

台灣新型 H5N2、H5N8 禽流感病毒基因序列比對分析

資料來源：疾病管制署

農業委員會 104 年 1 月 23 日提供之台灣禽類新型 H5N2 及 H5N8 病毒基因序列，經疾病管制署送至該署「國家流感中心」進行比對後發現，其基因序列重要位點與韓國、日本、美國、加拿大、德國等國新近發現之 H5N8 禽流感病毒基因序列資料完全一致。比對結果說明如下：

1. PB2 基因：與病毒複製相關之 627 及 701 位點，其胺基酸均未改變，表示該病毒仍屬禽源性病毒，在哺乳類細胞內複製力不佳。
2. HA 基因：與高致病力相關切割點(HA1/HA2)，其序列為 LRE RRRKR GLF，屬高致病力禽流感病毒(HPAI)。
3. HA 基因：與病毒進入細胞相關之主要位點(226 及 228)，其胺基酸均未改變；但次要位點(138 及 160)已突變，可能有使病毒進入人類細胞之風險提高，但其作用較 226 及 228 位點為小。
4. NA 基因：與抗病毒藥物”克流感(Tamiflu)”抗藥性相關之位點(292)，其胺基酸未改變，對克流感治療仍屬有效”susceptible”。

結論：

國內所分離之 H5N2 及 H5N8 禽流感病毒與已證實可感染人類且致死率相當高之 H7N9 病毒相比，其風險性相對低很多(因 H7N9 病毒其 PB2 基因之 627 位點及 HA 基因之 226 位點均已突變，除容易進入人體細胞外，並適應於人體細胞內複製繁殖)。此也可由 H5N8 禽流感病毒在許多國家造成相當大的禽場疫情，但至今尚無人類被感染的報告可以佐證；然而病毒演化快速且往往無法預測，故需嚴密監控，以及早發現新變異病毒株的出現。