
科学家揭示新型H5N1禽流感病毒进化全貌

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/19059.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！

科学家揭示新型H5N1禽流感病毒进化全貌。



H5N1亚型禽流感病毒的起源、进化和时空传播。中国农科院供图

近日，中国农业科学院哈尔滨兽医研究所陈化兰院士团队在H5N1亚型高致病性禽流感病毒研究方面取得重要进展，该研究系统阐明了目前在全球肆虐的H5N1禽流感病毒的起源、进化和时空传播，并对我国监测到的H5N1病毒进行了系统的生物学研究。相关研究结果发表于《新发病原体与感染》（Emerging microbes infections）。

该研究发现，目前流行的H5N1病毒于2020年10月在荷兰产生，是由H5N8禽流感病毒与H1N1及H3N8等亚型禽流感病毒重配而来。

2020年10月-2021年8月，该新型H5N1病毒在西欧、北欧和东欧多国的家禽和野鸟中流行，并传播至多个非洲国家。2021年9月开始，在欧洲引起禽流感大暴发，并传播到亚洲和北美洲的多个国家。2020年1月以来，H5N8和H5N1病毒已导致全球超过2亿羽家禽死亡或者被扑杀。因广泛使用了禽流感疫苗免疫，这些新型H5病毒并未对我国家禽造成实质危害。

国家禽流感参考实验室2021年9月至2022年3月在全国范围内采集了26767份野鸟和家禽样品，从中分离到13株H5N1病毒。

为了探究这些新传入我国的H5N1病毒的来源，研究人员对全球233株H5N1亚型代表毒株进行系统的遗传演化和时空传播分析。发现目前全球流行的H5N1病毒自2020年10月首次在荷兰出现以来，在自然界中与多种野鸟源禽流感病毒进行了复杂的基因片段重配，形成了16种不同的基因型（G1-G16）。

我国监测到4种基因型，分别为G1，G7，G9和G10。其中G1和G10分别于2021年11月份和2022年1月份由欧洲传入我国，G7在2021年11月份由韩国或日本传入我国，G9来源不清。

抗原性分析表明，我国目前使用的H5-Re14疫苗毒株与其抗原性匹配良好，证明H5和H7三价禽流感灭活疫苗可有效阻断此类H5N1病毒入侵免疫家禽。鉴于此类H5N1病毒在全球野鸟中广泛分布，文章呼吁高风险国家对家禽进行H5亚型禽流感疫苗免疫，有效阻断病毒由野鸟传播进入家禽，从而有效降低其对人类健康带来的威胁。

该研究得到国家自然科学基金、国家重点研发计划、中国农业科学院科技创新工程等项目的资助。（来源：中国科学报李晨）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1080/22221751.2022.2088407>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：陈化兰等 来源：《新发病原体与感染》

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](https://www.iikx.com)转发