

行政院農業委員會家畜衛生試驗所
105 年第三季禽流感病毒分析訊息

本季由零星案例中選擇 2 株 H5N8 病毒株分析，分別分離自本(105)年 7 月 2 日臺南市某鵝場(編號 s2)及本年 7 月 4 日屏東縣某雞場送高雄屠宰確診之案例(編號 s3)。2 株病毒基因分析如下表; HA 基因仍為 2.3.4.4 分群的 H5 亞型高病原性家禽流行性感冒病毒; 8 片段基因核酸序列與臺灣 104 年 1 月病毒株(a68)比較，皆有 99.1% 以上的相似度，顯示本季案例分析株非新侵入株，也沒有與國內舊型病毒發生基因重組的情形。但在國內不同禽類之間傳播，使病毒持續呈現胺基酸位點突變。建議雖然疫情呈少數零星發生，仍應持續落實禽場生物安全防範措施，以避免秋冬季氣溫降低，造成疫情復燃的情形。

國內 104 年爆發之 H5N8 病毒依基因型別區分為 3 個基因亞群(TW/H5N8 genotype O、TW/H5N8 genotype 1 及 TW/H5N8 genotype 2)，本季所分析之 2 株 H5N8 病毒的基因同屬於 TW/H5N8 genotype 2(簡稱 TW/H5N8 G2)。兩案例顯示 G2 H5N8 仍殘存於南臺灣地區的不同禽類之禽場。

(本季分離株之核酸序列若有學者有研究參考需求，請逕向畜衛所洽取。)

前後期 H5N8 病毒株 a68 與 s2、s3 序列比較

前期：104 年 1 月 13 日，鴨，台南，病例編號 a68 (TW/H5N8 G2)

後期：105 年 7 月 2 日，鵝，台南，病例編號 s2 (TW/H5N8 G2)

105 年 7 月 4 日，雞，屏東，病例編號 s3 (TW/H5N8 G2)

表 1、核酸序列相似度 (%)

	PB2	PB1	PA	HA	NP	NA	M	NS
a68 與 s2	99.7	99.1	99.3	99.4	99.6	99.4	99.5	99.3
a68 與 s3	99.6	99.1	99.2	99.4	99.6	99.2	99.6	99.1
s2 與 s3	99.7	99.2	99.6	99.7	99.8	99.4	99.3	99.3

表 2、胺基酸序列相似度 (%)

	PB2	PB1	PA	HA	NP	NA	M1	M2	NEP	NS1
a68 與 s2	99.9	98.8	99.6	99.1	99.8	99.4	100	100	100	97.8
變異位	K663R	M40I E172G I322V D377N G564S S592A S654N V640I Q621K	R391K A475T K626R	A99T T204I S336N S519R K522E	I408V	W77L N166S R247G				I81V V84L T91N I123T P216S
a68 與 s3	99.7	99.2	99.4	99.3	99.6	99.1	100	99	100	98.3
變異位	T521K K663R	T156K I322V N375T D377N V640I S654N	M86V N254K R391K A475T	A99T T204I N325D S336N	L108P I408V	W77L I83T N166S E386V		V28A		G51D V84L T91N I123T