

鸟类禽流感与野鸟保护

吴艳云^① 何宏轩^②

① 硕士生, 中国科学院动物研究所国家野生动物疫病研究中心, 北京 100101; 河南科技学院动物科技学院, 河南新乡 453003

② 教授, 中国科学院动物研究所国家野生动物疫病研究中心, 北京 100101

关键词 野鸟 禽流感 保护

野生鸟类是宝贵的自然资源, 一方面由于其活动范围广, 特别是候鸟还具有定期长距离迁飞的习性, 既存在受禽流感病毒侵染致病的可能, 也存在传播禽流感的潜在隐患。只有把病原生态学、流行病学、遗传学以及进化规律综合起来研究与宿主环境生态学之间的关系, 才能更清楚的了解禽流感病毒的传播机制。另一方面由于自然因素以及人类不合理的开发利用活动的影响, 使野生鸟类资源面临许多生态问题, 并由此提出了相应的保护对策。

禽流感 (Avian influenza AI) 是由正黏病毒科 A 型流感病毒 (Avian influenza virus type A) 引起的禽类一种严重传染病, 被国际兽医局 (OIE) 列为 A 类传染病。该病毒是由 8 个基因片段组成, 编码 11 种蛋白。流感病毒粒子表面两种蛋白即血凝素和神经氨酸酶, 这两种蛋白是禽流感病毒亚型的分类依据^[1]。在野生鸟类和家禽中分离到的血凝素有 16 种亚型, 神经氨酸酶有 9 种亚型。

1 候鸟是低致病性禽流感病毒的自然宿主

1961 年, 在南非从普通燕鸥中分离到高致病性禽流感病毒 H5N3 亚型^[2], 这是第一次报道野生鸟类发生流感情。但直到 20 世纪 70 年代中期才在野鸟中开展禽流感的流行病学调查工作。尽管在隶属于 50 目中的 12 目 90 种野鸟中分离到禽流感病毒^[3], 但是在野生水禽中禽流感病毒的分离数量、流行亚型种类要远远高于其他物种, 比如在雁行目分离率要比其他鸟类要高。1988 年, Stalknecht 和 Shane 调查来自所有种类的 21 318 份野鸟样品分离出 2 317 份阳性样品, 分离率达 10.9%。在这些样品中有 14 303 份来自雁行目, 分离到 2 173 份阳性样品, 分离率达到 15.2%, 雀行目和鸻行目的最高分离率分别可达到 2.9% 和 2.2%。每年水禽在迁徙之前总是在湖边聚居成群, Hinshaw^[4] 等对聚居在艾伯特湖的鸭类追踪 3 年的调查研究发现, 加拿大在青年鸭中的分离率超过 6%。

在鸟类, 高致病性禽流感病毒主要集中在它们排放的粪便中。已经证明禽流感病毒在 22℃ 的湖水中能够

存活 4 d 在 0℃ 能存活 30 d 以上^[5]。所以水环境中的鸟类禽流感的暴发流行主要是通过粪便排放到水体中, 通过水体来传播的。

2 鸟类在传播高致病性禽流感 H5N1 中的可能作用

尽管世界各地不断报道有高致病性禽流感 (H5N1) 的暴发, 但是究其原因可能主要有以下两个方面: ① 半球之间的迁徙; ② 鸟类进出口贸易。

2.1 半球之间的迁徙

随着季节的改变, 迁徙是候鸟占有生活地的一种途径。而且迁徙的范围非常之大, 它们可以从一个小的聚居地迁徙到大陆间 (图 1)。病毒的传播与区域分布同宿主迁徙的生态行为相关联。候鸟迁徙中停下来歇息采食以便为下一步的迁徙蓄积力量。更多种类的鸟停下来是为寻找更适宜居住或越冬的地方, 结果造成大批的鸟类聚集。像这样的地方就为野生鸟类和家禽以及不同种群之间暴发低致病禽流感创造了条件。

一些种类的鸟不是按照一定规律的路线在东西两半球之间进行迁徙, 然而, 另一些种类的鸟如雁行目、鸻行目、鹳形目确实是按照此路线迁徙的, 那么这些种类的鸟可能是传播高致病性禽流感的中间宿主 (如表 1)。每年有少数水禽种类按照三条路径在东西半球之间进行迁徙, 这三条路径分别为: ① 阿拉斯加—东亚, 鸟类在阿拉斯加繁殖, 在东亚越冬; ② 东亚—北美, 鸟类在东南亚繁殖, 在北美海岸越冬。③ 欧洲—大西洋、北美, 鸟类在冰岛或者是欧洲西北部繁殖, 在北美的大西洋海岸越

冬。其中有两个迁徙路线不支持高致病性禽流感病毒 H5N1 亚型是随着迁徙进入西半球这一观点。首先,有数据已经证明绝大部分迁徙的受感染的病重候鸟因不能迁徙很远或者在感染区域内死亡。再次,通过对禽流感病毒基因调查,发现很少有东西两半球禽流感病毒基因发生自然交换,而且每个半球的禽流感病毒的特征是有很大不同^[1],这种事实是值得关注的。在每个半球中 A 型流感病毒独特的性质主要是由携带这些病毒的候鸟产生。

表 1 雁行目、鸽行目、鸻形目的鸟类从欧亚大陆到美洲大陆可能传播禽流感的途径

种类	可能的传播途径
斗雁	迁徙
疣鼻天鹅	迁徙
罗纹鸭	迁徙、外来鸟类贸易
赤颈鸭	迁徙、外来鸟类贸易
绿头鸭	家禽贸易
白眉鸭	迁徙、外来鸟类贸易
绿翅鸭	迁徙
红头潜鸭	迁徙
风头潜鸭	迁徙
白秋沙鸭	迁徙
原鸡	家禽贸易
七彩山鸡	外来鸟类贸易
鹌鹑	家禽贸易
野火鸡	家禽贸易
红脸鸬鹚	迁徙
黑头鹭	漂泊
小白鹭	漂泊
牛背鹭	漂泊
红隼	漂泊
风头麦鸡	迁徙
蒙古沙鸨	迁徙
长嘴剑鸻	迁徙
小嘴鸻	迁徙
鹤鹑	迁徙
林鹑	迁徙
宽嘴鹑	迁徙
云石膝鹑	迁徙
红胸滨鹑	迁徙
小滨鹑	漂泊
尖尾滨鹑	迁徙
流苏鹑	迁徙
小鸥	迁徙
棕头鸥	迁徙
黑尾鸥	漂泊
黄脚银鸥	漂泊
灰背鸥	迁徙
普通雁鸥	漂泊
原鸽	外来鸟类贸易
山斑鸠	外来鸟类贸易
鹁鹑	外来鸟类贸易

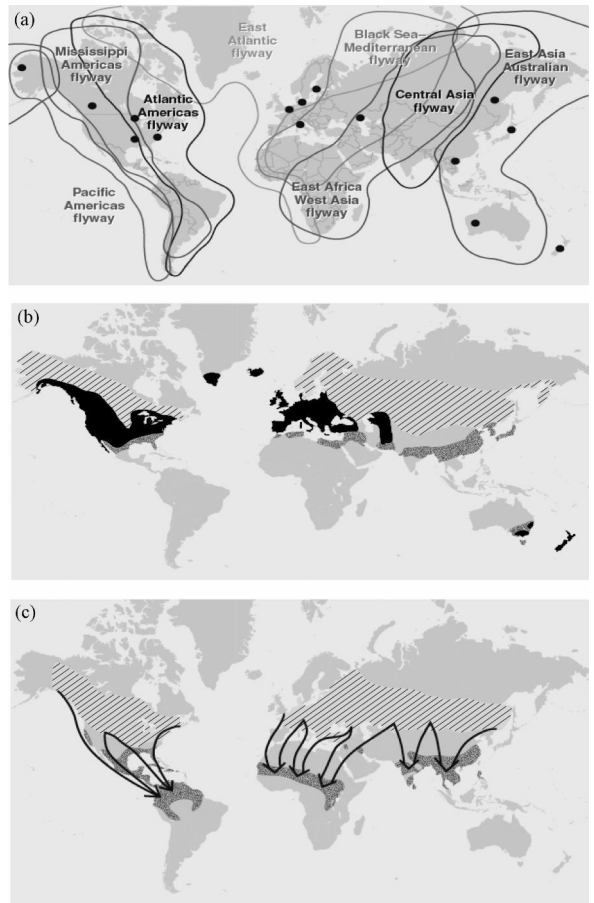


图 1 (a)图为在世界地图上显示候鸟主要的迁徙路线,图上的黑点表示历史上和当前禽流感疫情暴发地点。(b)图中斑马线区域表示候鸟的繁殖区域但是在冬天离开,深黑色区域表示一些种类的候鸟一年四季赖以生存的区域,杂碎色区域表示候鸟仅仅过冬而不繁殖。(c)图中箭头表示候鸟随着季节而迁徙的路线。(以上三张图摘自 Global Patterns of Influenza A Virus in Wild Birds)

2.2 鸟类资源的进出口贸易

人们做鸟类和鸟类产品交易是传播高致病性禽流感 H5N1 亚型病毒唯一有证据的事实^[6],特别是在没有感染的鸟类及鸟类产品做交易时,候鸟则成为传播禽流感而被怀疑的对象。如果西半球不存在高致病性禽流感病毒,那么控制进口交易则是有效预防高致病性禽流感的有效措施。

如果鸟类不是传播西半球高致病性禽流感 H5N1 亚型的罪魁祸首的话,不合法的带毒感染的鸟类和鸟类产品进口贸易很有可能就是传播禽流感的途径。根据这个结论可以推断带毒鸟类通过鸟类贸易进入到未污

染区,那么当与其他的鸟类共同进食、饮水时就有可能造成病毒的传播流行。

3 禽流感病毒在几种野生鸟类中的分布情况

3.1 野鸭中禽流感病毒的分布状况

除了 H13~H16亚型以外几乎所有的 HA 和 NA 亚型在北美和北欧的野鸭中都暴发过。加拿大科研人员在 26 年的研究中发现, H3, H4 和 H6 禽流感病毒亚型是经常从鸭体中分离到; H1, H2, H7, H10 和 H11 较少分离到, H5, H8, H9 和 H12 很难分离到。虽然在北美和北欧 H3, H4 和 H6 亚型是经常分离到的, 但是禽流感病毒的其他亚型分离到的较少。因此, 禽流感的暴发和特殊亚型的分离或许与品种、时间和地点有关^[7,8]。

日本在 20 世纪 70 年代后期开始对鸭流感进行监测, 发现本病的流行和隔绝的亚型在时间和地点上均发生了变化。在非洲其他地区野生鸟类中禽流感的流行还从未报道, 但是近几年对活禽市场的研究表明, 多数的 HA 和 NA 亚型在禽类都已经检测到了。低致病性禽流感病毒亚型在畜禽中循环, 偶尔在野生鸟类也暴发, 但是它们之间的关系还没有直接建立起来。

钻水鸭是鸭属的一种, 而绿头鸭则是研究最多的一类, 发现此类鸟流感的暴发率比其他鸟类要高, 包括林鸳鸯在内发现流感病毒在它们身上的暴发流行, 区别在于很有可能是和鸭的行为紧密联系在一起。钻水鸭主要捕食水面上的食物; 林鸳鸯主要捕食海底的生物。钻水鸭是来回迁徙的, 由于伙伴的选择不同就为流感病毒的传播提供了机会。低致病性禽流感病毒传染一般不导致钻水鸭的临床症状反应, 传染性试验表明动物只会产生瞬间、低级体液免疫反应, 但是可以为同种病毒的感染提供充足的免疫保护效力。不同的流感病毒亚型也能够感染野鸭, 这就为基因的混合提供机会。

流感病毒在东西半球间潜在的传播途径是为人们所知道的。北部和南部的鸭类之间有一点相同性, 多种野生鸟类在繁殖区域会呆上一年。蓝色翼小野鸭 (*Anas discors*) 是北美几个少数品种之一, 包括南美洲在内它是一种冬天分布的, 在南美有其他几种野鸭是禽流感病毒的天然宿主, 但是这个检测结果是不可靠的。39 种鸭类中只有 6 类在欧亚大陆冬天繁殖, 一小部分在非洲的撒哈拉沙漠过冬, 如白眉鸭和北长尾鳧, 每年在非洲越冬的鸟类超出了 100 万只。在南非, 有不到 22 个鸭科类的鸟在撒哈拉沙漠之外的区域度过它们的非繁殖时间。

另外几个种类的野鸟则大批的移居到非洲^[9]。非洲西部靠近塞内加尔和尼日尔河、尼日利亚和马里的尼日尔河漫滩、乍得湖, 这些则为欧洲大陆和非洲的野鸭混合的区域^[10]。禽流感病毒在非洲鸭群中可能是通过迁徙来连接欧亚大陆的。大洋洲是野鸭类的主要常驻地, 它们不随季节转变而迁徙。

3.2 鸥类和燕鸥类中禽流感病毒的分布状况

从鸥类体内经常分离到的高致病性禽流感病毒亚型是 H13 而这种 H13 亚型在其他的野生鸟类中是很难分离到。最近, 一种新型的病毒亚型 H16 同时 H13 亚型在瑞典的斑头雁被分离到了。这些 H13~H16 病毒亚型基因是和其他宿主中的禽流感病毒的起源是截然不同的, 这表明这些基因由于长时间没有和其他亚型的基因混合暴发而被孤立起来了。试验证明鸥类禽流感病毒是不感染鸭类的。尽管其他的禽流感病毒亚型在燕鸥和鸥类也偶尔被分离到, 但是其他鸟类中的禽流感病毒宿主很有可能不是地方性的鸥类和燕鸥类, 这一点是不清楚的。

大多数鸥类在聚居地繁殖的时候成年和幼年在一个小的空间里生存, 这就为禽流感的传播创造了一个有利的条件。这种形式和水中的鸭子在密集的地区不繁殖形成一个对比, 大多数的流行性疾病多在鸟类大规模聚居、换毛、迁徙、越冬时间更易暴发。

3.3 涉禽类中禽流感病毒的分布状况

人们长期从事禽流感病毒的监测工作仍然是较少的, 但是从北美的数据显示出特定禽流感病毒亚型在这些鸟类中的存活时间。禽流感病毒 H1~H12 亚型在美国西部地区的候鸟中已经分离出来了。A 亚型具有很高的暴发率 (H1, H2, H5, H9~H12), 在加拿大 HA/NA 结合在一起就有很大的不同, 表明涉禽类能感染很多的病毒亚型。而且, 在涉禽类禽流感伴随着季节的变化而发生大规模的流行, 这一点好像和鸭类的流行季节是相反的。在春季候鸟流行率高达 14%^[11], 导致湿地鸟类不同家族高致病性禽流感病毒的暴发流行, 这或许与鸭类携带禽流感病毒到北部的春天繁殖有关。最近的基因分析还没有证明在美洲不同的禽流感病毒亚型在鸭类和涉禽类之间传播, 但是证明那些病毒基因库是不可分割的^[12]。北美的数据已显示鸭类一涉禽类是两种非常接近的事物, 但是北欧的研究数据还没有证明两者的相似性。不过, 许多北半球的涉禽类是在大陆洲际间长距离迁徙的, 因此, 在全球禽流感病毒都有可能分布。

3.4 其他种类野鸟中禽流感病毒的分布情况

尽管在其他种类的鸟体内也分离到了高致病禽流感病毒,但是还不清楚这些种类的禽流感病毒是地方性的还是短暂的病原体。地方性的禽流感病毒亚种与其他经常被分离到的禽流感病毒亚种有同一个生活环境,包括水鹅、天鹅、海燕和鸬鹚。这些鸟类和其他鸟类相比,禽流感病毒的流行好像比其他水鸭的发生率要低,但是对这些种类的研究是受限制的,或许是由于季节或所处地域的影响对它们最高的流行季节的研究已经错过了。

鸭类、鸥类、涉禽类作为宿主,它们的行为进化或许起一种重要的决定性作用。例如,鹅主要是食草的,在非繁殖季节经常以放牧的形式聚集在草原或农田里。如此类似的情况,在最佳的繁殖季节成千上万的鸟包含有几个不同种类的鸟混在一起。野鹅和野鸭是今天家鹅和家鸭的祖先,野鹅、野鸭或许会在野禽和家禽之间形成一个传播禽流感病毒的桥梁。

4 野生鸟类中禽流感病毒的遗传变异

禽流感病毒在它的天然宿主里进化是很缓慢的,但是这一点也不是可以忽略的。或许是因为生态学和地域宿主分布的影响,禽流感病毒被分为欧亚和美洲两大分支。然而,北美的鸟类和欧亚的鸟类不是完全隔开的。一些鸭类和海鸟通过白令海峡在迁徙过程中在俄罗斯远东地区和美洲西北部繁殖。在东南亚和澳大利亚,一些种类的鸟通过美洲西海岸,所以鸭的分布不具有深远意义。但是一些种类的鸟(例如:北方的针尾鸭)在北美和欧亚大陆是作为一种大陆洲际间禽流感传播的一种媒介。

在每一个基因系统内部,病毒基因亚种重排,在时空上没有相关性,而且,从美洲鸭类和涉禽类分离到的禽流感病毒表明在这些宿主中是相互协同影响的。尽管在北美报道某一种 HA 亚型在涉禽类或者在鸭类中更易流行,但是从这两个宿主库没有显示出不同^[13-14]。

禽流感病毒基因片断自然的进化靠着基因重排,例如两个或更多的禽流感基因混合在一起。从加拿大的鸭中分离到 35 种禽流感病毒表明禽流感病毒的基因分支不是连续的而是经常和其他病毒发生重排的^[15]。特殊的禽流感病毒亚型在同一年或同一个宿主种类中都有可能不是由同一基因组成。一些野生鸟类禽流感的大流行或者是零星的发病表明自然界中的病毒是可以发生重排的。在野生鸟类宿主中频繁重排和高致病禽

流感病毒的进化则是一件很有趣的事情。

5 野生鸟类中高致病性禽流感 H5N1 病毒亚型

1997 年,在香港农场和活禽交易市场暴发了高致病性 H5N1 疫情,同时发生了人感染 H5N1 病毒而死亡的事件,这是首次报道人可以直接感染该病毒。2002 年,高致病性 H5N1 病毒在香港的水禽中再次被分离到,同时在捕获的野生鸟类中也分离到了^[16]。2003 年在东南亚的大部分农场中又暴发该疫情。2005 年在青海湖的候鸟中暴发,这次疫情引起了大批的候鸟死亡,其中斑头雁的死亡率最高,使斑头雁的数量在这一地区减少了 10%,显示出了野生鸟类是易受攻击的。因此,该病毒现在已经波及到亚洲、欧洲、中东和非洲的几个国家,在这几个国家均有野生鸟类死亡报道。在欧洲,特别是对疣鼻天鹅和大天鹅影响较大,但是在其他的水禽种类中也有死亡报道,例如猛禽类、鸥类、苍鹭。截止到 2006 年 4 月,起源于东南亚家禽的高致病性禽流感 H5N1 亚型病毒已经造成大于 60% 的野生鸟类发生死亡。H5N1 病毒除了对家禽造成毁灭性的打击以外,还感染了 175 个人,导致 95 人死亡。此外 H5N1 病毒还在猪、猫、老虎、美洲豹中分离到。

很有可能自从 1997 年 H5N1 病毒就在东南亚的家禽中持续不断的传播,并且发生不断的进化,从 1999 年以前的中国大陆的监测研究表明 H5N1 病毒已经成为家禽的一种传染病。病毒的多种基因是相互循环的。家禽贸易和被污染的原料很有可能是传播高致病性禽流感的主要方式。对于 H5N1 病毒来说,水禽,特殊农业生产,农业生态环境对于禽流感的暴发传播起着重要的作用^[17]。尽管众多的鸟类受到感染了,但是鸟类在地域传播疾病方面是否存在积极的作用是值得怀疑的。受感染的鸟类由于受感染太严重而不能继续迁徙结果就不会传染禽流感,这一点是值得争辩的。最近的研究表明高致病性禽流感病毒或许对于鸭类来说是一种低致病性病原^[18],这在鸭类感染试验中已经得到证明了,然而对于鸡来说则保持着高致病性^[19]。欧洲目前的情况是,在几个国家出现已经发现野生鸟类感染禽流感病毒而家禽没有暴发,这证明野生鸟类确实是携带病毒而进入未感染的区域。尽管在欧洲有几个国家天鹅的死亡成为 H5N1 病毒出现的指示物,但是这不是简单的指示物,它们通过其他种类的候鸟而被感染的一种易感鸟类。

6 鸟类资源保护建议

我国是鸟类多样性最为丰富的国家之一,与巴西、印度尼西亚、秘鲁、哥伦比亚一起被称为鸟类资源的“世界五强”,中国鸟类不仅数量众多,而且种属多样,全世界9 000多种鸟类中,中国就有1 329种,将近1/8。世界上仅有两个国家的领土跨越两个动物地理界,一个是美洲的墨西哥,另一个就是亚洲的中国。许多珍贵的鸟类为我国所特有,如珍稀鹤类,全世界共15种,我国就有8种,占6%;美丽多姿的雉类,全世界有185种,我国就有50种,占27%;歌声婉转的画眉类,全世界有1 421种,我国就有334种,占24%。然而,近几年由于不和谐因素使我国鸟类数量正呈下降趋势,鉴于此,加强鸟类保护就显得十分重要和迫切。结合实际我们提出如下几点建议。

6.1 禁止滥捕乱猎

在鸟类濒危物种日益增加的今天,非法捕猎是鸟类减少的重要原因之一。打猎的目标就是野生动物,包括鸟类。而除了以枪猎鸟,一些不法分子还利用鸟类迁徙规律,在鸟类迁徙停歇地和栖息地肆意张网捕鸟、投药毒鸟;在集贸市场公开买卖各种珍稀鸟类,牟取暴利;一些宾馆、饭店擅自经营珍稀野禽,招徕生意。所以,在加强公众教育和提高全民保护鸟类意识的同时,还应加强对偷猎、捡拾鸟卵等行为的惩罚力度。

6.2 加大污染物的治理力度

随着工业的快速发展,污水的排放,由于生物的富集作用,有相当一部分污染物残留在水体中或被富集在水生动植物体内,如在流域内大量施用的高残毒农药、大量排放工业和生活污染物,特别是未经处理的废水,也将造成某些有害物质在鸟类体内的大量积聚,从而造成它们的慢性中毒死亡,或致使繁殖成功率的下降。所以,应提倡使用高效低残毒农药,并对工业和生活污水进行必要的净化处理,这样可减少农业、工业、生活排水对湿地的威胁,这些也是保护湿地水禽的有效途径^[20]。

6.3 保护鸟类食源

由于人类过度的捕捞,造成鱼类资源相对短缺。有人统计现在东洞庭湖区鱼类资源比1949年下降了63%。因此,许多野生鸟类因缺乏食物而大量死亡。所以,应制止滥捕,控制捕捞强度,合理安排捕捞生产,加强渔政管理。

6.4 加强野生鸟类栖息的保护,尤其是湿地鸟类栖息地的保护

树木减少、围湖造田、城市建设带来的栖息环境的改变,这些因素都和人为有关。猎杀给鸟类带来的灾难是可以遏制的,但城市建设的发展必然要影响到鸟类的自然栖息环境,又是难以避免的。烟囱拆了,小平房改建成高楼大厦了,鸟类少了很多安居之所。为了让鸟类与城市共同生存发展,我们应人为实施一些措施为鸟类建造安全舒适的家。为此,1989年起,北京市启动了3个招鸟工程,分别是位于香山卧佛寺的紅葉招鸟工程、位于颐和园的万寿山招鸟工程和圆明园招鸟工程。像如此的招鸟工程我们应加以推广。

在湿地,水禽受威胁的主要原因是其栖息地生境的破坏。由于湿地周边人口剧增,森林被大面积采伐及围垦,使得湿地旱季水源枯竭,雨季洪水泛滥。当湿地被农田和裸地取代后,接踵而至的是严重的土壤侵蚀,从而造成河流淤塞,湖水面积减少。围湖造田或挖沟排水造田,也使得湿地面积减少。由于鸟类栖息地的破坏,许多水禽已绝迹,或种群数量急剧减少。要保护好水禽,首先要保护好流域内现存的森林,禁止滥砍乱伐,大力开展植树造林,改变农民传统的广种薄收的观念及耕作方式,提高单位面积产量,禁止围湖造田等人为的经济活动是保护湿地生态系统最有效的手段。

7 结 论

近年来在欧亚大陆爆发的禽流感H5N1亚型已经证明我们对于一般的野生鸟类流感的知识存在欠缺。我们平时认为的野生鸟类携带的低致病性禽流感不能简单的推断为高致病性禽流感病毒。野生鸟类中禽流感病毒的检测对于高致病性H5N1亚型传入未感染区域提供一种“早期预警”信号,以及可能存在的风险。然而,我们也需要认清野生鸟类和家禽之间的关系,鸟类的数量,鸟类行为,年龄结构以及迁徙路线都有可能传播禽流感。我们还有待于进一步了解传播途径和H5N1在野生鸟类中致病机理,病毒—易感宿主之间的关系,病毒的排泄方式以及病毒在时间和空间上的流行情况。

由于当前我们对野鸟流感流行的认识有限,没有确凿的证据来证明野生鸟类在传播家禽流感所起的作用。甚至在有些地区,家禽发生大规模的禽流感而该地区的野生鸟类发病率极低,所以说野生鸟类在传播高致病性禽流感的作用是不明显的。H5N1亚型禽流感的暴发源自于家禽,这一点已经得到证明。然而,没有确凿的证

据来证明野生鸟类是高致病性禽流感暴发和传播的罪魁祸首。

目前我们应对于野生鸟类流感和家禽流感的监测工作加大力度,不仅增加对于高致病性禽流感的流行病学调查,而且还要了解低致病禽流感病毒暴发时空性。

由于鸟类对环境变化很敏感,可以对鸟类的种类和数量进行定期的统计,其结果作为评定该地区生态环境的一个重要指标。多开设一些有关鸟类的知识讲座、知识竞赛,加强宣传,让大家从识鸟,爱鸟到护鸟。

(2008年1月3日收到)

- 1 WEBSTER R G, BEAN W J, GORMAN O T, et al Evolution and ecology of influenza A viruses [J]. *Microbiological Reviews* 1992, 56 (1): 152-179.
- 2 BECKER W B. The isolation and classification of tem virus influenza virus A/tem/South Africa/1961 [J]. *Hygiene* 1966, 64: 309-320
- 3 STALKNECHT D E. Ecology and epidemiology of avian influenza viruses in wild bird populations [C] // *Proceedings of the Fourth International Symposium on Avian Influenza*, Athens, Georgia, USA in Animal Health Association, 1998 61-69
- 4 HINSHAW V S, WEBSTER R G, TURNER B. The perpetuation of orthomyxoviruses and paramyxoviruses in Canadian waterfowl [J]. *Can J Microbiol* 1980, 26: 622-629
- 5 WEBSTER R G, YAKHNO M, HINSHAW V S et al Intestinal influenza replication and characterization of influenza viruses in ducks [J]. *Virology* 1978, 84 (2): 268-278.
- 6 WEBSTER R G, PERLISM, CHEN H, et al H5N1 outbreaks and enzootic influenza [J]. *Emerg Infect Dis* 2006, 12: 3-8.
- 7 HANSON B A, STALKNECHT D E, SWAYNED E, et al Avian influenza viruses in Minnesota ducks during 1998-2000 [J]. *Avian diseases* 2003, 47: 867-871.
- 8 ROHANIP, EARN D JD, GRENFELL B T. Opposite patterns of synchrony in sympatric disease metapopulations [J]. *Science* 1999, 286 (5441): 968-971
- 9 SCOTT A D, ROSE P M. Atlas of Anatidae populations in Africa and Western Eurasia [M]. *Wetlands International Wageningen, Netherlands* 1996.
- 10 BROWN L H., URBAN E K, NEWMAN K. The birds of Africa [M]. London: Academic Press 1982
- 11 KRAUSS S, WALKER D, PRYOR S P, et al Influenza A viruses of migrating wild aquatic birds in North America [J]. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 2004, 4 (3): 177-189
- 12 SPACKMAN E, STALKNECHT D E, SLEMONS R D, et al Phylogenetic analyses of type A influenza genes in natural reservoir species in North America reveals genetic variation [J]. *Virus Research* 2005, 114 (1-2): 89-100
- 13 WALLENSTEN A, MUNSTER V J, ELMBERG J et al Multiple gene segment reassortment between Eurasian and American lineages of influenza A virus (H6N2) in Guillemot (*Uria aalge*)

- [J]. *Archives of Virology*, 2005, 150 (8): 1685-1692
- 14 OBENAUER J C, DENSON J, MEHTA P K, et al Large-scale sequence analysis of avian influenza isolates [J]. *Science* 2006, 311 (5767): 1576-1580
- 15 HATCHETTE T F, WALKER D, DENSON J C, et al Influenza A viruses in ferret Canadian ducks: extensive reassortment in nature [J]. *Journal of General Virology*, 2004, 85: 2327-2337.
- 16 ELLIS T M, BOUSFIELD R B, BISSETT L A, et al Investigation of outbreaks of highly pathogenic H5N1 avian influenza in waterfowl and wild birds in Hong Kong in late 2002 [J]. *Avian Pathology*, 2004, 33 (5): 492-505.
- 17 GILBERT M, CHAITAW EESUB P, PARAKARNAWONG S A T, et al Free-grazing ducks and highly pathogenic avian influenza Thailand [J]. *Emerging Infectious Diseases* 2006, 12 (2): 227-234.
- 18 OLSEN B, MUNSTER V J, WALLENSTEN A, et al Global Patterns of Influenza A Virus in Wild Birds [J]. *Science* 2006, 312: 384-388
- 19 STURM-RAMIREZ K M, HULSE-POST D J, GOVORKOVA E A, et al Are ducks contributing to the endemicity of highly pathogenic H5N1 influenza virus in Asia? [J]. *Journal of Virology* 2005, 79 (17): 11269-11279.
- 20 张军, 孟庆丰, 贾淑媛, 等. 内蒙古湿地鸟类资源及保护对策 [J]. *内蒙古林业调查设计*, 2001, 24(2): 45-47.

Wild Birds Influenza and Conservation

WU Yan-yun^①, HE Hong-xuan^②

① Graduate Student, National Research Center for Wildlife Borne Diseases, Institute of zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China; Department of Animal Science, Henan Institute of Science and Technology, Xinxing 453003 Henan, China;

② Professor, National Research Center for Wildlife Borne Diseases, Institute of zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China

Abstract The wild birds are the precious natural resource. On one hand because of broad action, especially the migratory birds has a habit of regular long distance flew. So the wild birds will exist the possible of infecting and transmitting avian influenza viruses. The ecology, epidemiology, genetics and evolution of pathogens can be integrated and researched the relation with the ecology of their hosts. We will be fully understood the prevalence mechanism. On the other hand because of the natural factors and not rational use, cause the wild birds resources faced with many ecology questions and from this proposed the corresponding protection countermeasure.

Key words wild birds, avian influenza, conservation

(责任编辑:樊均幼)