

2003~2004 年台灣分離 H5N2 家禽流行性感冒病毒之基因分析

報告人：李敏旭 副研究員（疫學研究組）

壹、緒言

家禽流行性感冒病毒屬於 A 型流行性感冒病毒，依據病毒表面的二種醣蛋白：血球凝集素及神經氨酸酶來區分亞型目前已知有 16 種 HA 及 9 種 NA 亞型。在 16 種 HA 亞型病毒中，可依據病原性來區別為高病原性及低病原性，不過目前僅在 H5 及 H7 亞型病毒中發現高病原性病毒，而在高病原性病毒株可見其血球凝集素切割位具有多個鹼性氨基酸的分子特徵，而低病原性病毒也可能突變成高病原性。在 2003 年底，台灣家禽場爆發 H5N2 病毒，分布在 8 個縣市 24 場家禽場，一共分離到 26 株病毒。在此次爆發中我們選擇撲殺感染場且不使用疫苗來控制疫情，一共損失 383,852 隻家禽。

貳、材料與方法

2003-2004 年台灣雞場分離之 H5 家禽流行性感冒病毒株，經病毒增殖純化後進行亞型之區別。並參考目前已發表在 GenBank 中之序列針對各段基因設計引子供作增幅全長基因之用。以反轉錄聚合酶鏈鎖反應增幅各段基因後經選質定序，所得序列再以 GCG 套裝軟體中之 "PILEUP" 與 "PRETTY" 等程式加以排列比對，所得結果再以 PAUP、PHYLIP 軟體進行分析，繪製演化圖譜。

參、結果與討論

2003 年底 H5N2 低病原性家禽流行性感冒病毒在台灣家禽場爆發，雖然經過試驗均為低病原性病毒，但是從基因回溯其來源時卻發現病毒與劣質疫苗有關聯性，甚至病毒的基因體產生基因交換重組現象。病毒株之主要抗原基因屬美洲病毒群，與 1994 年墨西哥爆發 H5N2 病毒株有高度相似性，內部基因卻屬於歐亞洲病毒群，這樣的基因組合顯然不符合短期的自然的演化，推論病毒應是藉由不活化不完全或是活病毒的劣質疫苗所傳入台灣，而在農民對疫情的高度疑慮下盲目使用以至於造成病毒感染之疫情，顯示應該在加強監測工作之落實外，與農民之再教育應加強，在疫情透明化方面要鼓勵禽畜業者主動將樣材送檢或強制由地區防疫機關定期採樣以明確了解病原傳播情況，否則家禽流行性感冒病毒在雞群間的傳播與演化極易突變為高病原性病毒，屆時恐危及整個產業而後悔莫及。

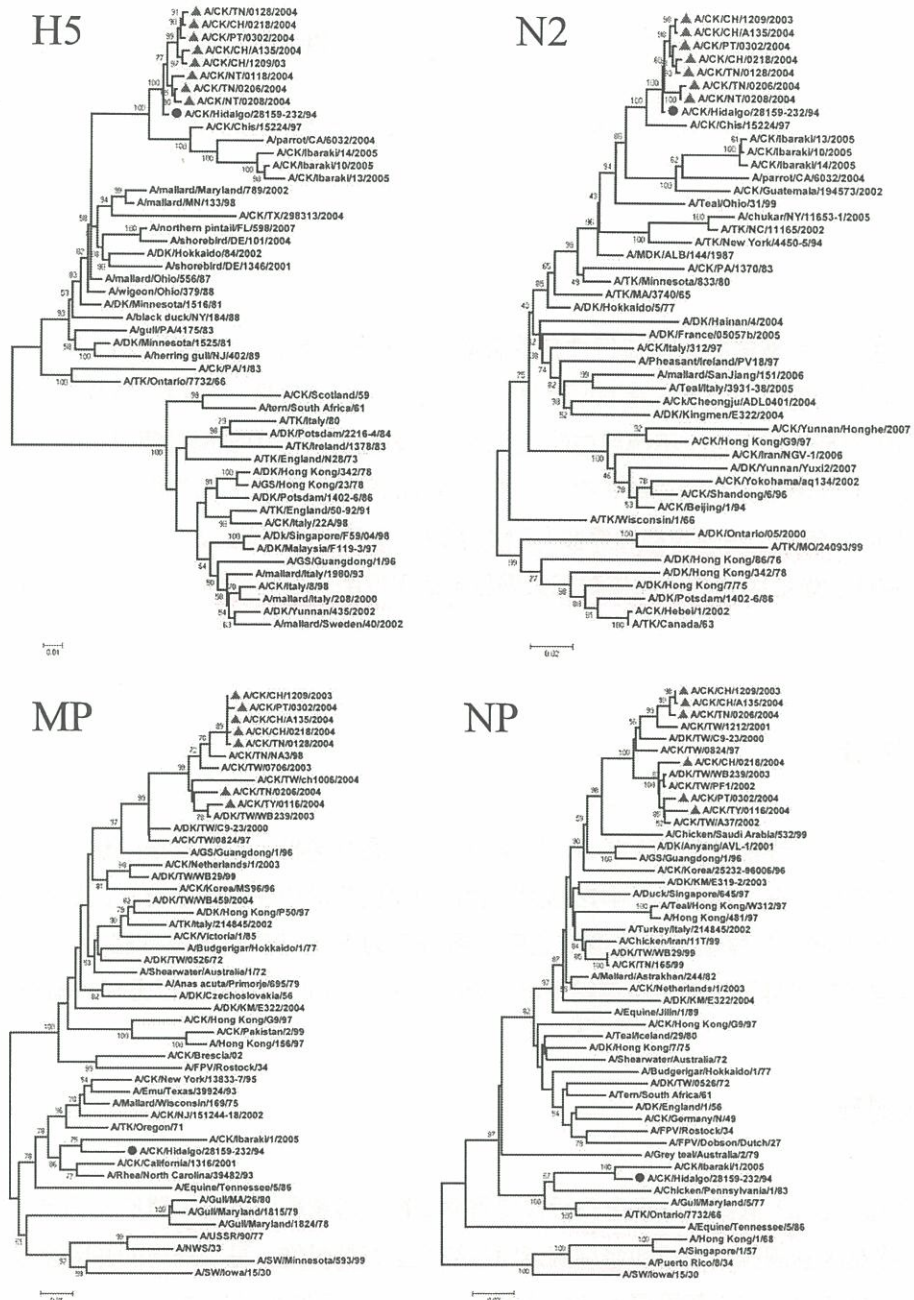


Figure 1. Phylogenetic tree based on the complete nucleotide sequences of 8 segments of H5N2 viruses. The neighbor-joining method was used to build the tree and the percentage of nucleotide difference is indicated by the scale.

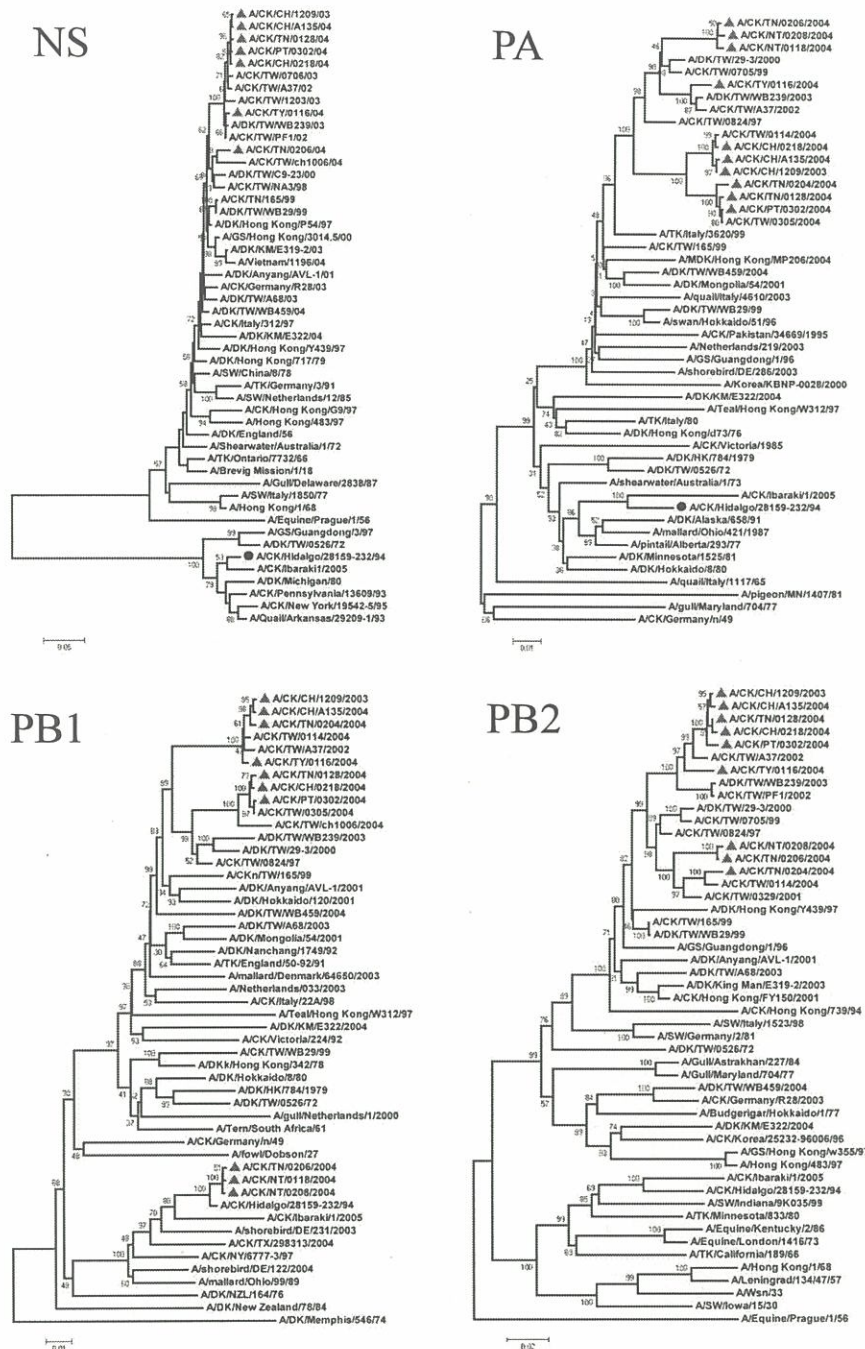


Figure 2. Phylogenetic tree based on the complete nucleotide sequences of 8 segments of H5N2 viruses. The neighbor-joining method was used to build the tree and the percentage of nucleotide difference is indicated by the scale.