

行政院農業委員會家畜衛生試驗所
105 年第一季禽流感病毒分析訊息

本季分析 2 株源自於屏東縣鹽埔鄉 105 年 1 月同為 H5N8 案例場的不同禽別病毒株:屏東/雞(m47)及屏東/鵝(m61)。各基因分析如下表;兩株的 HA 基因仍屬於 2.3.4.4 分群的新型 H5 高病原性家禽流行性感
冒病毒;兩病毒株的 8 片段基因核酸序列與疫情早期(104 年 1 月)病毒株比較,皆有 99.2%以上的相似度,顯示非新侵入株,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,病毒仍持續呈現多個胺基酸位點突變當中,顯示不同家禽宿主性的適應演化持續進行中。

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),兩病毒間基因相似度比較請參表 1。國內 104 年 1 月以來,TW/H5N8 G2 基因亞群病毒的發生案例多侷限於去(104)年 1~2 月台南及 104 年 12 月~105 年 1 月的屏東,顯示清除此基因亞群病毒需以屏東地區為標的重點。

(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 m47、m61 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 1 月 24 日,雞,屏東,病例編號 m47 (TW/H5N8 G2)

105 年 1 月 31 日,鵝,屏東,病例編號 m61 (TW/H5N8 G2)

表 1、核酸序列相似度(%)

	PB2	PB1	PA	HA	NP	NA	M	NS
a68 與 m47	99.5	99.6	99.4	99.5	99.7	99.4	99.7	99.7
a68 與 m61	99.6	99.4	99.4	99.7	99.6	99.7	99.8	99.2
m47 與 m61	99.7	99.7	99.5	99.9	99.7	99.4	99.7	99.3

表 2、胺基酸序列相似度（％）

	PB2	PB1	PA	HA	NP	NA	M1	M2	NEP	NS1
a68 與 m47	99.5	99.5	99.6	99.1	99.6	99.4	99.6	100	100	98.7
變異位	V91A R299K V613I K663R	I322V D377N V640I S654N	A159S R226H A475T	A99T T110A T204I S336N K506R	M105V I408V	W77L A190T T329A	A83S			T56K V84L T91N
a68 與 m61	99.6	99.3	99.9	99.5	99.8	99.6	100	100	100	97.8
變異位	V152I I411V K663R	I322V D377N D464N V640I S654N	A475T	A99T T204I S336N	I408V	H76R W77L				I68V V84L T91N V129I A155V