

行政院農業委員會家畜衛生試驗所
105 年第二季禽流感病毒分析訊息

本季選擇 2 株 H5N2 病毒株分析，1 株分離自本(105)年 4 月 9 日送檢的嘉義縣太保鄉鵝案例場(編號 p5)，另 1 株分離自本(105)年 5 月 31 日送檢的雲林縣土雞案例場(編號 q53)。兩株不同家禽宿主的 H5N2 病毒基因分析結果如下表，兩病毒株之 HA 基因仍屬於 2.3.4.4 分群的 H5 高病原性家禽流行性感冒病毒，8 片段基因分別與疫情早期(104 年 1 月)病毒株相似度比較結果顯示，經過 15 個月的時間演化與宿主適應性演化，M 基因較其他基因相對穩定，仍有 99.8% 的相似度，但 PB2 及 NA 基因與早期的相似度已降至 99% 以下(98.8~98.9%)，雖然如此，但仍高於與國內舊型病毒的相似度(PB2 及 NA 分別為 86.4% 及 82.6%)。以上顯示本季分析之病毒非新侵入株，也沒有與國內舊型病毒發生基因重組的情形，但在國內禽場間流行至今，病毒已呈現多個胺基酸位點突變。

(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 H5N2 病毒株 a5 與 p5、q53 序列比較

H5N2 前期：104 年 1 月 9 日，鵝，雲林，病例編號 a5

H5N2 後期：105 年 4 月 7 日，鵝，嘉義，病例編號 p5

105 年 5 月 31 日，雞，雲林，病例編號 q53

表 1、核酸序列相似度 (%)

	PB2	PB1	PA	HA	NP	NA	M	NS
a5 與 p5	98.9	99.2	99.2	99.3	99.5	98.8	99.8	99.1
a5 與 q53	98.9	99.2	99.1	99.2	99.4	98.9	99.8	99.1
p5 與 q53	99.4	99.1	99.3	99.7	99.4	99.0	100	99.8

表 2、胺基酸序列相似度 (%)

	PB2	PB1	PA	HA	NP	NA	M1	M2	NEP	NS1
a5 與 p5	98.9	99.6	99.0	98.9	100	98.3	100	97.9	100	97.4
變異位	H13Q V67I V109I V338I R368Q T521A M631L E677K	E75D G622A L753I	N119D N254S R269K I354V D396N I465T K603R	M63V S136N S143T V226M R498K A543V		I62T K143N R199S R283H S306G R344K E381D T385K		L26I V27I		D53N T123I D125G T170A D209G P213L
a5 與 q53	98.8	99.5	99.0	98.9	99.8	98.3	100	97.9	97.5	97.0
變異位	H13Q V67I V109I M315I V338I V400A T521A M631L K663N	K11R E75D G622A M655I	V127A N254S R266C R269K I354V D396N I592V	I4T M63V S143T V226M R498K A543V	R384G	I65M K128V K143N R249K S306G R344K E381D T385K		L26I V27I	M12I V52M Y56H	D53N M79V T123I D125G T170A D209G P213L