·疾病预防控制·

2022—2023 年长沙市病例涉疫活禽市场中 H3N8 禽流感病毒分子监测

张如胜[1],扶会媛[1],裴瑞青[1],黄政[1],罗璨[1],陈静芳[1],陈姗[1],陈腊梅[2]
1.长沙市疾病预防控制中心(长沙市卫生综合监督执法局),湖南 长沙 410007;
2.开福区疾病预防控制中心(开福区卫生综合监督执法局),湖南 长沙 410007

摘要:目的　分析湖南省首例人感染 H3N8 亚型禽流感病毒(avian influenza virus, AIV)(简称 H3N8 病毒)病例涉疫活禽市场中 H3N8 病毒污染状况及其分子进化特征，为禽流感疫情防控提供依据。**方法**　于 2022 年 4 月—2023 年 12 月(共 17 个月)对湖南省首例人感染 H3N8 病例的涉疫活禽市场进行 H3N8 病毒监测,采集家禽口咽 / 泄殖腔拭子、粪便、空气、污水、饮水、笼具涂抹物及其他物体表面涂抹样本共 837 份。采用 Real-Time PCR 技术检测样本中 H3N8 病毒核酸,对阳性样本进行高通量核苷酸测序,对获得的病毒血凝素(hemagglutinin, HA)和神经氨酸酶(neuraminidase, NA)基因序列进行 BLAST 分析,利用 BioEdit 和 Mega X 软件分别进行氨基酸序列比对及系统进化树构建。核酸检测结果统计学分析方法采用 Fisher 精确检验。**结果**　样本总体 H3N8 病毒核酸阳性率为 2.63% (22/837)。病例发生当月(2022 年 5 月)阳性率最高,为 18.37%,显著高于其他 16 个月份(χ^2=49.159, P<0.001)。6 类样本中检出病毒核酸,其中笼具涂抹样本阳性率最高，为 8.43%(χ^2=14.437, P=0.011)。测序获得 3 份来源于家禽饮水和鸡口咽 / 泄殖腔拭子样本的 H3N8 病毒,其 *HA*、*NA* 基因与人源株(A/China/CSKFQ-22-5/2022)核苷酸相似性最高(99.71 ~ 99.89%)。HA 蛋白裂解位点(第 340 ~ 348 位氨基酸)为 PEKQTRGLF,受体结合位点(第 242、244 位氨基酸)为 Q、G,呈现低致病性及禽类受体结合特征。NA 蛋白未发现神经氨酸酶抑制剂耐药位点(H273Y、R291K)突变。系统进化分析显示,3 株病毒的 *HA*、*NA* 基因均属欧亚分支,并与国内人、鸡及环境来源的 H3N8 病毒共同形成一个独立进化分支。**结论**　活禽市场 H3N8 病毒污染程度与人感染病例的发生存在一定相关性,应密切监测活禽市场中的 H3N8 病毒污染状况。

关键词:活禽市场;环境;禽流感病毒;H3N8 亚型;基因
中图分类号:R183.3　　**文献标志码**:A　　**文章编号**:1003-8507(2026)03-533-06
DOI:10.20043/j.cnki.MPM.202508170

Molecular surveillance of H3N8 avian influenza virus in live poultry markets associated with human cases in Changsha City, 2022—2023

ZHANG Ru-sheng*, FU Hui-yuan, PEI Rui-qing, HUANG Zheng, LUO Can, CHEN Jing-fang, CHEN Shan, CHEN La-mei
Changsha Center for Disease Control and Prevention (Changsha Municipal Health Comprehensive Supervision and Law Enforcement Bureau), Changsha, Hunan 410007, China

Abstract: Objective To characterize H3N8 virus contamination and molecular evolution in poultry and environmental samples from the live poultry markets associated with Hunan Province's first human H3N8 avian influenza virus (AIV) case, providing evidence for avian influenza epidemic prevention and control. **Methods** Active surveillance for H3N8 avian influenza virus was implemented over 17 months (April 2022—December 2023) in live poultry markets associated with Hunan Province's first human case. We collected 837 samples, including poultry oropharyngeal/cloacal swabs, feces, air, sewage, drinking water, cage swabs, and other surface swabs. Samples were screened for H3N8 nucleic acid using real-time PCR. Positive specimens underwent high-throughput sequencing. Hemagglutinin (HA) and neuraminidase (NA) gene sequences were analyzed by BLAST, with amino acid alignment and phylogenetic tree construction performed using BioEdit and MEGA-X, respectively. The statistical analysis method for nucleic acid test results was Fisher's exact test. **Results** The overall H3N8 nucleic acid positivity rate was 2.63% (22/837). The highest positivity rate (18.37%) occurred in the month of the human case (May 2022), significantly higher than in the other 16 months (χ^2=49.159, P<0.001). Viral nucleic acid was detected in six sample types, with cage swabs showing the highest positivity rate (8.43%, χ^2=14.437, P=0.011). Three H3N8

基金项目:湖南省自然科学基金(2023JJ60399; 2023JJ60070);湖南省卫生健康高层次人才重大科研专项(R2023169);湖南省卫生健康委科研项目(202203094936);长沙市卫健委科研项目(KJ-B2023099);长沙市自然科学基金项目(kq2403183)
作者简介:张如胜(1977—),男,硕士,主任技师,研究方向:新发传染病的分子流行病学研究
通信作者:陈腊梅,E-mail:1198919176@qq.com

viruses were successfully sequenced from poultry drinking water and chicken oropharyngeal/cloacal swabs. Their *HA* and *NA* genes exhibited the highest nucleotide similarity (99.71–99.89%) to the human-origin strain (A/China/CSKFQ-22-5/2022). The HA protein cleavage site (residues 340–348) was PEKQTRGLF, and the receptor-binding site residues (242 and 244) were Q and G, indicating low pathogenicity and avian receptor-binding specificity. No neuraminidase inhibitor resistance mutations (H273Y, R291K) were detected in the NA protein. Phylogenetic analysis revealed that the *HA* and *NA* genes of all three viruses belonged to the Eurasian lineage and formed a distinct subclade with H3N8 viruses of human, chicken, and environmental origin from China. **Conclusion** The level of H3N8 virus contamination in live poultry markets shows an association with human infection cases. Enhanced surveillance of H3N8 virus contamination in these markets is warranted.

Keywords: Live poultry market; Environment; Avian influenza virus; H3N8 subtype; Gene

禽流感病毒(avian influenza virus,AIV)根据表面糖蛋白血凝素（hemagglutinin, HA）和神经氨酸酶(neuraminidase, NA）可分为 18 个 HA 亚型（H1～H18)和 11 个 NA 亚型(N1～N11),其中 H3 亚型 AIV 通常在野生禽类或家鸭中流行,较少导致鸡群暴发疫情,然而,自 2021 年 12 月起,我国广东、河南等地的鸡群中出现了新型重配 H3N8 亚型 AIV（简称 H3N8 病毒)疫情,研究显示该病毒可在鸡群中快速传播,感染特征包括眼睑急性肿胀、出血并伴有呼吸道症状等[1-2]。2022 年 4 月,H3N8 病毒首次发生跨物种传播,河南省驻马店市报告了全球首例人感染 H3N8 病毒引发的重症肺炎病例[3]。次月(2022 年 5 月),湖南省长沙市报告了该省首例人感染 H3N8 病毒病例,流行病学调查表明其感染来源为涉疫活禽市场暴露[4]。值得注意的是，活禽市场环境已被确认为 H5N6、H7N9 等人感染 AIV 的重要来源[5-6]。

既往研究也显示长沙市辖区活禽市场存在较普遍的 AIV 环境污染[7-9]。病毒的致病能力、受体结合特性及耐药性与其基因特征密切相关。值得关注的是,全球首例与湖南省首例人感染 H3N8 病例的临床症状存在差异,前者表现为重症肺炎,后者表现为流感样症状。研究指出,这种差异与两例病例病毒分离株基因编码的特定氨基酸(amino acid, AA)位点变异有关[10-11]。湖南省首例人感染 H3N8 病例疫情发生后,其涉疫活禽市场家禽及环境的 H3N8 病毒污染状况与分子进化特征,成为疾病防控的关键科学问题。因此,本研究于 2022 年 4 月—2023 年 12 月,采集涉疫活禽市场家禽及环境样本进行 H3N8 病毒核酸检测和进化分析,为 H3N8 病毒疫情防控措施的制定提供依据。

1 材料与方法

1.1 监测点 2022 年 5 月,长沙市疾病预防控制中心检出湖南省首例人感染 H3N8 禽流感病例,选择该病例暴露过的长沙市开福区某农贸市场,以及为其供货的长沙县某活禽批发市场作为涉疫活禽市场监测点[4,11]。

1.2 家禽及环境样本采集 2022 年 5 月—2023 年 12 月，对病例涉疫活禽市场开展了家禽及环境样本采集工作。此外,还对病例发生前一个月(2022 年 4 月)的涉疫活禽市场日常监测留存样本进行了回顾性 H3N8 禽流感监测,总监测时间为 17 个月。采样点包括病例暴露的某农贸市场（仅在 2022 年 5 月采样一次)以及为其供货的某活禽批发市场(每 1～2 个月采样一次)。每次采样时,按摊位顺序选取 4～5 家店铺,分别采集家禽口咽 / 泄殖腔拭子、粪便、空气、污水、家禽饮水、笼具和其他涂抹等多种类型样本,每类样本采集 1～2 份。平均每次采样约 50 份样本。使用病毒采样保存液（北京友康生物科技股份有限公司)共采集家禽及环境样本 837 份,其中家禽样本包括家禽口咽 / 泄殖腔拭子 201 份和粪便 144 份;环境样本包括空气 156 份、污水 113 份、饮水 77 份、笼具涂抹 83 份及其他涂抹样本 63 份。各样本采集方法参考文献[12-13]。

1.3 AIV 核酸检测 家禽及环境样本使用自动核酸提取仪及配套提取试剂（西安天隆科技有限公司)进行核酸提取,然后采用禽流感病毒 H3N8 亚型核酸检测试剂盒（双重荧光 PCR 法)(深圳市梓健生物科技有限公司）及 ABI 7500 型 Real-time PCR 仪（美国 Thermo Fisher Scientific 公司)对提取的样本核酸进行 H3N8 病毒核酸检测。

1.4 AIV 核酸序列测定 采用 AIV 通用引物(Uni-12/Inf1:5'-GGGGGGAGCAAAAGCAGG-3',Uni-12/Inf3:5'-GGGGGGAGCGAAAGCAGG-3'Uni-13/Inf1:5'-CGGGTTATTAGTAGAAACAAGG-3')illumina Miseq 测序仪及双端 150 bp 测序试剂盒（美国 illumina 公司)对 H3N8 病毒阳性样本核酸进行序列测定,核酸起始量范围为 1～500 ng DNA，建库采用 DNA prep 文库构建试剂盒(美国 illumina 公司)。下机数据先用 Fastqc、Cutadapt 和 Bowite2 软件进行数据质量分析、去接头和 reads 比对，测序数据经 SPAdes-3.13.0 软件拼接后提交至基因序列数据库（Genetic Sequence Database,Genbank)，在线基本局部相似性搜索工具(basic local alignment search tool, BLAST)进行核苷酸相似性分析(http://BLAST.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST.cgi)。

1.5 H3N8 病毒基因 AA 关键位点分析 从全球流感数据共享倡议（Global Initiative on Sharing All

Influenza Data，GISAID）和美国国家生物技术信息中心（National Center for Biotechnology Information, NCBI）下载 H3N8、H5N1、H5N6、H6N6、H7N9、H9N2、H10N8 及 H11N3 病毒代表株基因编码 AA 序列，利用 BioEdit 软件进行基因编码关键 AA 位点比对。

1.6　H3N8 病毒 *HA*、*NA* 基因进化分析　从 GISAID 下载 2022—2024 年部分 H3N8 病毒 *HA* 和 *NA* 基因核苷酸序列，首先利用 MEGA X 软件进行 DNA 序列 ALIGN Clustal W 比对，对首尾长度不一致的核苷酸序列进行删除，然后利用 MODELS 程序 Find Best DNA/Protein Models（ML）预测分析模型，根据模型预测结果，构建 *HA* 和 *NA* 基因进化树分别选择 Tamura 三参数模型（Tamura 3-parameter Model，T92）+Gamma 分布（G）和 T92+G+ 不变位点比例（I），方法选择最大似然法（maximum likelihood），bootstrap 重复次数设为 1 000 次。

1.7　统计分析　家禽及环境样本 H3N8 病毒核酸检测结果应用 SPSS 24.0 软件进行统计学分析，不同监测时间及不同样本类型阳性率间的比较均采用 Fisher 精确检验，检验水准 α=0.05。

2　结　果

2.1　H3N8 病毒不同时间监测情况　病例涉疫活禽市场家禽及环境样本的 H3N8 病毒总体阳性率为 2.63%，病例发生当月（2022 年 5 月）H3N8 病毒阳性率最高，为 18.37%，显著高于其他监测月份（0～2.33%），2023 年全年未检出 H3N8 病毒阳性，具体结果见表 1。经 Fisher 精确检验，不同监测时间的 H3N8 病毒阳性率差异具有统计学意义（χ^2=49.159, P<0.001）。

2.2　H3N8 病毒不同样本监测情况　家禽口咽 / 泄殖腔拭子、粪便、空气、污水、饮水、笼具涂抹和其他涂抹样本的 H3N8 阳性率分别为 1.49%（3/201）、1.39%（2/144）、3.21%（5/156）、0（0/113）、2.60%（2/77）、8.43%（7/83）和 4.76%（3/63），具体结果见表 2。统计学分析显示笼具涂抹 H3N8 病毒阳性率显著高于其余样本类型，不同样本类型间的阳性率差异具有统计学意义（χ^2=14.437, P=0.011）。

2.3　H3N8 病毒核苷酸序列同源性分析　22 份 H3N8 病毒核酸阳性样本进行高通量核苷酸测序和 BLAST 比对，获得 3 份分别来源于家禽饮水（1 份）和鸡口咽 / 泄殖腔拭子（2 份）的 H3N8 病毒，3 份样本来源的 H3N8 病毒 *HA* 及 *NA* 基因序列测序深度符合质量控制要求，且均与湖南省首例人感染 H3N8 病毒（A/Changsha/1000/2022）核苷酸相似性最高，相关 H3N8 病毒的核苷酸序列已上传至 GenBank，登录号分别为 PV490899-PV490902、PV495812 和 PV495813。具体比对结果见表 3。

表 1　病例涉疫活禽市场不同监测时间 H3N8 病毒核酸检测结果

Table 1　H3N8 virus nucleic acid detection results from the epidemic-related live poultry markets at different monitoring time points

监测月份（年 / 月）	检测数（份）	H3N8 阳性标本数（阳性率，%）
2022/04	43	1（2.33）
2022/05	98	18（18.37）
2022/06	46	1（2.17）
2022/08	47	0（0）
2022/09	47	1（2.13）
2022/11	47	1（2.13）
2023/02	46	0（0）
2023/03	47	0（0）
2023/04	45	0（0）
2023/05	47	0（0）
2023/06	46	0（0）
2023/07	45	0（0）
2023/08	46	0（0）
2023/09	46	0（0）
2023/10	47	0（0）
2023/11	46	0（0）
2023/12	48	0（0）
合计	837	22(2.63)

表 2　病例涉疫活禽市场家禽及环境样本 H3N8 病毒核酸检测结果

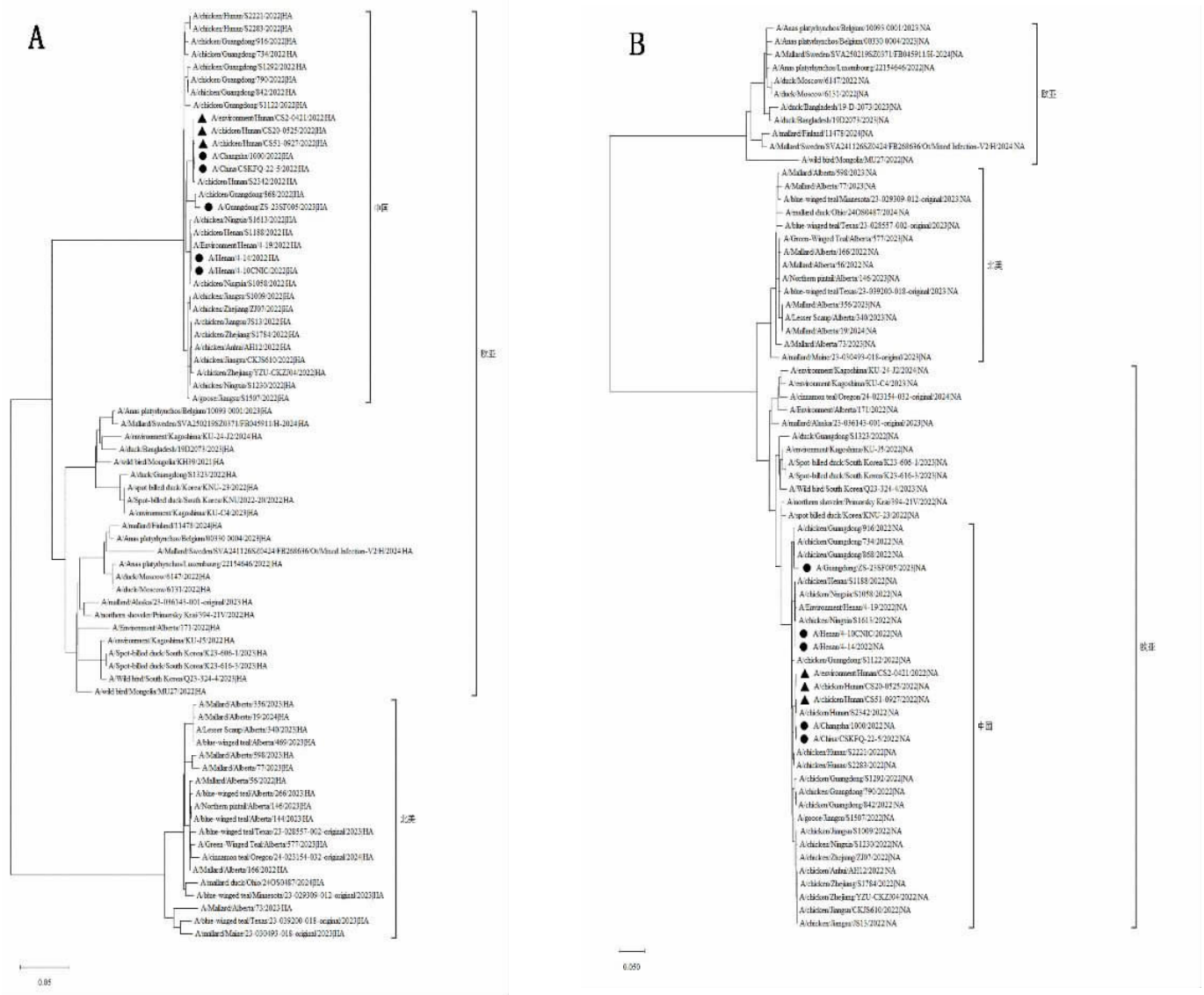
Table 2　H3N8 nucleic acid test results from poultry and environmental samples in the epidemic-related live poultry markets

样本类型	检测数（份）	H3N8 阳性标本数（阳性率，%）
家禽口咽 / 泄殖腔拭子	201	3(1.49)
粪便	144	2(1.39)
空气	156	5(3.21)
污水	113	0（0）
饮水	77	2(2.60)
笼具涂抹	83	7(8.43)
其他涂抹	63	3(4.76)
合计	837	22(2.63)

2.4　H3N8 病毒 *HA* 和 *NA* 基因编码 AA 关键位点比对分析　本研究 3 份样本来源的 H3N8 病毒 *HA* 和 *NA* 基因关键位点与湖南省首例人感染 H3N8 病毒（A/Changsha/1000/2022）相同，其中 HA 蛋白裂解位点（第 340～348 位 AA）均为 PEKQTRGLF，HA 蛋白受体结合位点（receptor binding site，RBS）第 242 和 244 位（对应 H3 流感病毒第 226 和 228 位）AA 均为 Q 和 G，NA 蛋白第 273 和 291 位 AA 均为为 H 和 R，且第 69～73 位点未发生缺失，具体比对结果见表 4。

2.5　H3N8 病毒 *HA*、*NA* 基因进化树构建　结果显示，H3N8 病毒 *HA* 和 *NA* 基因进化树均形成欧亚和北美两大分支，本研究中 3 份样本来源的 H3N8 病毒与湖南省首例人感染 H3N8 病毒（A/Changsha/1000/2022）及湖南鸡源 H3N8 病毒（A/chicken/Hunan/S2342/2022）亲缘关系近，属于欧亚大分支，且已与其他 H3N8 病毒中国分离株进化形成一个独立

的亚分支。北美大分支则主要由源自美国、加拿大等北美地区的野鸟及家禽 H3N8 病毒组成。见图 1。



注：本研究的 H3N8 病毒标记为▲；人源 H3N8 病毒标记为●；A 为 *HA* 基因；B 为 *NA* 基因。

图 1　病例涉疫活禽市场 H3N8 病毒 *HA* 和 *NA* 基因进化分析

Figure 1　Phylogenetic analysis of the *HA* and *NA* genes of the H3N8 viruses isolated from the epidemic-related live poultry markets

表 3　病例涉疫活禽市场 H3N8 病毒与湖南省首例人感染 H3N8 病例病毒的同源性分析

Table 3　Homology analysis of the H3N8 virus from the epidemic-related live poultry markets and Hunan Province's first human case of H3N8 infection

毒株	基因	湖南省首例人感染 H3N8 病例病毒株	相似性(%)	GenBank 登录号
A/environment/Hunan/CS2-0421/2022	*HA*	A/Changsha/1000/2022(H3N8)	1 743/1 745(99.89)	PV490899
	NA	A/Changsha/1000/2022 (H3N8)	1 415/1 418(99.79)	PV490900
A/chicken/Hunan/CS20-0525/2022	*HA*	A/Changsha/1000/2022 (H3N8)	1 743/1 745(99.89)	PV490901
	NA	A/Changsha/1000/2022 (H3N8)	1 415/1 418(99.79)	PV490902
A/chicken/Hunan/CS51-0927/2022	*HA*	A/Changsha/1000/2022 (H3N8)	1 741/1 745(99.77)	PV495812
	NA	A/Changsha/1000/2022 (H3N8)	1 414/1 418(99.72)	PV495813

表 4　病例涉疫活禽市场 H3N8 病毒与湖南省首例人感染 H3N8 病例病毒株 HA 和 NA 蛋白关键位点比对分析

Table 4　Comparative analysis of key sites in the HA and NA proteins of viruses isolated from the epidemic-related live poultry markets and Hunan Province's first human case of H3N8 infection

毒株名称	HA 蛋白受体结合位点	HA 蛋白裂解位点	NA 蛋白耐药位点		NA 蛋白缺失位点
	242 ~ 244a	340 ~ 348a	H273Y a	R291K a	69 ~ 73
A/environment/Hunan/CS2-0421/2022(H3N8)	QSG	PEKQTRGLF	H	R	否
A/chicken/Hunan/CS20-0525/2022(H3N8)	QSG	PEKQTRGLF	H	R	否
A/chicken/Hunan/CS51-0927/2022(H3N8)	QSG	PEKQTRGLF	H	R	否
A/Changsha/1000/2022(H3N8)	QSG	PEKQTRGLF	H	R	否

注：a 为 A/environment/Hunan/CS2-0421/2022(H3N8)。

3　讨　论

既往研究显示活禽市场家鸭存在 H3 亚型 AIV 流行[2,14]，以 H3N2 病毒为主，H3N8 病毒较为少见[15]。本研究显示，2022—2023 年湖南省首例人感染 H3N8 病例涉疫活禽市场家禽及环境样本的 H3N8 病毒总体阳性率为 2.63%。值得注意的是，病例发生当月（2022 年 5 月）的病毒阳性率最高，达到 18.37%；而病例发生前一个月（2022 年 4 月）及随后数月（2022 年 6、9 和 11 月）的阳性率均维持在较低水平（约 2.00%）。需要指出的是，病例发生后实施的强化消杀措施是导致阳性率下降的因素之一。此外，2023 年全年监测中未检出 H3N8 病毒核酸阳性，同期辖区内也无新发人感染 H3N8 病例报告。以上结果表明，该病例的出现与涉疫活禽市场中 H3N8 病毒污染程度的升高存在一定关联。类似地，其他研究也表明活禽市场环境中污染 H7N9 病毒后，则暴露于活禽市场的人群存在感染风险[6]。因此，建议相关部门加强 H3N8 病毒在禽类及环境中的监测力度，以便及时预警人感染风险。

研究表明，鸡感染 H3N8 病毒后，病毒可在多组织脏器中广泛分布，其中在呼吸系统和眼球附近的哈德氏腺病毒含量最高，病毒主要经口咽和泄殖腔排出[1]，造成环境污染及易感鸡群感染。本研究在病例涉疫活禽市场家禽及环境样本采集过程中，观察到活禽销售店铺存在笼具 / 圈养空间狭小、家禽密度高、通风不良等问题。这种环境一旦出现感染禽只，极易导致病毒在待售禽群间传播并污染环境。本次病例涉疫活禽市场监测数据显示，H3N8 病毒在 6 种监测样本类型中检测到 H3N8 病毒，其中笼具涂抹样本阳性率最高，为 8.43%，特别是在活禽市场空气中监测到 H3N8 病毒，结合湖南省首例人感染 H3N8 病例的流行病学调查（暴露于活禽市场但未直接接触活禽）以及文献报道的 H3N8 病毒可在雪貂间经空气传播的证据[4,10]，提示湖南省首例人感染 H3N8 病例存在经含病毒气溶胶暴露感染的可能性。因此，建议相关部门在加强活禽市场禽类环境清洁消毒的同时，应着重改善场所的通风条件，以降低此类传播风险。

AIV 通常优先结合禽类 α2,3–Gal 唾液酸受体，若其结合人类 α2,6–Gal 唾液酸受体的能力增强，则表明对哺乳动物的适应性提升。研究表明，H3N2 和 H3N8 病毒具备同时结合禽类和人类双重受体的能力[16–17]。本研究测序获得 1 份来源于家禽饮水和 2 份来源于鸡口咽 / 泄殖腔拭子的 H3N8 病毒，其 HA 蛋白裂解位点和受体结合位点分析显示低致病性特征，并主要结合禽类 α2,3–Gal 受体。*NA* 基因耐药位点分析提示对神经氨酸酶抑制剂药物（奥司他韦等）敏感，与湖南省首例人源 H3N8 病毒株分子特征相似[18]，但与全球首例人感染 H3N8 病例病毒株具备哺乳动物适应及致病能力增强的分子特征存在差异[11]，提示目前国内流行的 H3N8 病毒具备潜在的大流行风险。

研究表明，H3 亚型 AIV 在国内活禽市场的家鸭中广泛流行并持续发生重配[19]，*HA* 和 *NA* 基因可分为欧亚分支和北美分支。H3N8 病毒的来源复杂，其 *HA* 基因可能源自欧亚地区家禽中流行的 H3 亚型 AIV，而 *NA* 基因可能来自东亚、北美和欧洲。欧亚分支在国内普遍存在，而北美分支主要分布于中国东部地区[20]。本研究构建的 2022—2024 年 H3N8 病毒 *HA* 和 *NA* 基因进化树显示：包括本研究 3 份样本来源的 H3N8 病毒在内的 H3N8 病毒中国分离株已形成一个独立的亚分支。此外，*NA* 基因的欧亚分支还包含来自加拿大、美国等北美地区环境和野鸟 H3N8 病毒株，进一步证实了新型重配 H3N8 病毒由欧亚分支的 *H*3 基因、北美分支的 *N*8 基因与 *G*57 基因型 H9N2 病毒的内部基因三源重配组成的研究结论[1]。进化分析还表明，3 份样本来源的 H3N8 病毒与湖南省首例人感染 H3N8 病毒（A/Changsha/1000/2022）及湖南鸡源 H3N8 病毒（A/chicken/Hunan/S2342/2022）亲缘关系近，进一步证实该人感染病例的病毒来源于涉疫活禽市场的鸡源 H3N8 病毒。

既往研究指出，H9N2 亚型 AIV 在鸡群中的流行及其在活禽市场环境中的污染最为普遍[8,21]。这一现象主要归因于当前鸡 H9N2 病毒灭活疫苗的局限性：虽然能够减轻感染临床症状，但无法有效阻断病毒在鸡上呼吸道的定植与排毒，导致免疫鸡群仍可持续携带并传播病毒[22]。这也是 H9N2 病毒为新型重配 H7N9、H3N2、H10N8、H5N6 及 H3N8[11,23]亚型 AIV 提供内部基因来源的重要原因，因此加强新型 H9N2 病毒疫苗研发是控制家禽 H9N2 病毒疫情的关键措施，阻断其作为新型重配 AIV 的内部基因来源，是预防控制人感染 H3N8 等新亚型重配病毒疫情的根本方法[1]。

综上所述，本研究提示病例涉疫活禽市场中 H3N8 病毒的污染水平与人感染病例的发生存在一定相关性。尽管目前人感染 H3N8 病例仍为散发，但考虑到 H3 亚型 AIV 的流感大流行潜力，H3N8 病毒表现出 α2,3–Gal 与 α2,6–Gal 唾液酸双受体的结合特性以及人群普遍缺乏对 H3N8 病毒感染的特异性免疫力[24]，因此建议相关部门加强 H3N8 病毒监测，建立“禽 – 环境 – 人”传播链的早期预警体系，防范流感大流行。

利益冲突声明　本研究不存在任何利益冲突

参考文献

[1] 孙洪磊,佟琪,李涵,等. 新型 H3N8 亚型禽流感病毒分离鉴定与鸡致病性研究[J]. 中国农业大学学报,2022,27(8):131-139.
Sun HL, Tong Q, Li H, et al. Pathogenicity of novel reassortment H3N8 avian influenza A virus in chickens [J]. Journal of China Agricultural University, 2022, 27(8): 131-139.(In Chinese)

[2] Yang J, Yang L, Zhu W, et al. Epidemiological and genetic characteristics of the H3 subtype avian influenza viruses in China[J]. China CDC Weekly, 2021, 3(44): 929-936.

[3] Cheng D, Dong Y, Wen S, et al. A child with acute respiratory distress syndrome caused by avian influenza H3N8 virus [J]. Journal of Infection, 2022, 85(2): 174-211.

[4] 赵锦,杨学文,刘如春,等. 长沙市 1 例人感染 H3N8 禽流感病例的流行病学调查和病原学分析 [J]. 中华流行病学杂志,2023,44(11):1776-1780.
Zhao J, Yang XW, Liu RC, et al. Epidemiological investigation and etiological analysis on a case of human infection with avian influenza A (H3N8) virus in Changsha [J]. Chinese Journal of Epidemiology, 2023, 44(11): 1776-1780.(In Chinese)

[5] Zhang RS, Lei Z, Liu C, et al. Live poultry feeding and trading network and the transmission of avian influenza A (H5N6) virus in a large city in China, 2014-2015[J]. International Journal of Infectious Diseases, 2021, 108(6): 72-80.

[6] Wang W, Chen X, Wang Y, et al. Serological evidence of human infection with avian influenza A(H7N9)virus: a systematic review and meta-analysis[J]. Journal of Infectious Diseases, 2022, 226(1): 70-82.

[7] 张如胜,陈静芳,黄政,等. 2016—2018 年长沙市人群及活禽市场环境 H5N6 亚型禽流感病毒监测分析[J]. 中华实验和临床病毒学杂志,2021,35(1):96-100.
Zhang RS, Chen JF, Huang Z, et al. Analysis of surveillance results for H5N6 subtype avian influenza virus from population and live poultry market environment in Changsha city, 2016-2018 [J]. Chinese Journal of Experimental and Clinical Virology, 2021, 35(1): 96-100.(In Chinese)

[8] 李灵之,肖姗,欧新华,等. 2018-2021 年湖南省长沙市活禽市场外环境禽流感病毒监测以及禽类职业暴露人群血清学分析[J]. 疾病监测,2023,38(2):187-191.
Li LZ, Xiao S, Ou XH, et al. Surveillance for avian influenza virus in external environment of live poultry markets and serological analysis in population with occupational exposure in Changsha,Hunan,2018-2021[J]. Disease Surveillance, 2023, 38(2): 187-191.(In Chinese)

[9] 张如胜,扶会媛,黄政,等. 2020-2022 年长沙市某活禽批发市场环境中禽流感病毒监测分析 [J]. 中国预防医学杂志,2025,26(1):61-64.
Zhang RS, Fu HY, Huang Z, et al. Analysis on avian influenza virus monitoring in the environment of a live poultry wholesale market in Changsha City from 2020 to 2022 [J]. China Preventive Medicine, 2025, 26(1): 61-64.(In Chinese)

[10] Sun HL, Li H, Tong Q, et al. Airborne transmission of human-isolated avian H3N8 influenza virus between ferrets [J]. Cell, 2023, 186(19): 4074-4084.e11.

[11] Yang RG, Sun HL, Gao F, et al. Human infection of avian influenza A H3N8 virus and the viral origins: a descriptive study [J]. Lancet Microbe, 2022, 3(11): e824-e834.

[12] Zhang RS, Fu HY, Luo C, et al. Chlamydia psittaci detected at a live poultry wholesale market in central China [J]. BMC Infectious Diseases, 2024, 24(1): 585.

[13] 张如胜,扶会媛,罗璨,等. 2022-2023 年长沙市活禽批发市场家禽及环境中人兽共患病病原体监测 [J]. 现代预防医学,2024,51(11):2088-2093.
Zhang RS, Fu HY, Luo C, et al. Surveillance of zoonotic pathogens in poultry and environment in Chang-sha live poultry wholesale market from 2022 to 2023 [J]. Modern Preventive Medicine, 2024, 51(11): 2088-2093.(In Chinese)

[14] Zou SM, Tang J, Zhang Y, et al. Molecular characterization of H3 subtype avian influenza viruses based on poultry-related environmental surveillance in China between 2014 and 2017 [J]. Virology, 2020, 542: 8-19.

[15] Li X, Chen JL, Jin XA, et al. Characterization of three H3N2 and one new reassortant H3N8 avian influenza virus in South China [J]. Infection Genetics and Evolution, 2019, 75: 104016.

[16] Tian JM, Li MH, Li YL, et al. H3N8 subtype avian influenza virus originated from wild birds exhibited dual receptor-binding profiles [J]. Journal of Infection, 2023, 86(2): e36-e39.

[17] Wang YW, Wang MJ, Zhang H, et al. Prevalence, evolution, replication and transmission of H3N8 avian influenza viruses isolated from migratory birds in eastern China from 2017 to 2021 [J]. Emerging Microbes & Infections, 2023, 12(1): 2184178.

[18] 裴瑞青,张如胜,叶文,等. 湖南省首例人感染 H3N8 亚型禽流感病例的病毒分离及分子进化分析[J]. 中国人兽共患病学报,2023,39(4):364-375.
Pei RQ, Zhang RS, Ye W, et al. Viral isolation and molecular evolution analysis of the first human case of H3N8 subtype avian influenza infection in Hunan Province [J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2023, 39(4): 364-375.(In Chinese)

[19] Li C, Yu M, Liu LT, et al. Characterization of a novel H3N2 influenza virus isolated from domestic ducks in China [J]. Virus Genes, 2016, 52(4): 568-572.

[20] Zhang XH, Li YG, Jin S, et al. PB1 S524G mutation of wild bird-origin H3N8 influenza A virus enhances virulence and fitness for transmission in mammals[J]. Emerging Microbes & Infections, 2021, 10(1): 1038-1051.

[21] 孙华鹏,崔新鑫,潘亮奇,等. 中国 H9N2 亚型禽流感病毒的流行现状[J]. 畜牧兽医学报,2021,52(5):1218-1229.
Sun HP, Cui XX, Pan LQ, et al. The epidemiology of H9N2 avian influenza virus in China [J]. Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica, 2021, 52(5): 1218-1229.(In Chinese)

[22] Gu M, Xu LJ, Wang XQ, et al. Current situation of H9N2 subtype avian influenza in China[J]. Veterinary Research, 2017, 48(1): 49.

[23] 黎聪荣,白茹,邓洁莉,等. 广东省活禽市场外环境重配 H3N2 亚型禽流感病毒污染调查[J]. 中国病原生物学杂志,2020,15(6):685-691, 697.
Li CR, Bai R, Deng JL, et al. Reassortant H3N2 avian influenza virus isolated outside live poultry markets in Guangdong Province [J]. Journal of Parasitic Biology, 2020, 15(6): 685-691, 697.(In Chinese)

[24] Zhu W, Chen Q, Xu X, et al. Biological features of human influenza A(H3N8)viruses in China[J]. Journal of Medical Virology, 2023, 95(7): e28912.

收稿日期:2025-08-13