

武汉病毒所候鸟禽流感病毒生态特征研究取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/13604.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

近日，中国科学院武汉病毒研究所/生物安全大科学研究中心研究员陈建军、刘翟团队，在长江流域越冬候鸟禽流感病毒生态学研究取得重要进展。相关研究结果以Ecology of avian influenza viruses in migratory birds wintering within the Yangtze River wetlands为题，发表在Science Bulletin上。

禽流感病毒尤其是高致病性禽流感病毒危害家禽养殖业，甚至威胁人类健康。相关科学问题如病毒在自然宿主中的遗传演化规律、鸟类迁徙过程中病毒跨境传播的热点区域及关键要素，以及病毒从候鸟/家禽界面双向溢出形成条件及爆发风险等鲜有长期研究。我国被多条候鸟迁徙路线覆盖。每年有大量候鸟在我国越冬、繁殖和过境，候鸟的集中出现增加了禽流感传播和流行的风险。在我国重点区域开展候鸟禽流感病毒监测，将有助于掌握病毒在候鸟中的流行特征与遗传变异规律，提升预警和防控水平。

自2013年，武汉病毒所研究团队与湖北省野生动物疫源疫病监测中心、武汉市蔡甸区沉湖湿地自然保护区管理局、湖北洪湖自然保护区管理局等单位合作，对长江流域越冬候鸟中的禽流感病毒进行了长期监测。2013年至2017年，该团队在长江流域重要越冬湿地采集8000多份样本，分离出122株禽流感病毒。对这些毒株的分析表明，长江流域越冬候鸟中禽流感病毒具有多样性，监测到8种HA和8种NA亚型，以及18种HA-NA亚型组合的禽流感病毒（图1）。

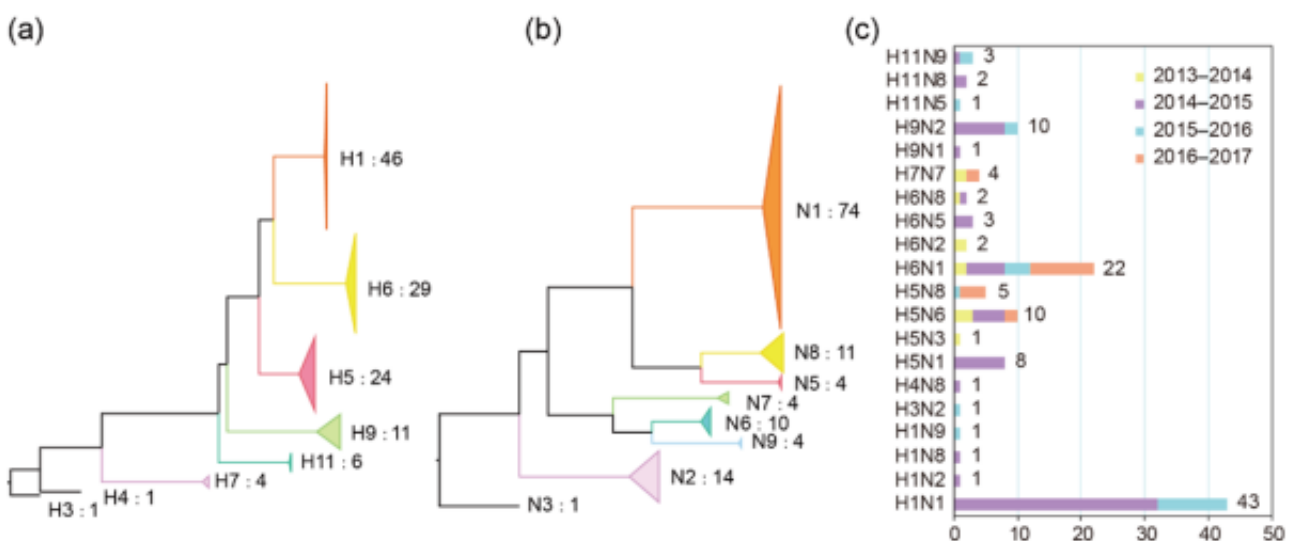


图1.2013年至2017年长江流域越冬候鸟禽流感病毒亚型多样性

对其中108株病毒全基因组的分析表明，越冬地禽流感病毒基因组具有复杂的多样性。研究发现，其中部分片段连续多个越冬季持续流行于候鸟中（图2）。

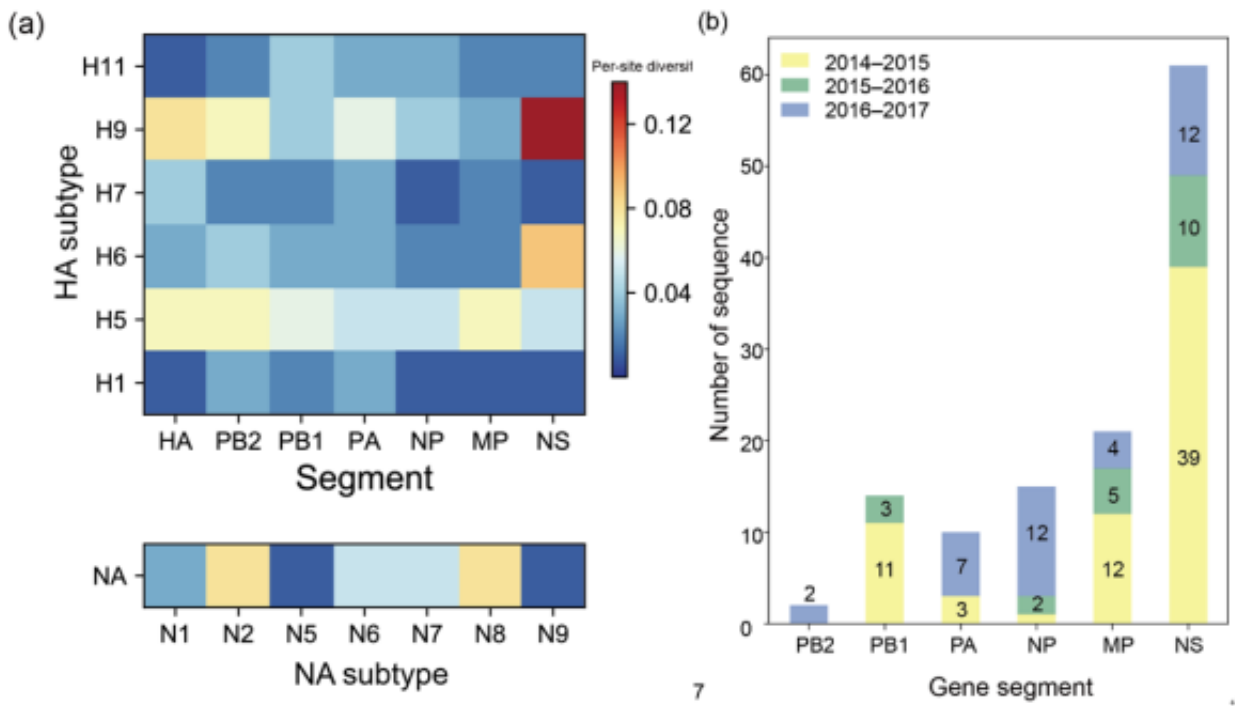


图2.2013年至2017年长江流域越冬候鸟禽流感病毒基因组多样性

进化分析表明，越冬候鸟病毒的一些基因片段与北美野鸟流行毒株高度相近，禽流感病毒基因片段在多个区域之间发生扩散进一步得到统计学的支持（图3）。结果表明，虽有地理间隔，禽流感病毒跨洲传播的风险仍存在。

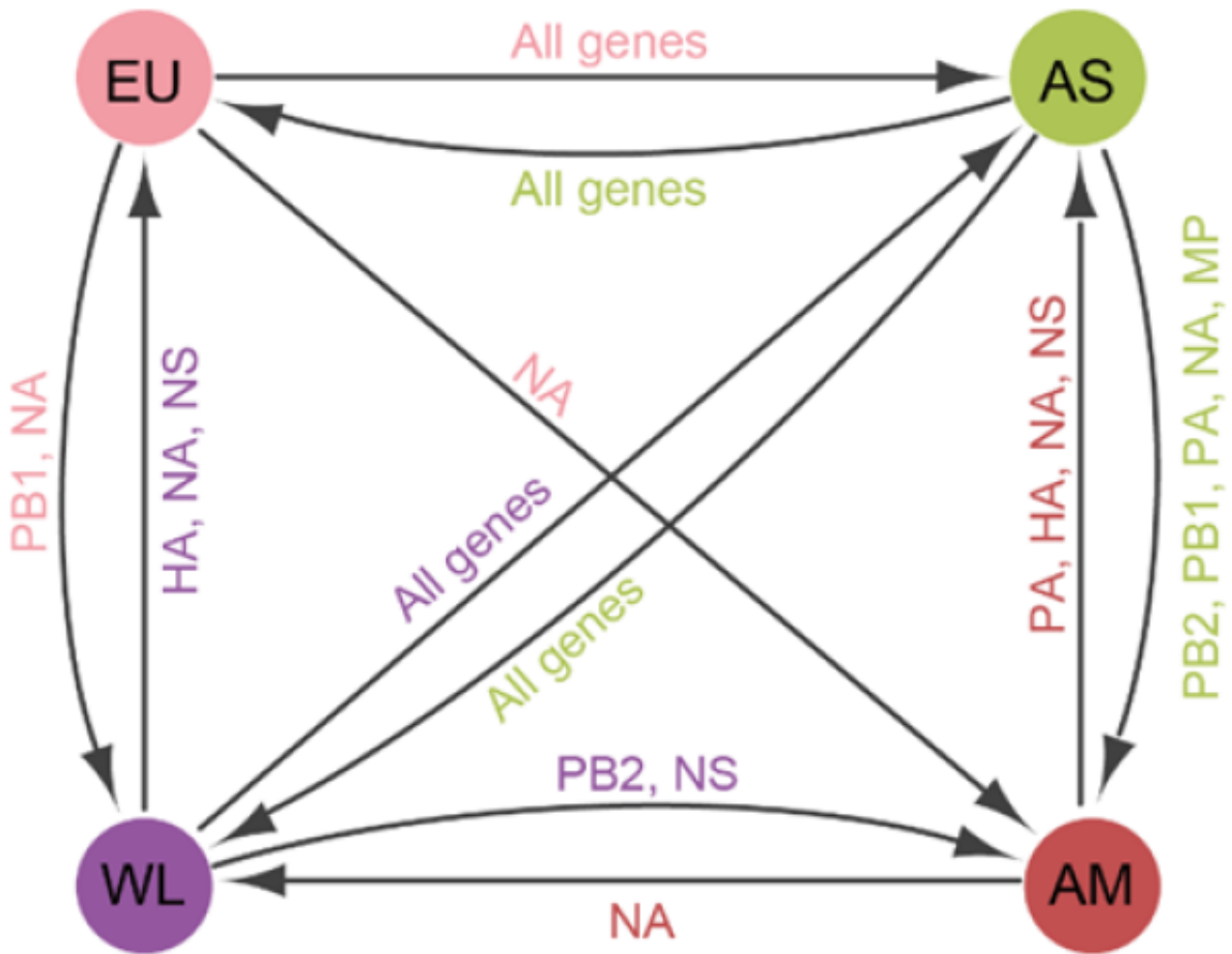


图3.禽流感病毒基因片段跨区域扩散

此外，研究监测到家禽中流行的高致病H5和低致病H9禽流感病毒跨越家禽/候鸟界面传播至越冬候鸟中（图4），表明越冬湿地及周边区域可能是禽流感病毒实现跨界传播的热点区域。虽然在监测期间未发生疫情，但家禽毒株输入候鸟后，有随候鸟迁徙并扩散至其他区域的风险。

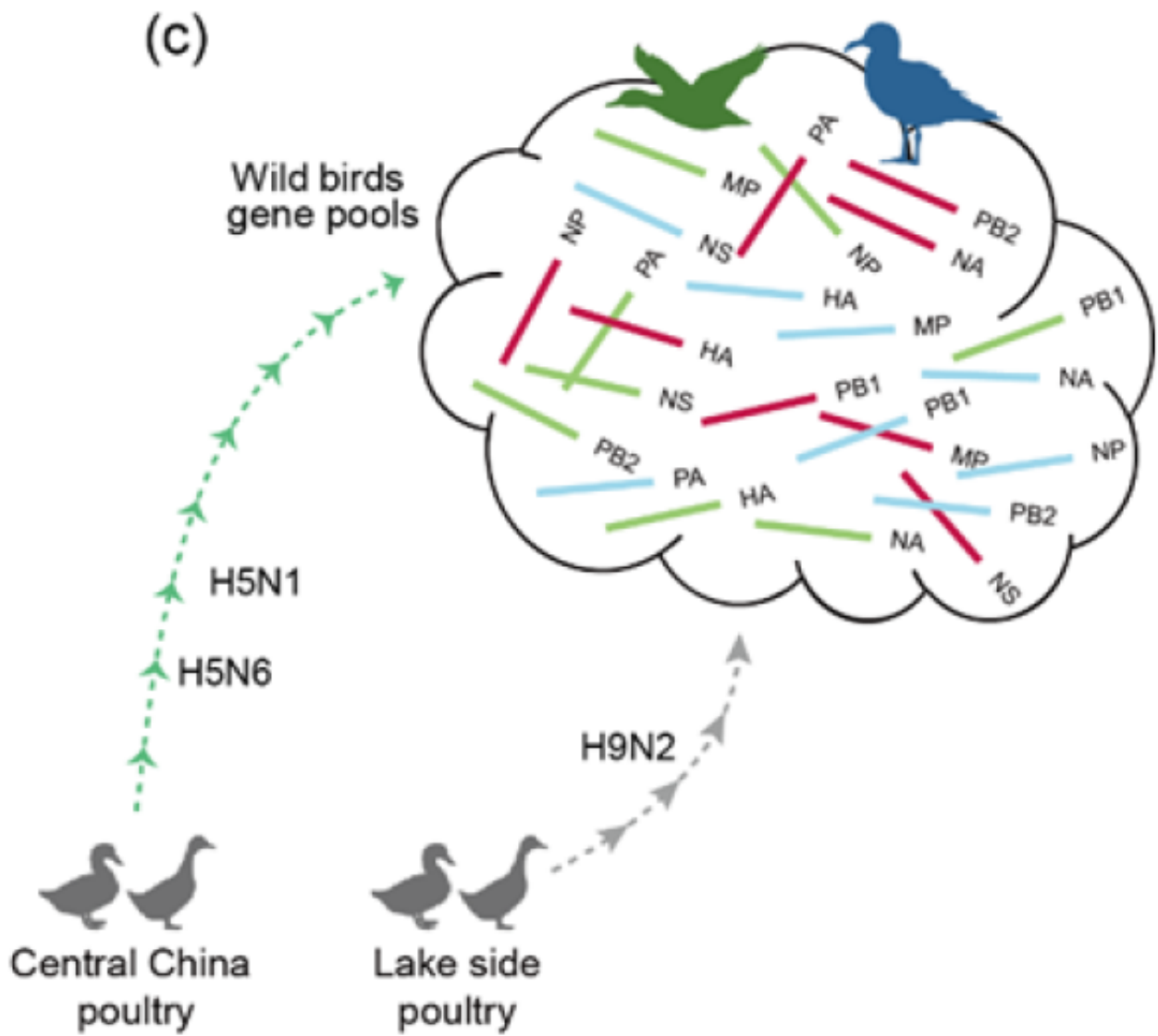


图4.禽流感病毒跨越家禽/野鸟界面传播

研究通过长达4年的禽流感病毒监测，揭示了长江流域越冬候鸟禽流感病毒的主要生态特征，进一步凸显出长江流域越冬候鸟可能在禽流感病毒生态分布中发挥重要作用。该研究将为禽流感新毒株的突现提供了早期预警。

武汉病毒所在读博士研究生王德诚、已毕业博士李明新和硕士熊超超为论文的共同第一作者，陈建军、刘翟为论文的共同通讯作者，研究员王汉中为研究做出贡献。研究工作得到湖北省野生动物疫源疫病监测中心、武汉市蔡甸区沉湖湿地自然保护区管理局、洪湖自然保护区管理局和中科院流感研究与预警中心等的支持，并得到国家自然科学基金面上项目和国际合作项目、科学技术部基础性工作专项和传染病重大专项等的资助。

[论文链接](#)

研究团队单位：武汉病毒研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://www.iikx.com)转发