–402. <https://doi.org/10.1146/annurev.micro.56.012302.160654>.
161. Leung, J. Y., Pijlman, G. P., Kondratieva, N., Hyde, J., Mackenzie, J. M., & Khromykh, A. A. (2008). Role of nonstructural protein NS2A in flavivirus assembly. *Journal of Virology*, 82(10), 4731–4741. <https://doi.org/10.1128/JVI.00002-08>.
162. Liu, W. J., Chen, H. B., & Khromykh, A. A. (2003). Molecular and functional analyses of Kunjin virus infectious cDNA clones demonstrate the essential roles for NS2A in virus assembly and for a nonconservative residue in NS3 in RNA replication. *Journal of Virology*, 77(14), 7804–7813. <https://doi.org/10.1128/jvi.77.14.7804-7813.2003>.
163. Youn, S., Ambrose, R. L., Mackenzie, J. M., & Diamond, M. S. (2013). Non-structural protein-1 is required for West Nile virus replication complex formation and viral RNA synthesis. *Virology Journal*, 10, 339. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-10-339>.

164. Lanciotti, R. S., Ebel, G. D., Deubel, V., Kerst, A. J., Murri, S., Meyer, R., Bowen, M., McKinney, N., Morrill, W. E., Crabtree, M. B., Kramer, L. D., & Roehrig, J. T. (2002). Complete genome sequences and phylogenetic analysis of West Nile virus strains isolated from the United States, Europe, and the Middle East. *Virology*, 298(1), 96–105. <https://doi.org/10.1006/viro.2002.1449>.
165. Beasley, D. W., Davis, C. T., Whiteman, M., Granwehr, B., Kinney, R. M., & Barrett, A. D. (2004). Molecular determinants of virulence of West Nile virus in North America. *Archives of Virology. Supplementum*, (18), 35–41. https://doi.org/10.1007/978-3-7091-0572-6_4.
166. McLean, R. G., Ubico, S. R., Bourne, D., & Komar, N. (2002). West Nile virus in livestock and wildlife. *Current Topics in Microbiology and Immunology*, 267, 271–308. https://doi.org/10.1007/978-3-642-59403-8_14.
167. Burt, F. J., Grobbelaar, A. A., Leman, P. A., Anthony, F. S., Gibson, G. V., & Swanepoel, R. (2002). Phylogenetic relationships of southern African West Nile virus isolates. *Emerging Infectious Diseases*, 8(8), 820–826. <https://doi.org/10.3201/eid0808.020027>.
168. Erdélyi, K., Ursu, K., Ferenczi, E., Szeredi, L., Rátz, F., Skáre, J., & Bakonyi, T. (2007). Clinical and pathologic features of lineage 2 West Nile virus infections in birds of prey in Hungary. *Vector Borne and Zoonotic Diseases*, 7(2), 181–188. <https://doi.org/10.1089/vbz.2006.0586>.
169. Myint, K. S., Kosasih, H., Artika, I. M., Perkasa, A., Puspita, M., Ma'roef, C. N., Antonjaya, U., Ledermann, J. P., Powers, A. M., & Alisjahbana, B. (2014). West Nile virus documented in Indonesia from acute febrile illness specimens. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 90(2), 260–262. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.13-0445>.
170. Ciccozzi, M., Peletto, S., Cella, E., Giovanetti, M., Lai, A., Gabanelli, E., Acutis, P. L., Modesto, P., Rezza, G., Platonov, A. E., Lo Presti, A., & Zehender, G. (2013). Epidemiological history and phylogeography of West Nile

virus lineage 2. *Infection, Genetics and Evolution*, 17, 46–50. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2013.03.034>.

171. Bakonyi, T., Hubálek, Z., Rudolf, I., & Nowotny, N. (2005). Novel flavivirus or new lineage of West Nile virus, central Europe. *Emerging Infectious Diseases*, 11(2), 225–231. <https://doi.org/10.3201/eid1102.041028>.

172. Aliota, M. T., Jones, S. A., Dupuis, A. P., 2nd, Ciota, A. T., Hubalek, Z., & Kramer, L. D. (2012). Characterization of Rabensburg virus, a flavivirus closely related to West Nile virus of the Japanese encephalitis antigenic group. *PloS One*, 7(6), e39387. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0039387>.

173. Lvov, D. K., Butenko, A. M., Gromashevsky, V. L., Kovtunov, A. I., Prilipov, A. G., Kinney, R., Aristova, V. A., Dzharkenov, A. F., Samokhvalov, E. I., Savage, H. M., Shchelkanov, M. Y., Galkina, I. V., Deryabin, P. G., Gubler, D. J., Kulikova, L. N., Alkhovsky, S. K., Moskvina, T. M., Zlobina, L. V., Sadykova, G. K., Shatalov, A. G., ... Voronina, A. G. (2004). West Nile virus and other zoonotic viruses in Russia: examples of emerging-reemerging situations. *Archives of Virology. Supplementum*, (18), 85–96. https://doi.org/10.1007/978-3-7091-0572-6_7.

174. Platonov, A. E., Karan', L. S., Shopenskaia, T. A., Fedorova, M. V., Koliashnikova, N. M., Rusakova, N. M., Shishkina, L. V., Arshba, T. E., Zhuravlev, V. I., Govorukhina, M. V., Valentseva, A. A., & Shipulin, G. A. (2011). [Genotyping of West Nile fever virus strains circulating in southern Russia as an epidemiological investigation method: Principles and results]. *Zhurnal Mikrobiologii, Epidemiologii I Immunobiologii*, 2, 29–37.

175. Chowdhury, P., Khan, S. A., Dutta, P., Topno, R., & Mahanta, J. (2014). Characterization of West Nile virus (WNV) isolates from Assam, India: insights into the circulating WNV in northeastern India. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 37(1), 39–47. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2013.10.006>.

176. May, F. J., Davis, C. T., Tesh, R. B., & Barrett, A. D. (2011). Phylogeography of West Nile virus: from the cradle of evolution in Africa to

Eurasia, Australia, and the Americas. *Journal of Virology*, 85(6), 2964–2974. <https://doi.org/10.1128/JVI.01963-10>.

177. Diamond, M. S., Shrestha, B., Mehlhop, E., Sitati, E., & Engle, M. (2003). Innate and adaptive immune responses determine protection against disseminated infection by West Nile encephalitis virus. *Viral Immunology*, 16(3), 259–278. <https://doi.org/10.1089/088282403322396082>.

178. Ceccaldi, P. E., Lucas, M., & Despres, P. (2004). New insights on the neuropathology of West Nile virus. *FEMS Microbiology Letters*, 233(1), 1–6. <https://doi.org/10.1016/j.femsle.2004.01.035>.

179. Kleinschmidt-DeMasters, B. K., Marder, B. A., Levi, M. E., Laird, S. P., McNutt, J. T., Escott, E. J., Everson, G. T., & Tyler, K. L. (2004). Naturally acquired West Nile virus encephalomyelitis in transplant recipients: clinical, laboratory, diagnostic, and neuropathological features. *Archives of Neurology*, 61(8), 1210–1220. <https://doi.org/10.1001/archneur.61.8.1210>.

180. Guarner, J., Shieh, W. J., Hunter, S., Paddock, C. D., Morken, T., Campbell, G. L., Marfin, A. A., & Zaki, S. R. (2004). Clinicopathologic study and laboratory diagnosis of 23 cases with West Nile virus encephalomyelitis. *Human Pathology*, 35(8), 983–990. <https://doi.org/10.1016/j.humpath.2004.04.008>.

181. Гарячка Західного Нілу: що слід знати і як не захворіти. (б. д.). <https://vn.cdc.gov.ua/article/garyachka-zahidnogo-nilu-shho-slid-znati-i-yak-ne-zahvority/>.

182. Komar, N., Langevin, S., Hinten, S., Nemeth, N., Edwards, E., Hettler, D., Davis, B., Bowen, R., & Bunning, M. (2003). Experimental infection of North American birds with the New York 1999 strain of West Nile virus. *Emerging Infectious Diseases*, 9(3), 311–322. <https://doi.org/10.3201/eid0903.020628>.

183. Steele, K. E., Linn, M. J., Schoepp, R. J., Komar, N., Geisbert, T. W., Manduca, R. M., Calle, P. P., Raphael, B. L., Clippinger, T. L., Larsen, T., Smith, J., Lanciotti, R. S., Panella, N. A., & McNamara, T. S. (2000). Pathology of fatal West Nile virus infections in native and exotic birds during the 1999

outbreak in New York City, New York. *Veterinary Pathology*, 37(3), 208–224. <https://doi.org/10.1354/vp.37-3-208>.

184. Samuel, M. A., & Diamond, M. S. (2006). Pathogenesis of West Nile Virus infection: a balance between virulence, innate and adaptive immunity, and viral evasion. *Journal of Virology*, 80(19), 9349–9360. <https://doi.org/10.1128/JVI.01122-06>.

185. Suthar, M. S., Diamond, M. S., & Gale Jr, M. (2013). West Nile virus infection and immunity. *Nature Reviews Microbiology*, 11(2), 115–128. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2950>.

186. Chambers, T. J., & Diamond, M. S. (2003). Pathogenesis of flavivirus encephalitis. *Advances in Virus Research*, 60, 273–342. [https://doi.org/10.1016/S0065-3527\(03\)60008-4](https://doi.org/10.1016/S0065-3527(03)60008-4).

187. Kinney, R. M., Huang, C. Y., Whiteman, M. C., Bowen, R. A., Langevin, S. A., Miller, B. R., & Brault, A. C. (2006). Avian virulence and thermostable replication of the North American strain of West Nile virus. *The Journal of General Virology*, 87(Pt 12), 3611–3622. <https://doi.org/10.1099/vir.0.82299-0>.

188. Weingartl, H. M., Neufeld, J. L., Copps, J., & Marszal, P. (2004). Experimental West Nile virus infection in blue jays (*Cyanocitta cristata*) and crows (*Corvus brachyrhynchos*). *Veterinary Pathology*, 41(4), 362–370. <https://doi.org/10.1354/vp.41-4-362>.

189. Nemeth, N., Gould, D., Bowen, R., & Komar, N. (2006). Natural and experimental West Nile virus infection in five raptor species. *Journal of Wildlife Diseases*, 42(1), 1–13. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-42.1.1>.

190. Nemeth, N. M., Hahn, D. C., Gould, D. H., & Bowen, R. A. (2006). Experimental West Nile virus infection in Eastern Screech Owls (*Megascops asio*). *Avian Diseases*, 50(2), 252–258. <https://doi.org/10.1637/7466-110105R1.1>.

191. Busquets, N., Bertran, K., Costa, T. P., Rivas, R., de la Fuente, J. G., Villalba, R., Solanes, D., Bensaid, A., Majó, N., & Pagès, N. (2012). Experimental

West Nile virus infection in Gyr-Saker hybrid falcons. *Vector Borne and Zoonotic Diseases*, 12(6), 482–489. <https://doi.org/10.1089/vbz.2011.0782>.

192. Jiménez-Clavero, M. Á. (2012). Animal viral diseases and global change: bluetongue and West Nile fever as paradigms. *Frontiers in Genetics*, 3, 105. <https://doi.org/10.3389/fgene.2012.00105>.

193. Fitzgerald, S. D., Patterson, J. S., Kiupel, M., Simmons, H. A., Grimes, S. D., Sarver, C. F., Fulton, R. M., Steficek, B. A., Cooley, T. M., Massey, J. P., & Sikarskie, J. G. (2003). Clinical and pathologic features of West Nile virus infection in native North American owls (Family Strigidae). *Avian Diseases*, 47(3), 602–610. <https://doi.org/10.1637/6088>.

194. D'Agostino, J. J., & Isaza, R. (2004). Clinical signs and results of specific diagnostic testing among captive birds housed at zoological institutions and infected with West Nile virus. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 224(10), 1640–1606. <https://doi.org/10.2460/javma.2004.224.1640>.

195. Palmieri, C., Franca, M., Uzal, F., Anderson, M., Barr, B., Woods, L., Moore, J., Woolcock, P., & Shivaprasad, H. L. (2011). Pathology and immunohistochemical findings of west nile virus infection in Psittaciformes. *Veterinary Pathology*, 48(5), 975–984. <https://doi.org/10.1177/0300985810391112>.

196. Saito, E. K., Sileo, L., Green, D. E., Meteyer, C. U., McLaughlin, G. S., Converse, K. A., & Docherty, D. E. (2007). Raptor mortality due to West Nile virus in the United States, 2002. *Journal of Wildlife Diseases*, 43(2), 206–213. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-43.2.206>.

197. Wünschmann, A., Shivers, J., Bender, J., Carroll, L., Fuller, S., Saggese, M., van Wettere, A., & Redig, P. (2004). Pathologic findings in red-tailed hawks (*Buteo jamaicensis*) and Cooper's hawks (*Accipiter cooper*) naturally infected with West Nile virus. *Avian Diseases*, 48(3), 570–580. <https://doi.org/10.1637/7170-022004R>.

198. Wünschmann, A., Shivers, J., Bender, J., Carroll, L., Fuller, S., Saggese, M., van Wettere, A., & Redig, P. (2005). Pathologic and

immunohistochemical findings in goshawks (*Accipiter gentilis*) and great horned owls (*Bubo virginianus*) naturally infected with West Nile virus. *Avian Diseases*, 49(2), 252–259. <https://doi.org/10.1637/7297-103104R>.

199. Nemeth, N. M., Kratz, G. E., Bates, R., Scherpelz, J. A., Bowen, R. A., & Komar, N. (2009). Clinical evaluation and outcomes of naturally acquired West Nile virus infection in raptors. *Journal of Zoo and Wildlife Medicine*, 40(1), 51–63. <https://doi.org/10.1638/2007-0109.1>.

200. Jiménez de Oya, N., Escribano-Romero, E., Blázquez, A. B., Martín-Acebes, M. A., & Saiz, J. C. (2019). Current progress of avian vaccines against West Nile virus. *Vaccines*, 7(4), 126. <https://doi.org/10.3390/vaccines7040126>.

201. Malkinson, M., & Banet, C. (2002). The role of birds in the ecology of West Nile virus in Europe and Africa. *Current Topics in Microbiology and Immunology*, 267, 309–322. https://doi.org/10.1007/978-3-642-59403-8_15.

202. CDC. (2024). About West Nile. *West Nile Virus*. <https://www.cdc.gov/west-nile-virus/about/index.html>.

203. Kilpatrick, A. M., Kramer, L. D., Campbell, S. R., Alleyne, E. O., Dobson, A. P., & Daszak, P. (2005). West Nile virus risk assessment and the bridge vector paradigm. *Emerging Infectious Diseases*, 11(3), 425–429. <https://doi.org/10.3201/eid1103.040364>.

204. Hayes, E. B., & Gubler, D. J. (2006). West Nile virus: epidemiology and clinical features of an emerging epidemic in the United States. *Annual Review of Medicine*, 57, 181–194. <https://doi.org/10.1146/annurev.med.57.121304.131418>.

205. Van der Meulen, K. M., Pensaert, M. B., & Nauwynck, H. J. (2005). West Nile virus in the vertebrate world. *Archives of Virology*, 150(4), 637–657. <https://doi.org/10.1007/s00705-004-0463-z>.

206. Vidaña, B., Busquets, N., Napp, S., Pérez-Ramírez, E., Jiménez-Clavero, M. Á., & Johnson, N. (2020). The Role of birds of prey in West Nile virus epidemiology. *Vaccines*, 8(3), 550. <https://doi.org/10.3390/vaccines8030550>.

207. Pealer, L. N., Marfin, A. A., Petersen, L. R., Lanciotti, R. S., Page, P. L., Stramer, S. L., Stobierski, M. G., Signs, K., Newman, B., Kapoor, H.,

Goodman, J. L., Chamberland, M. E., & West Nile Virus Transmission Investigation Team (2003). Transmission of West Nile virus through blood transfusion in the United States in 2002. *The New England Journal of Medicine*, 349(13), 1236–1245. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa030969>.

208. Iwamoto, M., Jernigan, D. B., Guasch, A., Trepka, M. J., Blackmore, C. G., Hellinger, W. C., Pham, S. M., Zaki, S., Lanciotti, R. S., Lance-Parker, S. E., DiazGranados, C. A., Winkvist, A. G., Perlino, C. A., Wiersma, S., Hillyer, K. L., Goodman, J. L., Marfin, A. A., Chamberland, M. E., Petersen, L. R., & West Nile Virus in Transplant Recipients Investigation Team (2003). Transmission of West Nile virus from an organ donor to four transplant recipients. *The New England Journal of Medicine*, 348(22), 2196–2203. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa022987>.

209. Centers for Disease Control and Prevention (CDC) (2002). Intrauterine West Nile virus infection--New York, 2002. *MMWR. Morbidity and Mortality Weekly Report*, 51(50), 1135–1136.

210. Hinckley, A. F., O'Leary, D. R., & Hayes, E. B. (2007). Transmission of West Nile virus through human breast milk seems to be rare. *Pediatrics*, 119(3), e666–e671. <https://doi.org/10.1542/peds.2006-2107>.

211. Centers for Disease Control and Prevention (CDC) (2002). Possible West Nile virus transmission to an infant through breast-feeding--Michigan, 2002. *MMWR. Morbidity and Mortality Weekly Report*, 51(39), 877–878.

212. Gubler, D. J., Campbell, G. L., Nasci, R., Komar, N., Petersen, L., & Roehrig, J. T. (2000). West Nile virus in the United States: guidelines for detection, prevention, and control. *Viral Immunology*, 13(4), 469–475. <https://doi.org/10.1089/vim.2000.13.469>.

213. Tsoi, M. F., & Fulton, R. M. (2023). West Nile virus-induced drop in egg production in commercial Pekin duck breeders. *Avian Diseases*, 67(1), 114–118. <https://doi.org/10.1637/aviandiseases-D-22-00044>.

214. Zakhia, R., Dupuis, A. P., 2nd, Khodr, F., Fadel, M., Kramer, L. D., & Haddad, N. (2021). Evidence of West Nile virus circulation in Lebanon. *Viruses*, 13(6), 994. <https://doi.org/10.3390/v13060994>.
215. Musa-Gobe, R., Omeiza, G., Nafarnda, W., & Adamu, A. (2022). Evidence of West Nile virus in chickens and horses in Nigeria: results from a serosurvey. *Veterinaria Italiana*, 58(3), 331–337. <https://doi.org/10.12834/VetIt.2596.16323.2>.
216. Guerrero-Sánchez, S., Cuevas-Romero, S., Nemeth, N. M., Trujillo-Olivera, M. T., Worwa, G., Dupuis, A., Brault, A. C., Kramer, L. D., Komar, N., & Estrada-Franco, J. G. (2011). West Nile virus infection of birds, Mexico. *Emerging Infectious Diseases*, 17(12), 2245–2252. <https://doi.org/10.3201/eid1712.110294>.
217. Shapiro, H., & Micucci, S. (2003). Pesticide use for West Nile virus. *Canadian Medical Association Journal*, 168(11), 1427–1430.
218. Kilpatrick, A. M., Daszak, P., Jones, M. J., Marra, P. P., & Kramer, L. D. (2006). Host heterogeneity dominates West Nile virus transmission. *Proceedings. Biological Sciences*, 273(1599), 2327–2333. <https://doi.org/10.1098/rspb.2006.3575>.
219. Pallari, C. T., Efstathiou, A., Moysi, M., Papanikolas, N., Christodoulou, V., Mazeris, A., Koliou, M., & Kirschel, A. N. G. (2021). Evidence of West Nile virus seropositivity in wild birds on the island of Cyprus. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 74, 101592. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2020.101592>.
220. Nir, Y., Goldwasser, R., Lasowski, Y., & Avivi, A. (1967). Isolation of arboviruses from wild birds in Israel. *American Journal of Epidemiology*, 86(2), 372–378. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.aje.a120747>.
221. Kim, C. Y., Oh, H., Song, J., Hur, M., Suh, J. H., Jheong, W. H., Kim, J. T., Oh, H. S., & Park, J. H. (2016). First detection of West Nile virus in domestic pigeon in Korea. *Journal of Veterinary Science*, 17(4), 587–589. <https://doi.org/10.4142/jvs.2016.17.4.587>.

222. Waziri, I. J., Kabir, J., Kwaga, J. K. P., & Nguku, P. (2018). Serosurvey of West Nile virus in household-reared pigeons in Bauchi metropolis, Nigeria. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 112(4), 169–174. <https://doi.org/10.1093/trstmh/try035>.
223. Gómez, A., Kramer, L. D., Dupuis, A. P., 2nd, Kilpatrick, A. M., Davis, L. J., Jones, M. J., Daszak, P., & Aguirre, A. A. (2008). Experimental infection of eastern gray squirrels (*Sciurus carolinensis*) with West Nile virus. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 79(3), 447–451.
224. Platt, K. B., Tucker, B. J., Halbur, P. G., Tiawsirisup, S., Blitvich, B. J., Fabiosa, F. G., Bartholomay, L. C., & Rowley, W. A. (2007). West Nile virus viremia in eastern chipmunks (*Tamias striatus*) sufficient for infecting different mosquitoes. *Emerging Infectious Diseases*, 13(6), 831–837. <https://doi.org/10.3201/eid1306.061008>.
225. Platt, K. B., Tucker, B. J., Halbur, P. G., Blitvich, B. J., Fabiosa, F. G., Mullin, K., Parikh, G. R., Kitikoon, P., Bartholomay, L. C., & Rowley, W. A. (2008). Fox squirrels (*Sciurus niger*) develop West Nile virus viremias sufficient for infecting select mosquito species. *Vector Borne and Zoonotic Diseases*, 8(2), 225–233. <https://doi.org/10.1089/vbz.2007.0182>.
226. Jeffrey Root J. (2013). West Nile virus associations in wild mammals: a synthesis. *Archives of Virology*, 158(4), 735–752. <https://doi.org/10.1007/s00705-012-1516-3>.
227. Tiawsirisup, S., Platt, K. B., Tucker, B. J., & Rowley, W. A. (2005). Eastern cottontail rabbits (*Sylvilagus floridanus*) develop West Nile virus viremias sufficient for infecting select mosquito species. *Vector Borne and Zoonotic Diseases*, 5(4), 342–350. <https://doi.org/10.1089/vbz.2005.5.342>.
228. Rodhain, F., Petter, J. J., Albignac, R., Coulanges, P., & Hannoun, C. (1985). Arboviruses and lemurs in Madagascar: experimental infection of *Lemur fulvus* with yellow fever and West Nile viruses. *The AMERICAN Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 34(4), 816–822. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1985.34.816>.

229. Kile, J. C., Panella, N. A., Komar, N., Chow, C. C., MacNeil, A., Robbins, B., & Bunning, M. L. (2005). Serologic survey of cats and dogs during an epidemic of West Nile virus infection in humans. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 226(8), 1349–1353. <https://doi.org/10.2460/javma.2005.226.1349>.
230. Lan, D., Ji, W., Yu, D., Chu, J., Wang, C., Yang, Z., & Hua, X. (2011). Serological evidence of West Nile virus in dogs and cats in China. *Archives of Virology*, 156(5), 893–895. <https://doi.org/10.1007/s00705-010-0913-8>.
231. Austgen, L. E., Bowen, R. A., Bunning, M. L., Davis, B. S., Mitchell, C. J., & Chang, G. J. (2004). Experimental infection of cats and dogs with West Nile virus. *Emerging Infectious Diseases*, 10(1), 82–86. <https://doi.org/10.3201/eid1001.020616>.
232. WOAHA — World Organisation for Animal Health. *Terrestrial Manual Online Access*. <https://www.woah.org/en/what-we-do/standards/codes-and-manuals/terrestrial-manual-online-access/>.
233. Ostlund, E. N., Crom, R. L., Pedersen, D. D., Johnson, D. J., Williams, W. O., & Schmitt, B. J. (2001). Equine West Nile encephalitis, United States. *Emerging Infectious Diseases*, 7(4), 665–669. <https://doi.org/10.3201/eid0704.010412>.
234. Ostlund, E. N., Andresen, J. E., & Andresen, M. (2000). West Nile encephalitis. *Veterinary Clinics of North America: Equine Practice*, 16(3), 427–441. [https://doi.org/10.1016/s0749-0739\(17\)30087-1](https://doi.org/10.1016/s0749-0739(17)30087-1).
235. Eiden, M., Vina-Rodriguez, A., Hoffmann, B., Ziegler, U., & Groschup, M. H. (2010). Two new real-time quantitative reverse transcription polymerase chain reaction assays with unique target sites for the specific and sensitive detection of lineages 1 and 2 West Nile virus strains. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, 22(5), 748–753. <https://doi.org/10.1177/104063871002200515>.
236. Johnson, D. J., Ostlund, E. N., Pedersen, D. D., & Schmitt, B. J. (2001). Detection of North American West Nile virus in animal tissue by a reverse

transcription-nested polymerase chain reaction assay. *Emerging Infectious Diseases*, 7(4), 739–741. <https://doi.org/10.3201/eid0704.010425>.

237. Nwanosike, H., Green, F. M., Murray, K. O., Weatherhead, J. E., & Ronca, S. E. (2023). Protocol of detection of West Nile virus in clinical samples. *Methods in Molecular Biology*, 2585, 119–125. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2760-0_12.

238. Di Gennaro, A., Lorusso, A., Casaccia, C., Conte, A., Monaco, F., & Savini, G. (2014). Serum neutralization assay can efficiently replace plaque reduction neutralization test for detection and quantitation of West Nile virus antibodies in human and animal serum samples. *Clinical and Vaccine Immunology*, 21(10), 1460–1462. <https://doi.org/10.1128/CVI.00426-14>.

239. Weingartl, H. M., Drebot, M. A., Hubálek, Z., Halouzka, J., Andonova, M., Dibbernardo, A., Cottam-Birt, C., Larence, J., & Marszal, P. (2003). Comparison of assays for the detection of West Nile virus antibodies in chicken serum. *Canadian Journal of Veterinary Research*, 67(2), 128–132.

240. Schmitt, C. J., & Edwards, S. V. (2022). Passerine birds. *Current Biology*, 32(20), R1149–R1154. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.08.061>.

241. Munster, V. J., & Fouchier, R. A. (2009). Avian influenza virus: of virus and bird ecology. *Vaccine*, 27(45), 6340–6344. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2009.02.082>.

242. Capua, I., & Alexander, D. J. (Eds.). (2009). *Avian Influenza and Newcastle Disease: A Field and Laboratory Manual*. <https://doi.org/10.1007/978-88-470-0826-7>.

243. Музика, Д. В. (2012). Циркуляція параміксовірусів птиці різних серотипів (Пмв-1-9) в популяціях диких птахів України в 2006–2011 роках. *Ветеринарна медицина*, (96), 37–42.

244. Wille, M., Yin, H., Lundkvist, Å., Xu, J., Muradrasoli, S., & Järhult, J. D. (2018). RNAlater[®] is a viable storage option for avian influenza sampling in logistically challenging conditions. *Journal of Virological Methods*, 252, 32–36. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2017.11.004>.

245. United Nations Economic Commission for Europe. (2023). *Recommendations on the Transport of Dangerous Goods: Model Regulations*. <https://doi.org/10.18356/9789210019057>.
246. Hutchinson, E. C. (2018). Influenza Virus. *Trends in Microbiology*, 26(9), 809–810. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2018.05.013>.
247. Dufour-Zavala, L. (Eds.). (2008). *A Laboratory Manual for the Isolation, Identification and Characterization of Avian Pathogens* (5th ed.). <https://vetbooks.ir/a-laboratory-manual-for-the-isolation-identification-and-characterization-of-avian-pathogens-5th-edition/>.
248. International Office of Epizootics, Biological Standards Commission, International Committee. (2008). *Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals Mammals, Birds and Bees* (6th ed.).
249. Spackman, E. (Ed.). (2020). *Animal Influenza Virus: Methods and Protocols*. <https://doi.org/10.1007/978-1-0716-0346-8>.
250. Стегній, Б. Т., & Музика, Д. В. (2004). *Деклараційний патент України № 70248 А. ІЕКВМ УААН*.
251. Попова, А. О., Колесник, О. С., Рула, О. М., & Музика, Д. В. (2024). Серологічні дослідження диких лісових птахів ряду Горобцеподібних щодо циркуляції особливо небезпечних інфекцій на території України за 2023 рік. *Тези доповідей онлайн-конференції аспірантів і молодих вчених у сфері Єдиного здоров'я та біотехнології «VetBioConnect», м. Харків, 3–4 червня 2024 року* (с. 38–39). https://www.iekvm.kharkov.ua/documents/VetBioConnect_2024_theses.pdf.
252. *Quick-DNA/RNA Viral Kit*. (n. d.). Zymo Research International. <https://zymoresearch.eu/products/quick-dna-rna-viral-kit>.
253. *Genetics Company For Biotechnology*. (n. d.). Genetics. <https://www.genetics-jo.com/en/show-product/12>.
254. OIE/FAO international reference laboratory. (2020). *Detection of Influenza A Matrix Gene by Real-Time Taqman® RTPCR*. https://science.vla.gov.uk/flu-lab-net/Documents/english/protocol_Taqman.pdf.

255. Hassan, K. E., Ahrens, A. K., Ali, A., El-Kady, M. F., Hafez, H. M., Mettenleiter, T. C., Beer, M., & Harder, T. (2022). Improved subtyping of avian influenza viruses using an RT-qPCR-based low density array: 'Riems Influenza a Typing Array', Version 2 (RITA-2). *Viruses*, 14(2), 415. <https://doi.org/10.3390/v14020415>.
256. Panzarin, V. et al. (2022). *SOP VIR 014. Detection of H9 avian influenza virus by real-time RT-PCR*. <https://www.izsvenezie.com/documents/reference-laboratories/avian-influenza/diagnostic-protocols/sop-vir-014.pdf>.
257. Tong, S., Li, Y., Rivaller, P., Conrardy, C., Castillo, D. A., Chen, L. M., Recuenco, S., Ellison, J. A., Davis, C. T., York, I. A., Turmelle, A. S., Moran, D., Rogers, S., Shi, M., Tao, Y., Weil, M. R., Tang, K., Rowe, L. A., Sammons, S., Xu, X., ... Donis, R. O. (2012). A distinct lineage of influenza A virus from bats. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109(11), 4269–4274. <https://doi.org/10.1073/pnas.1116200109>.
258. De Marco, M. A., Delogu, M., Facchini, M., Di Trani, L., Boni, A., Cotti, C., Graziosi, G., Venturini, D., Regazzi, D., Ravaioli, V., Marzadori, F., Frasnelli, M., Castrucci, M. R., & Raffini, E. (2021). Serologic evidence of occupational exposure to avian influenza viruses at the wildfowl/poultry/human interface. *Microorganisms*, 9(10), 2153. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9102153>.
259. Cimini, K., & Schwemmler, M. (2021). Bat-borne influenza A viruses: An awakening. *Cold Spring Harbor Perspectives in Medicine*, 11(2), a038612. <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a038612>.
260. Das Gupta, S., Barua, B., Fournié, G., Hoque, M. A., & Henning, J. (2022). Village and farm-level risk factors for avian influenza infection on backyard chicken farms in Bangladesh. *Scientific Reports*, 12(1), 13009. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-16489-5>.
261. Root, J. J., Porter, S. M., Leno, J. B., Ellis, J. W., & Boscolo-Lauth, A. M. (2024). Susceptibilities and viral shedding of peridomestic wildlife

infected with clade 2.3.4.4b highly pathogenic avian influenza virus (H5N1). *Virology*, 600, 110231. <https://doi.org/10.1016/j.virol.2024.110231>.

262. *Avian influenza*. (n. d.). Offlu. <https://www.offlu.org/index.php/avian-influenza/>.

263. *FluGlobalNet—Home*. (n. d.). https://science.vla.gov.uk/flu-lab-net/index.html#contact_info.

264. Fadel, H. M., & Afifi, R. (2017). Investigation of avian influenza infection in wild birds in Ismailia and Damietta cities, Egypt. *Veterinary World*, 10(6), 695–701. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2017.695-701>.

265. Mosaad, Z., Elhusseiny, M. H., Zanaty, A., Fathy, M. M., Hagag, N. M., Mady, W. H., Said, D., Elsayed, M. M., Erfan, A. M., Rabie, N., Samir, A., Samy, M., Arafa, A. S., Selim, A., Abdelhakim, A. M., Lindahl, J. F., Eid, S., Lundkvist, Å., Shahein, M. A., & Naguib, M. M. (2023). Emergence of highly pathogenic avian influenza A virus (H5N1) of clade 2.3.4.4b in Egypt, 2021–2022. *Pathogens*, 12(1), 90. <https://doi.org/10.3390/pathogens12010090>.

266. Hew, Y. L., Hiono, T., Monne, I., Nabeshima, K., Sakuma, S., Kumagai, A., Okamura, S., Soda, K., Ito, H., Esaki, M., Okuya, K., Ozawa, M., Yabuta, T., Takakuwa, H., Nguyen, L. B., Isoda, N., Miyazawa, K., Onuma, M., & Sakoda, Y. (2024). Cocirculation of genetically distinct highly pathogenic avian influenza H5N5 and H5N1 viruses in crows, Hokkaido, Japan. *Emerging Infectious Diseases*, 30(9), 1912–1917. <https://doi.org/10.3201/eid3009.240356>.

267. Kitsoft. (б. д.). Державна служба України з питань безпечності харчових продуктів та захисту споживачів—Головна. <https://dpss.gov.ua>.

268. *Грип птиці – що ми повинні знати!* (2023). <https://elanecka-gromada.gov.ua/news/1695367858/>.

269. Попова, А., Колесник, О., Усова, Л., Рула, О., & Музика, Д. (2024). Циркуляція вірусу лихоманки Західного Нілу у диких птахів ряду *Passeriformes* в Україні. *Біологія тварин [Тези доповідей XXII Всеукраїнської науково-практичної конференції молодих вчених, присвяченої 75-річчю від дня народження доктора ветеринарних наук, професора, члена-*

кореспондента НААН Ростислава Федорука, м. Львів, 19–20 вересня 2024 року], 26(3), 163. https://aminbiol.com.ua/images/Journal/2024/3/AB_2024_26_3_6_CYS.pdf.

270. Sushko, M. I., Mandyhra, S. S., Chechet, O. M., Sapachova, M. A., Haidei, O. S., Movchun, O. M., Skorokhod, A. O., Posna, O. V., Zarytska, Y. M., Gutyj, B. V., & Krushelnytska, O. V. (2022). Epidemiological situation of Avian Influenza in Ukraine during 2020–2021. *Scientific Messenger of LNU of Veterinary Medicine and Biotechnologies*, 24(106), 97–102. <https://doi.org/10.32718/nvlvet10615>.

271. Опішнянська громада. (2021). *Головне управління Держпродспоживслужби у Полтавській області застерігає: Як уберегти себе і своє господарство від групи птиці?* <https://opishnya-gromada.gov.ua/news/1614102991/>.

272. Головне управління Держпродспоживслужби у Львівській області. (2024). *На Львівщині посилено заходи біологічної безпеки з метою недопущення занесення та розповсюдження групи птиці.* <https://lvivdpss.gov.ua/na-lvivshchyni-posyleno-zakhody-biolohichnoi-bezpeky-z-metoiu-nedopushchennia-zanesennia-ta-rozpovsiudzhennia-hrypu-ptytsi/>.

273. Красносільська територіальна громада. (2024). *Увага! Групи птиці.* <https://kranosilska-gromada.gov.ua/news/1730983280/>.

274. Caraballo, H., & King, K. (2014). Emergency department management of mosquito-borne illness: malaria, dengue, and West Nile virus. *Emergency Medicine Practice*, 16(5), 1–24.

275. Jiménez-Clavero, M. A., Sotelo, E., Fernandez-Pinero, J., Llorente, F., Blanco, J. M., Rodriguez-Ramos, J., Perez-Ramirez, E., & Höfle, U. (2008). West Nile virus in golden eagles, Spain, 2007. *Emerging Infectious Diseases*, 14(9), 1489–1491. <https://doi.org/10.3201/eid1409.080190>.

276. Csank, T., Drzewnioková, P., Korytár, L., Major, P., Gyuranecz, M., Pistl, J., & Bakonyi, T. (2018). A serosurvey of flavivirus infection in horses and

birds in Slovakia. *Vector Borne and Zoonotic Diseases*, 18(4), 206–213. <https://doi.org/10.1089/vbz.2017.2216>.

277. Michel, F., Sieg, M., Fischer, D., Keller, M., Eiden, M., Reuschel, M., Schmidt, V., Schwehn, R., Rinder, M., Urbaniak, S., Müller, K., Schmooch, M., Lühken, R., Wysocki, P., Fast, C., Lierz, M., Korbel, R., Vahlenkamp, T. W., Groschup, M. H., & Ziegler, U. (2019). Evidence for West Nile virus and Usutu virus infections in wild and resident birds in Germany, 2017 and 2018. *Viruses*, 11(7), 674. <https://doi.org/10.3390/v11070674>.

278. Buchebner, N., Zenker, W., Wenker, C., Steinmetz, H. W., Sós, E., Lussy, H., & Nowotny, N. (2013). Low Usutu virus seroprevalence in four zoological gardens in central Europe. *BMC Veterinary Research*, 9, 153. <https://doi.org/10.1186/1746-6148-9-153>.

279. Nikolay, B. (2015). A review of West Nile and Usutu virus co-circulation in Europe: how much do transmission cycles overlap?. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 109(10), 609–618. <https://doi.org/10.1093/trstmh/trv066>.

280. Marzal, A., Ferraguti, M., Muriel, J., Magallanes, S., Ortiz, J. A., García-Longoria, L., Bravo-Barriga, D., Guerrero-Carvajal, F., Aguilera-Sepúlveda, P., Llorente, F., de Lope, F., Jiménez-Clavero, M. Á., & Frontera, E. (2022). Circulation of zoonotic flaviviruses in wild passerine birds in Western Spain. *Veterinary Microbiology*, 268, 109399. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2022.109399>.

281. Löwen Levy Chalhoub, F., Maia de Queiroz-Júnior, E., Holanda Duarte, B., Eielson Pinheiro de Sá, M., Cerqueira Lima, P., Carneiro de Oliveira, A., Medeiros Neves Casseb, L., Leal das Chagas, L., Antônio de Oliveira Monteiro, H., Sebastião Alberto Santos Neves, M., Facundo Chaves, C., Jean da Silva Moura, P., Machado Rapello do Nascimento, A., Giesbrecht Pinheiro, R., Roberio Soares Vieira, A., Bergson Pinheiro Moura, F., Osvaldo Rodrigues da Silva, L., Nogueira Farias da Escóssia, K., Caranha de Sousa, L., Leticia Cavalcante Ramalho, I., ... Pauvolid-Corrêa, A. (2021). West Nile virus in the

State of Ceará, Northeast Brazil. *Microorganisms*, 9(8), 1699. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9081699>.

282. Koller, K. K., Kernbach, M. E., Reese, D., Unnasch, T. R., & Martin, L. B. (2023). House Sparrows vary seasonally in their ability to transmit West Nile virus. *Physiological and Biochemical Zoology*, 96(5), 332–341. <https://doi.org/10.1086/725888>.

283. European Centre for Disease Prevention and Control. (n. d). <https://www.ecdc.europa.eu/en>.

284. Центр громадського здоров'я України. МОЗ. (б. д.). <https://phc.org.ua/>.

285. Попова, А. О., & Музика, Д. В. (2024). Серологічні дослідження диких птахів ряду Passeriformes щодо наявності антитіл до вірусу лихоманки Західного Нілу в Україні. *Ветеринарна медицина*, 110, 17–27. <https://doi.org/10.36016/VM-2024-110-3>.

286. Korver D. R. (2023). Review: Current challenges in poultry nutrition, health, and welfare. *Animal*, 17 Suppl 2, 100755. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2023.100755>.

287. Булахов, В. Л., Губкін, А. А., Пономаренко, О. Л., & Пахомов, О. Є. (2015). *Біологічне різноманіття України. Дніпропетровська область. Птахи: Горобцеподібні (Aves: Passeriformes): Монографія*. Дніпропетровськ: Вид-во ДНУ.

288. Музика, Д. В., & Стегній, Б. Т. (2012). Дикі птахи як один з головних факторів розповсюдження збудників інфекцій птиці, тварин і людей. *Ветеринарна медицина*, 96, 222–224. .

289. Harvey, J. A., Mullinax, J. M., Runge, M. C., & Prosser, D. J. (2023). The changing dynamics of highly pathogenic avian influenza H5N1: Next steps for management & science in North America. *Biological Conservation*, 282, 110041. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2023.110041>.

290. Zhang, Z., & Lei, Z. (2024). The alarming situation of highly pathogenic avian influenza viruses in 2019–2023. *Global Medical Genetics*, 11(3), 200–213. <https://doi.org/10.1055/s-0044-1788039>.
291. Blagodatski, A., Trutneva, K., Glazova, O., Mityaeva, O., Shevkova, L., Kegeles, E., Onyanov, N., Fede, K., Maznina, A., Khavina, E., Yeo, S. J., Park, H., & Volchkov, P. (2021). Avian influenza in wild birds and poultry: dissemination pathways, monitoring methods, and virus ecology. *Pathogens*, 10(5), 630. <https://doi.org/10.3390/pathogens10050630>.
292. Wu, J. Y., Lau, E. H., Yuan, J., Lu, M. L., Xie, C. J., Li, K. B., Ma, X. W., Chen, J. D., Liu, Y. H., Cao, L., Li, M. X., Di, B., Liu, Y. F., Lu, J. Y., Li, T. G., Xiao, X. C., Wang, D. H., Yang, Z. C., & Lu, J. H. (2019). Transmission risk of avian influenza virus along poultry supply chains in Guangdong, China. *The Journal of Infection*, 79(1), 43–48. <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2019.05.006>.
293. Writing Committee of the World Health Organization (WHO) Consultation on Human Influenza A/H5. (2005). Avian influenza A (H5N1) infection in humans. *New England Journal of Medicine*, 353(13), 1374–1385. <https://doi.org/10.1056/NEJMra052211>.
294. Uyeki, T. M., & Peiris, M. (2019). Novel avian influenza A virus infections of humans. *Infectious Disease Clinics of North America*, 33(4), 907–932. <https://doi.org/10.1016/j.idc.2019.07.003>.
295. Kouimintzis, D., Chatzis, C., & Linos, A. (2007). Health effects of livestock farming in Europe. *Journal of Public Health*, 15(4), 245–254. <https://doi.org/10.1007/s10389-007-0130-4>.
296. Paz, S. (2015). Climate change impacts on West Nile virus transmission in a global context. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 370(1665), 20130561. <https://doi.org/10.1098/rstb.2013.0561>.
297. Bhowmick, S., Gethmann, J., Conraths, F. J., Sokolov, I. M., & Lentz, H. H. K. (2020). Locally temperature - driven mathematical model of West Nile virus spread in Germany. *Journal of Theoretical Biology*, 488, 110117. <https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2019.110117>.

298. Sánchez-Gómez, A., Amela, C., Fernández-Carrión, E., Martínez-Avilés, M., Sánchez-Vizcaíno, J. M., & Sierra-Moros, M. J. (2017). Risk mapping of West Nile virus circulation in Spain, 2015. *Acta Tropica*, 169, 163–169. <http://dx.doi.org/10.1016/j.actatropica.2017.02.022>.
299. Banet-Noach, C., Simanov, L., & Malkinson, M. (2003). Direct (non-vector) transmission of West Nile virus in geese. *Avian Pathology*, 32(5), 489–494. <https://doi.org/10.1080/0307945031000154080>.
300. Langevin, S. A., Bunning, M., Davis, B., & Komar, N. (2001). Experimental infection of chickens as candidate sentinels for West Nile virus. *Emerging Infectious Diseases*, 7(4), 726–729. <https://doi.org/10.3201/eid0704.010422>.
301. Nemeth, N., Young, G., Ndaluka, C., Bielefeldt-Ohmann, H., Komar, N., & Bowen, R. (2009). Persistent West Nile virus infection in the house sparrow (*Passer domesticus*). *Archives of Virology*, 154(5), 783–789. <https://doi.org/10.1007/s00705-009-0369-x>.
302. Muzyka, D., Rula, O., Muzyka, N., Mezinov, O., Vlaschenko, A., Echkenko, R., Popova, A., Yurko, P., Gaidash, O., Pantin-Jackwood, M., Beer, M., Fair, J., Owen, J., & Waldenström, J. (2024). Research despite the war: surveillance of emerging viral and bacterial pathogens in wild birds and animals in Ukraine. *16th EPIZONE Annual Meeting — Viruses, Vectors and Wildlife, Uppsala, Sweden, 25–27 September 2024: book of abstracts* (p. 42). [https://www.epizone-eu.net/upload_mm/f/f/0/d33ea6ee-9fe3-49c9-a6f9-05e68b231d96_EPIZONE %202024 %20- %20Book %20of %20abstracts %20v7.pdf](https://www.epizone-eu.net/upload_mm/f/f/0/d33ea6ee-9fe3-49c9-a6f9-05e68b231d96_EPIZONE%202024%20-%20Book%20of%20abstracts%20v7.pdf).
303. Arenas, A., Carranza, J., Perea, A., Miranda, A., Maldonado, A., & Hermoso, M. (1990). Type a influenza viruses in birds in southern Spain: Serological survey by enzyme-linked immunosorbent assay and haemagglutination inhibition tests. *Avian Pathology*, 19(3), 539–546. <https://doi.org/10.1080/03079459008418706>.
304. Jöstl, N., Weidinger, P., Lussy, H., Bailey, T. A., Joseph, S., McKeown, S., ... Nowotny, N. (2023). Antibody prevalence to avian influenza

virus subtypes H5, H7 and H9 in falcons, captive and wild birds, United Arab Emirates, 2003–2006. *Veterinary Medicine and Science*. <http://dx.doi.org/10.1002/vms3.1156>.

305. Schnebel, B., Dierschke, V., Rautenschlein, S., & Ryll, M. (2005). No detection of avian influenza A viruses of the subtypes H5 and H7 and isolation of lentogenic avian paramyxovirus serotype 1 in passerine birds during stopover in the year 2001 on the island Helgoland (North Sea). *Deutsche Tierärztliche Wochenschrift*, 112(12), 456–460. .

306. Popova, A. O., & Muzyka, N. M. (2025). Serological studies of wild birds of the order Passeriformes in Ukraine for the presence of antibodies to the Influenza A virus. *Journal for Veterinary Medicine, Biotechnology and Biosafety*, 11(1), 22–29. <https://doi.org/10.36016/JVMBBS-2025-11-1-4>.

ДОДАТОК А

СПИСОК ПУБЛІКАЦІЙ ЗДОБУВАЧА ТА ВІДОМОСТІ ПРО АПРОБАЦІЮ

Праці, в яких опубліковані основні наукові результати дисертації

Статті у наукових фахових виданнях України категорії «Б»

1. Нікітіна, А. О., & Музика, Д. В. (2022). Птахи ряду Горобцеподібних (Passeriformes) як потенційний резервуар та переносники вірусу грипу А (огляд літератури). *Ветеринарна медицина*, 108, 22–29. <https://doi.org/10.36016/VM-2022-108-4>. (Дисертанткою проведено пошук літературних джерел та їх аналіз).

2. Попова, А. О., & Музика, Д. В. (2024). Серологічні дослідження диких птахів ряду Passeriformes щодо наявності антитіл до вірусу лихоманки Західного Нілу в Україні. *Ветеринарна медицина*, 110, 17–27. <https://doi.org/10.36016/VM-2024-110-3>. (Дисертанткою проведено аналіз літературних джерел, збір біологічного матеріалу, серологічні дослідження, аналіз отриманих даних).

3. Popova, A. O., & Muzyka, N. M. (2025). Serological studies of wild birds of the order Passeriformes in Ukraine for the presence of antibodies to the Influenza A virus. *Journal for Veterinary Medicine, Biotechnology and Biosafety*, 11(1), 22–29. <https://doi.org/10.36016/JVMBBS-2025-11-1-4>. (Дисертанткою проведено аналіз літературних джерел, серологічні дослідження, аналіз отриманих даних).

Праці, які засвідчують апробацію матеріалів дисертації

Матеріали наукових доповідей

4. Nikitina A., Rula O., & Muzyka D. (2022). Epizootic situation on influenza A virus among wild forest birds of the order Passeriformes in Ukraine in

2020–2021. 2022 *International Biothreat Reduction Symposium (Kyiv, Ukraine, 24–27 October 2022)*: abstract book (p. 133). <https://swmprogramua.com/wp-content/uploads/2022/11/2022-IBTRS-Abstract-Book.pdf>. (Дисертанткою проведено аналіз літературних джерел, збір біологічного матеріалу, аналіз отриманих даних).

5. Нікітіна, А. О., & Дементєєва, Я. Ю. (2023). Птахи ряду Горобцеподібних (Passeriformes) полігонів твердих побудових відходів як потенційне джерело небезпечних вірусів. *Молоді вчені: гіпотези, проекти, дослідження*: збірник матеріалів всеукраїнської науково-практичної конференції, присвяченої 100-річчю факультету природничих наук, м. Миргород, Україна, 23 грудня 2022 р. (с. 8–11). <https://dspace.hnpu.edu.ua/handle/123456789/13111>. (Дисертанткою проведено аналіз літературних джерел, збір проб біологічного матеріалу, аналіз отриманих даних).

6. Попова, А. О., Колесник, О. С., Рула, О. М., & Музика, Д. В. (2024). Серологічні дослідження диких лісових птахів ряду Горобцеподібних щодо циркуляції особливо небезпечних інфекцій на території України за 2023 рік. *Тези доповідей онлайн-конференції аспірантів і молодих вчених у сфері Єдиного здоров'я та біотехнології «VetBioConnect», м. Харків, 3–4 червня 2024 року* (с. 38–39). https://www.iekvm.kharkov.ua/documents/VetBioConnect_2024_theses.pdf. (Дисертанткою проведено аналіз літературних джерел, збір біологічного матеріалу, серологічні дослідження, аналіз отриманих даних).

7. Попова, А., Колесник, О., Усова, Л., Рула, О., & Музика, Д. (2024). Циркуляція вірусу лихоманки Західного Нілу у диких птахів ряду Passeriformes в Україні. *Біологія тварин [Тези доповідей XXII Всеукраїнської науково-практичної конференції молодих вчених, присвяченої 75-річчю від дня народження доктора ветеринарних наук, професора, члена-кореспондента НААН Ростислава Федорука, м. Львів, 19–20 вересня 2024 року]*, 26(3), 163. https://aminbiol.com.ua/images/Journal/2024/3/AB_2024_26_3_6_CYS.pdf. (Дисертанткою проведено аналіз літературних джерел,

збір біологічного матеріалу, серологічні дослідження, аналіз отриманих даних).

8. Muzyka, D., Rula, O., Muzyka, N., Mezinov, O., Vlaschenko, A., Echkenko, R., **Popova, A.**, Yurko, P., Gaidash, O., Pantin-Jackwood, M., Beer, M., Fair, J., Owen, J., & Waldenström, J. (2024). Research despite the war: surveillance of emerging viral and bacterial pathogens in wild birds and animals in Ukraine. *16th EPIZONE Annual Meeting — Viruses, Vectors and Wildlife, Uppsala, Sweden, 25–27 September 2024: book of abstracts* (p. 42). [https://www.epizone-eu.net/upload_mm/f/f/0/d33ea6ee-9fe3-49c9-a6f9-05e68b231d96_EPIZONE %202024 %20- %20Book %20of %20abstracts %20v7.pdf](https://www.epizone-eu.net/upload_mm/f/f/0/d33ea6ee-9fe3-49c9-a6f9-05e68b231d96_EPIZONE%202024%20-%20Book%20of%20abstracts%20v7.pdf). *(Дисертанткою проведено серологічні дослідження).*

Апробація результатів дисертації. Результати досліджень, представлені в дисертаційній роботі, доповідалися, обговорювалися й отримали позитивну оцінку на: звітних сесіях вченої ради ННЦ «ІЕКВМ» (2021–2024 рр.); 2022 International Biothreat Reduction Symposium (Київ, 2022 р., постерна доповідь); 16th EPIZONE Annual Meeting — Viruses, Vectors and Wildlife (Уппсала, Швеція, 2024 р., постерна доповідь); міжнародній науково-практичній конференції «Сучасні аспекти наукового забезпечення галузі ветеринарії в контексті контролю інфекційних хвороб тварин», присвяченій 75-річчю від дня народження академіка НААН, директора ІЕКВМ у 1999–2001 рр. Поліни Павлівни Фукс (Харків, 2024 р., усна доповідь); всеукраїнській науково-практичній конференції «Молоді вчені: гіпотези, проекти, дослідження», присвяченій 100-річчю факультету природничих наук (Миргород, 2022 р., усна доповідь); онлайн-конференції аспірантів і молодих вчених у сфері Єдиного здоров'я та біотехнології «VetBioConnect» (Харків, 2024 р., усна доповідь); XXII всеукраїнській науково-практичній конференції молодих вчених, присвяченій 75-річчю від дня народження доктора ветеринарних наук, професора, члена-кореспондента НААН Ростислава Федорука (Львів, 2024 р., усна доповідь).

ДОДАТОК Б

ПОГОДЖЕНО

Проректор з наукової роботи
Державного біотехнологічного
університету


(підпис) Валерій МИХАЙЛОВ
«03» жовтня 2025 р.

ЗАТВЕРДЖУЮ

Проректор з науково-педагогічної
роботи
Державного біотехнологічного
університету


(підпис) Максим СЕРІК
«03» жовтня 2025 р.

АКТ

про впровадження/використання результатів
дисертаційної роботи у навчальний процес

Даним актом стверджується, що результати дисертаційної роботи, яка розкриває тему та додає нові практичні знання стосовно циркуляції вірусу грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу серед диких птахів ряду Горобцеподібні (Passeriformes) в Україні, що представлена на здобуття наукового ступеня доктора філософії за спеціальністю **211 Ветеринарна медицина**

виконаної Поповою Анастасією Олегівною

впроваджено у робочу програму при викладанні навчальних дисциплін:

«Епізоотологія та інфекційні хвороби тварин», «Ветеринарна вірусологія», «Ветеринарна імунологія»

Циркуляція вірусу грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу серед диких птахів ряду Горобцеподібні в Україні, епізоотологічне та епідеміологічне значення

на кафедрі епізоотології та мікробіології

у підготовці здобувачів вищої освіти ступеня «Магістр»

за спеціальністю «Ветеринарна медицина»

у Державному біотехнологічному університеті

Завідувач кафедри
епізоотології та мікробіології
канд. ветеринарних наук, доцент



Раїса СЕВЕРИН

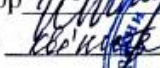
Декан факультету ветеринарної медицини
кандидат ветеринарних наук, доцент



Олеся ЦИМЕРМАН

«ЗАТВЕРДЖУЮ»

проректор з наукової та інноваційної діяльності,
доктор сільськогосподарських наук
Дніпровського державного аграрно-
економічного університету

професор  Юрій ТКАЧУК
« 04 »  2025 р.



А К Т

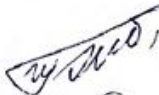
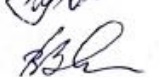
про впровадження/використання результатів дисертаційної роботи у навчальний процес

Даним актом стверджується, що результати дисертаційної роботи за темою **«Циркуляція вірусу грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу серед птахів ряду Горобцеподібні (*Passeriformes*) в Україні, епізоотологічне та епідеміологічне значення»** що представлена на здобуття наукового ступеня доктора філософії за спеціальністю **211 Ветеринарна медицина**, виконаної **Поповою Анастасією Олегівною** впроваджено у робочу програму при викладанні навчальних дисциплін:

«Епізоотологія та інфекційні хвороби тварин», «Ветеринарна мікробіологія», «Ветеринарна вірусологія», «Ветеринарна імунологія» на кафедрі інфекційних хвороб тварин у підготовці здобувачів вищої освіти ступеня «Магістр» за спеціальністю «Ветеринарна медицина» у Дніпровському державному аграрно-економічному університеті.

Декан факультету

Завідувач кафедри

Іван БІБЕН

Володимир ЗАЖАРСЬКИЙ

«ЗАТВЕРДЖУЮ»
 Проректор з науково-педагогічної,
 наукової роботи,
 Полтавського державного аграрного
 університету

 Анатолій ШОСТЯ
 « 8 » листопада 2025 р

А К Т

про впровадження/використання результатів
дисертаційної роботи у навчальний процес

Даним актом стверджується, що результати дисертаційної роботи за темою «Циркуляція вірусу грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу серед птахів ряду Горобцеподібні (*Passeriformes*) в Україні, епізоотологічне та епідеміологічне значення» що представлена на здобуття наукового ступеня доктора філософії за спеціальністю 211 Ветеринарна медицина, виконаної Поповою Анастасією Олегівною

впроваджено у робочу програму при викладанні навчальних дисциплін:
«Епізоотологія та інфекційні хвороби», «Зоонози та концепція «Єдине здоров'я»», «Ветеринарна мікробіологія», «Ветеринарна вірусологія»

на кафедрі інфекційної патології, гігієни, санітарії та біобезпеки

у підготовці здобувачів вищої освіти ступеня «Магістр»

за спеціальністю «Ветеринарна медицина»

у Полтавському державному аграрному університеті

Завідувач кафедри інфекційної патології,
 гігієни, санітарії та біобезпеки,
 доктор ветеринарних наук, професор

 Олег КРУЧИНЕНКО

Декан факультету ветеринарної медицини
 доктор ветеринарних наук, професор

 Сергій КУЛИНИЧ

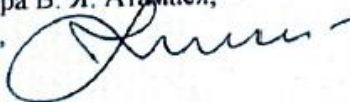
«Затверджую»
 проректор з науково-педагогічної та
 методичної роботи Одеського
 державного аграрного університету
 « 2025 р.

АКТ
про впровадження результатів
дисертаційної роботи у навчальний процес

Даним актом стверджується, що результати дисертаційної роботи, яка розкриває тему та додає нові практичні знання стосовно циркуляції вірусу грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу серед птахів ряду Горобцеподібні (Passeriformes) в Україні, епізоотологічне та епідеміологічне значення, що представлена на здобуття наукового ступеня доктора філософії за спеціальністю 211 Ветеринарна медицина, виконаної **Поповою Анастасією Олегівною**, впроваджені у навчальний процес за викладання ОК «Епідеміологія та інфекційні хвороби тварин» у підготовці фахівців спеціальності 211 «Ветеринарна медицина» та використовуються у наукових дослідженнях кафедри інфекційної патології, біобезпеки та ветеринарно-санітарного інспектування ім. професора В. Я. Атамася, Одеського державного аграрного університету.

Розглянуто та схвалено на засіданні кафедри інфекційної патології, біобезпеки та ветеринарно-санітарного інспектування ім. професора В. Я. Атамася, Одеського державного аграрного університету (протокол № 13 від 22.04. 2025 р.).

Завідувач кафедри інфекційної патології,
 біобезпеки та ветеринарно-санітарного
 інспектування ім. професора В. Я. Атамася,
 доктор ветеринарних наук,
 професор

 Ігор ПАНІКАР

В.о. декана факультету ветеринарної
 медицини, кандидат ветеринарних
 наук, доцент

 Катерина РОДІОНОВА

ДОДАТОК В

ЗАТВЕРДЖУЮ:

Директор Національного
наукового центру «Інститут
експериментальної і клінічної
ветеринарної медицини», доктор
ветеринарних наук, професор



Анатолій ПАЛІЙ

«19» листопада 2024 р.

ВИСНОВОК БІОЕТИЧНОЇ ЕКСПЕРТИЗИ

ЕКСПЕРИМЕНТАЛЬНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ, ЩО ВИКОНУВАЛИСЬ

АНАСТАСІЄЮ ОЛЕГІВНОЮ ПОПОВОЮ

ЗА ТЕМОЮ «ЦИРКУЛЯЦІЯ ВІРУСУ ГРИПУ А ТА ВІРУСУ ЛИХОМАНКИ ЗАХІДНОГО
НІЛУ СЕРЕД ПТАХІВ РЯДУ ГОРОБЦЕПОДІБНІ (PASSERIFORMES) В УКРАЇНІ.
ЕПІЗООТОЛОГІЧНЕ ТА ЕПІДЕМІОЛОГІЧНЕ ЗНАЧЕННЯ»

Комісія з біоетики Національного наукового центру «Інститут експериментальної і клінічної ветеринарної медицини» в складі Голови, заступника директора з наукової роботи, канд. вет. наук Боровкова С.Б. та членів комісії: в. о. зав. лабораторії менеджменту якості наукових досліджень та наукового маркетингу, канд. вет. наук Герілович І.О.; вченого секретаря ННЦ «ІЕКВМ», канд. біолог. наук Коваленко Л.В.; канд. вет. наук, зав. сектором бактеріальних хвороб птиці Ткаченка С.В.; канд. вет. наук, зав. лабораторії вивчення хвороб свиней Кольчик О.В.; (склад затверджено Наказом директора ННЦ «ІЕКВМ» від 05.09.2023 р., № 14-з) на своєму засіданні 19.11.2024 р., протокол № 4-24, вивчили матеріали експериментальних досліджень, проведених здобувачкою Поповою А.О. за виконання дисертаційної роботи «Циркуляція вірусу грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу серед птахів ряду Горобцеподібні (Passeriformes) в Україні, епізоотологічне та епідеміологічне значення». За результатами роботи комісії зроблено висновок.

Висновок комісії: Установлено, що під час проведення експериментальних досліджень з виконання дисертаційної роботи А.О. Поповою за темою «Циркуляція вірусу грипу А та вірусу лихоманки Західного Нілу серед птахів ряду Горобцеподібні (Passeriformes) в Україні, епізоотологічне та епідеміологічне значення» було дотримано основні

принципи біоетики. Кількість тварин у групах за експериментальних досліджень була мінімально необхідною з урахуванням адекватності щодо мети дослідження. Усі дослідження ґрунтувались на принципах моральних цінностей людини, гуманного поводження з піддослідними тваринами, їх захисту від болю та страждань. Досліди проведені з дотриманням всіх біоетичних вимог відповідно до Статті 26 Закону України «Про захист тварин від жорстокого поводження», Європейської Конвенції про захист хребетних тварин, які використовуються для експериментальних та інших наукових цілей (ETS №123, 1986) та «Загальних етичних принципів експериментів на тваринах», ухвалених Першим національним конгресом з біоетики (Київ, 2001).

Голова комісії:

Заступник директора з наукової роботи,
кандидат ветеринарних наук,



Сергій БОРОВКОВ