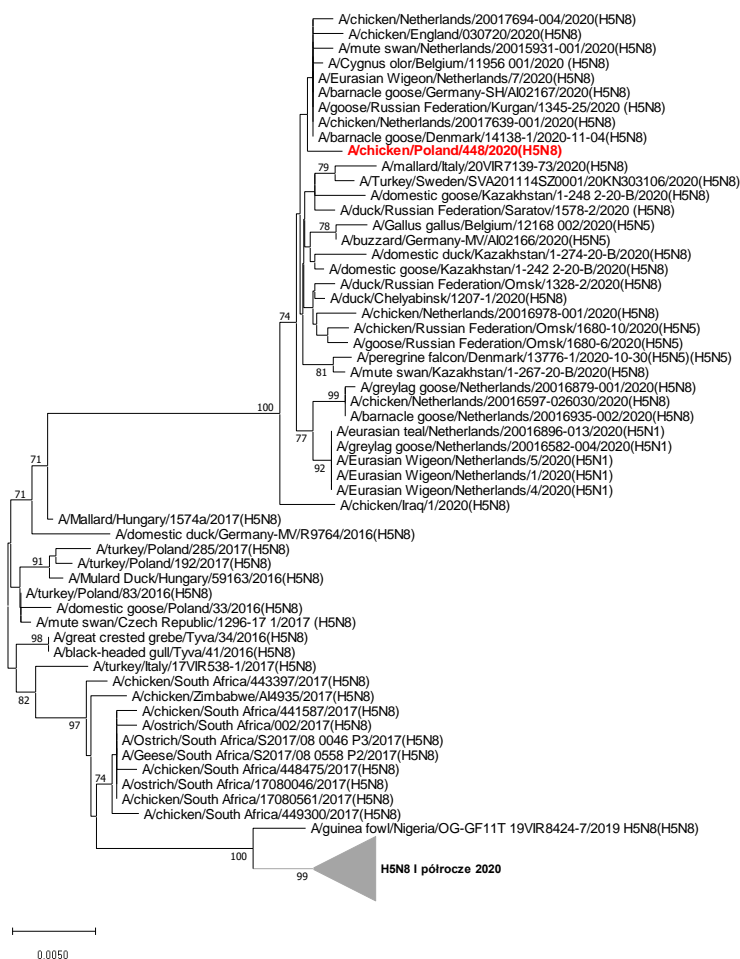


## Wyniki analiz genetycznych szczepu wirusa HPAI H5N8 wykrytego w Polsce w dniu 24.11.2020 r.

Analiza całego genomu szczepu wirusa grypy H5N8 wykrytego w Polsce potwierdza jego wysoki stopień podobieństwa do szczepów wirusa HPAI H5N8 występujących aktualnie w Europie, co jednoznacznie wskazuje na ich wspólne pochodzenie. Uzyskane wyniki nie pozwalają jednak na precyzyjne określenie obszaru geograficznego, z którego wirus trafił do Polski, gdyż identyczny poziom podobieństwa genetycznego występuje zarówno w sekwencjach wirusów wykrytych w państwach leżących na zachód od Polski (tzn. w Niemczech, Danii, Belgii, Holandii, Wielkiej Brytanii), jak również na wschód od naszego kraju (Rosja). Z uwagi na liczne przypadki zakażeń u ptaków dzikich w Europie, należy je uznać za najbardziej prawdopodobny wektor wprowadzenia wirusa. Wyniki przeprowadzonych badań wskazują również, że aktualna sytuacja nie ma związku z epidemią HPAI H5N8 w Europie w sezonie 2019/2020.

Badania nad identyfikacją molekularnych markerów zagrożenia zdrowia człowieka (miejsca wiązania receptorów, intensywność replikacji w komórkach ssaków) nie wykazały, aby wykryty w kraju wirus H5N8 posiadał cechy wskazujące na zwiększoną zakaźność oraz patogenność dla ludzi i pod tym względem nie różni się od innych wirusów wykrywanych aktualnie w Europie.

**Ryc. 1.** Analiza filogenetyczna szczepów wirusa HPAI H5 w oparciu o gen hemaglutyniny (czerwoną czcionką zaznaczono wirus H5N8 z Polski)



Opracował: dr hab. Krzysztof Śmietanka prof. instytutu,  
kierownik KLR ds. grypy ptaków PIWet-PIB w Puławach