

候鸟迁徙与禽流感传播间的关系

赵一杨

(江苏农林职业技术学院, 江苏省句容市, 212400; 3277607532@qq.com)

摘 要: 本研究探讨了候鸟迁徙与禽流感传播之间的联系, 揭示了中国境内三条主要候鸟迁徙路线在禽流感传播中的关键作用。首先, 研究发现斑头雁等雁鸭类候鸟是 H5 亚型禽流感病毒的主要传染源, 这些候鸟在中国西部地区尤为集中。它们的迁徙路线主要经过新疆、西藏、青海等西北部省份, 迁徙期间在湖泊、沼泽等地带停歇, 这些习性增加了病毒传播的风险, 不仅限于候鸟之间, 也可能传染给家禽, 对人类生活和健康构成威胁。其次, 雀类作为中间宿主, 易受候鸟感染, 尤其是 H9 亚型禽流感病毒。这种病毒对鸡类家禽具有高致死性。雀类在城市中活动广泛, 与家禽和候鸟接触频繁, 它们对 H9 病毒有一定的免疫力, 能够携带并传播病毒给家禽, 而自身不受影响, 从而成为禽流感传播的重要媒介。最后, 研究指出气溶胶和粪便是最常见的禽流感传播途径。候鸟聚集产生的气溶胶和大量粪便, 为病毒提供了传播的绝佳条件。气溶胶中的病毒颗粒能在空气中传播很远, 而粪便中的病毒在自然环境下能保持活性, 这些因素共同促进了禽流感的传播。候鸟的混居和聚集习性, 使得一个栖息地可能有成千上万种不同种类的候鸟, 为禽流感的广泛传播提供了机会。综上所述, 候鸟迁徙与禽流感的传播密切相关, 特别是在中国境内的东中西三条迁徙路线上, 候鸟的迁徙行为、生活习性和聚集特点为禽流感的传播提供了便利, 这对公共卫生安全构成了潜在威胁, 需要引起足够的重视和采取相应的防控措施。

关键词: 候鸟迁徙; 禽流感病毒; 迁徙路线; 栖息地; 病毒感染

引言

禽流感 (Avianinfluenza, AI) 属于正粘病毒科 α 流感病毒, 属其基因组由八个单股复链 RNA 片段组成, 至少编码 12 种蛋白。基于病毒的两种表面糖蛋白, 血凝素和神经氨酸酶抗原性不同, 将 AI 划分为 16 种 HA 和 9 种 NA 亚型。根据病毒致病性差异, 将 AIV 分为高致病性禽流感病毒和低致病性禽流感病毒。是引起禽类的一种急性 and 高度接触性传染病, 几乎所有的野生禽类都可感染不同类型的禽流感病毒[1,2]。禽流感病毒可通过直接接触: 粪便、尸体、水源、被污染的食物和气溶胶进行传播, 感染禽群后能引发大规模禽流感疫情。因候鸟具备携带禽流感病毒进行跨洲际、跨地区传播的能力, 并且候鸟有群居的习性, 候鸟与候鸟之间的迁徙路线有重叠和交叉的部分就更加剧了候鸟与候鸟之间乃至候鸟与留鸟、家禽之间的禽流感病毒的感染与传播。这会对候鸟的生存和繁衍带来不小的影响和挑战。如 2005 年青海地区斑头雁、赤麻鸭、棕头鸥大规模感染 H5N1 禽流感病毒导致死亡。目前国内相关研究多为统计被感染候鸟的种类、数量以及感染何种病毒与检测方法。鲜少有溯源感染源及相关性研究。因此本文通过溯源国内 3 条候鸟迁徙路线上常见的候鸟感染源并且对被感染候鸟、感染源、传播方式、所感染的禽流感病毒种类以及感染发生地进行一定的相关性研究。本研究为研究禽流感与候鸟迁徙的相关性提供了佐证, 为保护禽类, 候鸟提供了理论基础。

1 我国候鸟的迁徙路线

如图 1 所示, 我国一共有以下三条候鸟迁徙路线。第一条是西太平洋的迁徙路线, 主要经过我国东北、华北部分省份以及东部沿海省份 (黑龙江、吉林、辽宁、北京、天津、河北、山东、江苏、浙江、福建、上海、台湾、广东、香港、澳门、海南、广西壮族自治区) 是唯一一条春秋两季都有候鸟迁徙的路线, 且感染案例数量同样为三条迁徙路线之首。第二条是东亚澳洲的迁徙路线, 主要经过我国中部省份 (内蒙古部分地区、山西、

河南、安徽、湖北、湖南、江西）。最后一条是中亚、印度的迁徙路线，也被称为“西部候鸟迁徙路线”。它包括的省份有（新疆、西藏、宁夏、青海、甘肃、陕西、云南、四川、重庆、贵州）[3]。



图 1 中国候鸟主要迁徙路线图

2 相关性分析

2.1 雁鸭类候鸟

雁鸭类候鸟的迁徙路线主要是我国西部候鸟迁徙路线，该路线起源于中亚地区和蒙古国。首先迁入到我国新疆和西藏，随后一路向下来到青海省、甘肃省和宁夏省，最后才进入到云贵高原境内，只有一小部分以大雁为主的候鸟会在经过完青海省后分支进入东南沿海地区，数量不多且不主要传染 H5 禽流感病毒。又因我国西北地区地广人稀，候鸟栖息地资源较为丰富，能接触到的其他候鸟种类较多。在 2006 年，青海省果洛藏族自治州和西藏那曲地区发生了一起严重的禽流感疫情，大量斑头雁和赤麻鸭因摄入含有 H5N1 禽流感病毒的食物而死亡[4]。同年，青海玉树州玉树县的湿地也出现了斑头雁因感染 H5N1 高致病性禽流感病毒而死亡的事件[5]。调查显示，这些候鸟是通过接触携带病毒的天鹅和野鸭，吸入了含有病毒的气溶胶而感染。以斑头雁为代表的雁鸭类候鸟，通常在高原湖泊繁殖，偏好咸水湖，也会选择淡水湖和开阔的沼泽地带。它们在低地湖泊、河流和沼泽地越冬，秋季迁徙和越冬期间，常在收割后的农田觅食散落的谷物。这些候鸟多在清晨和黄昏觅食，白天则在河湖岸边沙滩或湖心沙洲和小岛上休息或游泳。它们经常在居民区附近活动，甚至与家禽混群，这增加了禽流感的感染和传播风险。H5 禽流感病毒主要感染野生鸭、雁、鹅等鸟类。雁鸭类候鸟的迁徙规律与 H5 亚型北美源禽流感病毒传入东亚地区的动态高度一致，表明这些候鸟的迁徙活动与病毒跨洲际传播至东亚地区密切相关。全基因序列测定和分析显示，病毒的分节裂解位点序列为 PAISNRG，表明其为致病性禽流感病毒。HA、PB2、PB1、PA 基因来源于野鸭类，说明野鸭类能够感染多种禽流感病毒并进行传播。目前，所有亚型的禽流感病毒（H1~H6，N1~N9）均能在野鸭中分离得到[6]。2014 年 12 月至 2015 年 1 月，宁夏地区的禽流感调查显示，野生大天鹅感染了 H5N1 高致病性禽流感病毒并死亡，感染途径为接触雁鸭类候鸟的粪便和气溶胶[7]。2022 年 7 月初，青海湖国家级自然保护区周边的湿地也发生了以斑头雁为主的候鸟死亡事件，经调查确认，这些候鸟因吸入天鹅和野鸭类候鸟的气溶胶而感染 H5N1 高致病性禽流感病毒[8]。

因此，相较于其他候鸟，雁、鸭、鹅类候鸟似乎更易感染 H5 亚型的禽流感。图 2 通过对雁鸭类候鸟感染禽流感的案例进行整理，并结合对其迁徙路线和活动范围的分析，可以得出我国西北地区是雁鸭类候鸟的主要栖息地，同时也是 H5 禽流感传播的重要区域。尽管其他地区也有雁鸭类感染禽流感病毒报道，但病例数量远不及西北地区，且多数涉及的是人工养殖或当地常驻品种。这些案例中的鸟类通常是作为被传染者，而不一定是 H5 禽流感的唯一传播源。

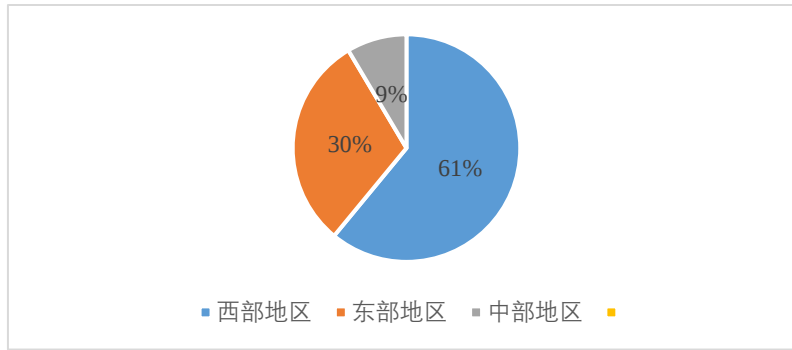


图2 雁鸭类候鸟感染 H5 禽流感病毒的数量

2.2 雀类

图3展示了雀类与其它鸟类感染禽流感病毒的区别。H9亚型禽流感病毒的特点是主要感染并导致家禽，尤其是鸡类死亡，并且该病毒主要在家禽与城市留鸟之间传播。雀类由于其广泛的活动范围，常在城郊交界地带栖息，能够与候鸟、留鸟及家禽接触，因此成为H9亚型禽流感病毒的主要感染者和传播者[9]。数据分析显示，雀类留鸟在城郊地区感染或传播禽流感的频率高于自然保护区的频率[10]。2005年，河南省的麻雀体内检测出了H9N2高致病性禽流感病毒[11]。2006年，吉林省花鸟市场的禽流感调查中发现，大量雀类感染了H9禽流感病毒，包括麻雀、云雀和黄雀[2]。同年，香港铜锣湾礼顿道29号的人行道上也发现了因感染H9禽流感病毒而死亡的麻雀[12]。2004年至2005年间，辽宁省黑山县、台湾金门西门和河南省均有报告称喜鹊、麻雀和红面鸭感染了H9N2禽流感病毒[11,13,14]。大多数雀类，尤其是麻雀，通常栖息和生活在城市环境中，与家禽的接触更为频繁。它们喜欢在城市中的湿地、水塘、稻田、绿化灌木丛等地觅食和梳洗羽毛。这些地方也是候鸟喜爱的栖息地之一，为雀类留鸟与候鸟的接触提供了机会。当这些留鸟因接触候鸟而感染禽流感后，它们可能会将病毒携带到城市的其他地方，通过气溶胶或粪便进一步传播给家禽或人类[15,16]。

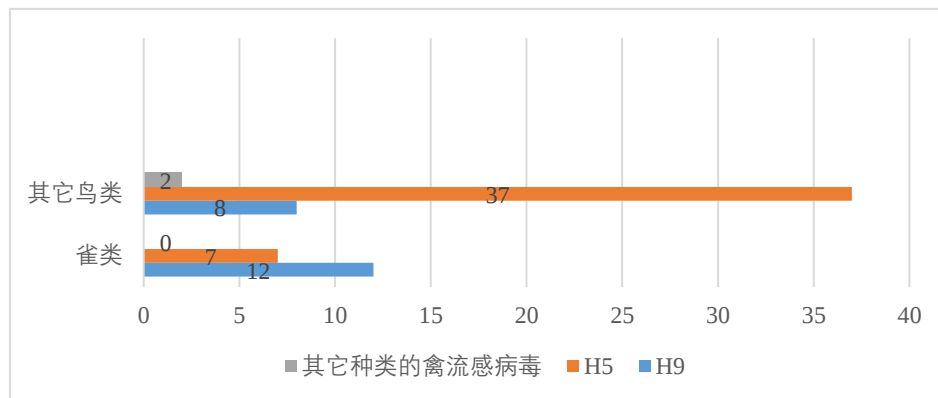


图3 雀类与其它鸟类感染禽流感病毒的区别

3 传播方式分析

鸟类的密集聚集区域，尤其是种类繁多的地方，会产生更高浓度和厚度的气溶胶。这样的环境增加了鸟类通过吸入气溶胶感染禽流感的频率。本文提供的数据显示，气溶胶感染事件多发生在吉林市花鸟市场、黄河湿地、三门峡湿地、青海玉树州玉树县湿地、上海多个湿地保护区以及青海湖国家级自然保护区周边湿地等地[17-19]。这些地方都是鸟类密集区域或候鸟迁徙的重要集散地和中转站，拥有大量的鸟类种群和丰富的种类。在这些区域，鸟类密集导致气溶胶更密更厚，传播距离和时间缩短，如果气溶胶中含有禽流感病毒，就会成为一种快速且广泛的传播方式。自2004年以来，我国记录的野禽禽流感感染案例中，因气溶胶和粪便导致的感

染案例有 41 例，占总数的 60%，且大多发生在候鸟密集或种类丰富的自然保护区、栖息地和湿地。气溶胶作为微小的颗粒分布在空气中，传播距离远，可达数十甚至数百米，通过呼吸即可传播。禽流感病毒在自然条件下存在于粪便中，受到有机物的保护，具有较强的抵抗力，且对低温也有较强的抵抗力。因此，即使是干燥的粪便，候鸟接触后也可能传播禽流感。候鸟栖息地通常有数百种不同的候鸟栖息，它们之间的接触密切，加上鸟类作为直肠动物，排便量大且分散，为禽流感的传播提供了有利条件。禽流感传播方式数量对比，见图 4：

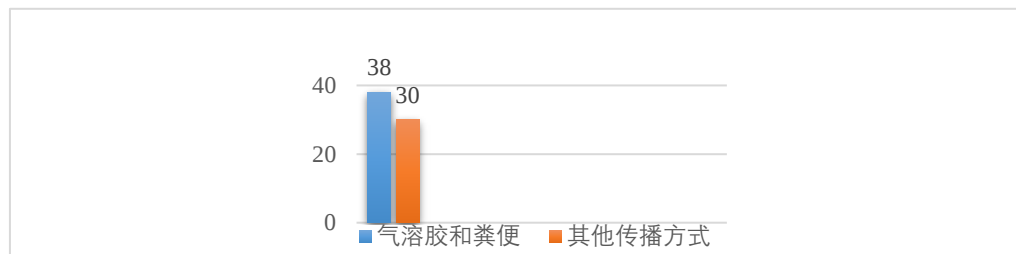


图 4 禽流感传播方式数量对比

4 结论

综上所述，我国候鸟迁徙路线共有东、中、西三条。东部路线是西太平洋的迁徙路线，主要经过我国东北、华北部分省份以及东部沿海省份。中部路线是东亚澳洲的迁徙路线，主要经过我国中部多个省份。西部路线是中亚、印度的迁徙路线，也被称为“西部候鸟迁徙路线”。而每一种候鸟每年的迁徙路线和迁徙时间是固定的，迁徙时间集中在春秋两季。不同的候鸟的 RNA 与不同禽流感病毒也有着一定的感染偏向性。因此迁徙路线和候鸟种类等诸多因素确实与禽流感的传播有着密切的联系。不同种类的鸟类与某些特定类型病毒的感染与传播有着密切联系。这其中雁鸭类候鸟的迁徙规律与 H5 亚型北美源禽流感病毒传入东亚地区的动态高度一致，表明这些候鸟的迁徙活动与病毒跨洲际传播至东亚地区密切相关。事实也证明雁鸭类候鸟是 H5 禽流感病毒主要的感染与传播对象。而雁鸭类候鸟喜欢在高原湖泊繁殖，偏好咸水湖，会选择淡水湖和开阔的沼泽地带栖息。它们会在低地湖泊、河流和沼泽地越冬，秋季迁徙和越冬期间，觅食农田散落的谷物。经常在居民区附近活动，甚至与家禽混群的生活习性大大增加了 H5 禽流感病毒的传播范围和鸟类种类。同样，雀类由于其广泛的活动范围，常在城郊交界地带栖息，能够与候鸟、留鸟及家禽接触，因此成为主要感染鸡类的 H9 亚型禽流感病毒的主要感染者和传播者。气溶胶作为微小的颗粒分布在空气中，传播距离远，可达数十甚至数百米，通过呼吸即可传播。禽流感病毒在自然条件下存在于粪便中，受到有机物的保护，具有较强的抵抗力，且对低温也有较强的抵抗力。所以气溶胶和粪便就成为了各类禽流感病毒强有力的传播方式，而各类有着感染偏向性的候鸟也在此种传播方式的加持下成为了各类禽流感病毒的传播与感染源。最后希望未来可以加强对特定种类的候鸟与禽流感病毒进行针对性防控，守护禽类乃至人类生命安全和健康。

参考文献

[1] 周婉婷, 彭程, 蒋文明, 等. 影响 H9N2 亚型禽流感病毒生物学特性的关键氨基酸位点分析 [J]. 中国动物检疫, 2024, 41 (8): 20-27

[2] 柴秀丽, 闫喜军, 邵西群, 等. 2006 年吉林地区野生鸟类禽流感病毒流行病学监测 [J]. 特种经济动植物, 2007, 10 (12): 19-19

[3] 麻守仕. 阳关保护区渥洼池湿地在西部候鸟迁徙路线上的重要性分析 [J]. 甘肃林业, 2022 (3): 36-38

[4] 青海果洛和西藏那曲发现候鸟感染禽流感 [J]. 动物保健, 2006 (6): 57-57

[5] 张继荣, 赵德龙, 尹祚华, 等. H5N1 高致病性禽流感病毒的危害及生态问题 [J]. 动物学杂志, 2007, 42 (6): 152-156

[6] 高晓龙, 范胜涛, 李胜楠, 等. 中国首株 H13N6 亚型禽流感病毒遗传进化分析及致病性和传播性评估 [J]. 中国预防兽医学报, 2015, 37 (3): 172-176

- [7] 王玉龙, 柴洪亮, 付恬. 宁夏地区野生鸭类携带 H5N6 亚型 AIV 况监测及其对小鼠致病力研究. [J] 林业科学, 2017, (3): 120-126
- [8] 张立成, 游潇倩, 赵旭日. 2022 年青海湖野鸟禽流感疫情监测及分析 [J]. 青海畜牧兽医杂志, 2023, 53 (3): 33-36
- [9] 王慧强, 李志军, 罗伏兵, 等. 2021 年全球高致病性禽流感疫情分析 [J]. 中国畜牧业, 2023 (2): 24-27
- [10] 阮向东. 麻雀生态学研究进展 [J]. 动物学杂志, 1989, 24 (6): 44-48
- [11] 王玉龙, 华育平. 禽流感病毒在野鸟种群中的分布特点 [J]. 林业科学, 2009, 45 (3): 128-133
- [12] 香港证实闹市鸟类尸体带禽流感病毒 [J]. 兽医导刊, 2007 (1): 68-68
- [13] 白杉. 候鸟导致全球禽流感危机 [J]. 山西农业 (农业科技版), 2006 (1): 27-29
- [14] 台湾发现首宗禽流感 [J]. 中国养鸡, 2004 (1): 9-9
- [15] 闫亮亮, 王博宇, 于方, 等. 翠湖国家城市湿地公园鸟类环志研究 [J]. 湿地科学与管理, 2021, 17 (2): 27-30
- [16] 吴婷, 陆伟东. 穿梭在江南的天空精灵 [J]. 现代苏州, 2015, 0 (8): 72-78
- [17] 贾茹, 高如意, 茹文东, 等. 东亚地区大天鹅迁徙在 H5N2 禽流感病毒重组和传播中的潜在作用 [J]. 陆地生态系统与保护学报, 2022, 2 (1): 43-49
- [18] 刘砚涵, 吕桂霞, 蒋康富, 等. 山东省首起野生天鹅 H5N8 高致病性禽流感疫情的紧急调查及处置 [J]. 中国动物检疫, 2021, 38 (4): 1-5
- [19] 孙泉云, 王天厚, 刘佩红, 等. 上海地区野鸟中禽流感的流行病学监测 [J]. 动物医学进展, 2007, 28 (6): 19-23