

林永强, 李卫, 梁齐章, 等. 鹅水禽圆环病毒感染调查及自然共感染病例病毒基因组分子特征[J]. 福建农业学报, 2025, 40 (2): 143–150.

LIN Y Q, LI W, LIANG Q Z, et al. Epidemiology of Waterfowl Circoviral diseases and Characteristics of Genomes in Natural Cross-species Infection on Goose[J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2025, 40 (2): 143–150.



鹅水禽圆环病毒感染调查及自然共感染病例病毒基因组分子特征

林永强^{1,2}, 李 卫², 梁齐章², 傅秋玲², 焦文龙^{1,2}, 曹 申², 程龙飞², 万春和²,
刘荣昌², 陈红梅², 江南松², 王威威², 林建生², 郑小兰², 黄 瑜^{2*}, 傅光华^{2*}

(1. 福建农林大学动物科学学院, 福建 福州 350002; 2. 福建省农业科学院畜牧兽医研究所/福建省禽病防治重点实验室/福建省畜禽疫病防控产业技术创新研究院, 福建 福州 350013)

摘 要:【目的】探明鹅群水禽圆环病毒 (waterfowl circovirus, WFCV), 包括鹅圆环病毒 (goose circovirus, GoCV) 和鸭圆环病毒 (duck circovirus, DuCV) 的感染情况及首例自然共感染病例中两种 WFCV (GoCV 和 DuCV) 基因组分子特征。【方法】应用三引物 PCR 方法对 2023—2024 年自福建、广西和安徽等地养鹅场收集的 153 份患病鹅组织样品进行 WFCV 检测, 并对发现的一例 GoCV 和 DuCV 自然共感染病例中两种病毒全基因组进行序列测定与分析。

【结果】自 153 份鹅样品中检测到 53 份 WFCV 阳性样品, 阳性率为 34.6%, 其中 GoCV 单纯阳性样品 47 份, DuCV 单纯阳性 5 份, 1 份安徽来源的样品 (AH2367) 为 GoCV 和 DuCV 共感染。AH2367 样品中的 GoCV (Go-AH2367) 基因组全长 1821 nt, 与 GenBank 数据库中的 GoCV 核苷酸序列同源性在 82.9%~99.0%, 与 DuCV 序列同源性在 67.0%~70.9%; DuCV (Du-AH2367) 基因组全长 1992 nt, 与 GenBank 数据库中的 DuCV 序列同源性在 84.4%~99.7%, 与 GoCV 序列同源性在 66.1%~68.8%。共感染病毒的两个主要功能蛋白 (Rep、Cap) 氨基酸序列仅出现零星位点变异, 未出现基因重组、位点缺失和插入, 蛋白中的重要功能基序均高度保守。遗传进化分析表明, Go-AH2367 株与基因 I 型 GoCV 处于同一进化分支, Du-AH2367 株与基因 I 型 DuCV 亲缘关系最近, 处于同一进化分支。【结论】鹅群中 WFCV 感染较为严重, 以 GoCV 为主, 伴有 DuCV 的跨种感染及 GoCV 和 DuCV 共感染, 呈现病毒生态多样性流行。共感染样品中的两株病毒基因组遗传稳定, 未出现基因缺失或重组等明显基因变异。

关键词: 鹅圆环病毒; 鸭圆环病毒; 跨种感染; 共感染; 分子特征

中图分类号: S852.6

文献标志码: A

文章编号: 1008-0384 (2025) 02-0143-08

Epidemiology of Waterfowl Circoviral diseases and Characteristics of Genomes in Natural Cross-species Infection on Goose

LIN Yongqiang^{1,2}, LI Wei², LIANG Qizhang², FU Qiuling², JIAO Wenlong^{1,2}, CAO Shen², CHENG Longfei², WAN Chunhe², LIU Rongchang², CHEN Hongmei², JIANG Nansong², WANG Weiwei², LIN Jiansheng², ZHENG Xiaolan², HUANG Yu^{2*}, FU Guanghua^{2*}

(1. College of Animal Sciences, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, China; 2. Institute of Animal Husbandry and Veterinary Medicine, Fujian Academy of Agricultural Sciences/Fujian Key Laboratory for Control and Prevention of Avian Diseases/Fujian Industry Technology Innovation Research Academy of Livestock and Poultry Diseases Prevention & Control, Fuzhou, Fujian 350013, China)

Abstract: 【Objective】The prevalence of waterfowl circoviruses (WFCVs) including goose circovirus (GoCV) and duck

收稿日期: 2024-12-02 修回日期: 2025-01-05

作者简介: 林永强 (1999—), 男, 硕士研究生, 主要从事动物传染病研究, E-mail: 1129710571@qq.com

* 通信作者: 黄瑜 (1965—), 男, 博士, 研究员, 主要从事动物传染病研究, E-mail: huangyu_815@163.com; 傅光华 (1977—), 男, 博士, 研究员, 主要从事动物传染病研究, E-mail: fuyuan163@163.com

基金项目: 国家自然科学基金项目 (32372995); 国家水禽产业技术体系建设专项 (CARS-42); 中央引导地方科技发展专项 (2023L3023); 福建省科技计划公益类专项 (2023R1024005); 福建省科技计划项目 (2020J06029); 福建省农业科学院科技创新团队建设项目 (CXTD2021005-1); 福建省农业科学院农业科技专项 (GJYS202411)

circovirus (DuCV) at geese farms was surveyed, and molecular characteristics of the GoCV and DuCV genomes in the first case of natural co-infection on geese studied. 【Method】 From the flocks at geese farms in 6 provinces, 153 tissue specimens were collected during 2023–2024. GoCV and DuCV were detected by using a tri-primer PCR method. Genome sequences of the viruses in samples of the first natural co-infection case were determined. 【Result】 Fifty-three WFCVs were identified from the collected specimens at a positive rate of 34.6%. Of which, 47 were positive for GoCV, 5 for DuCV, and one from Anhui Province (named as AH2367) with both GoCV and DuCV. The whole genome sequence of Go-AH2367 was 1 821 nt in length with a homology of 82.9%–99.0% with GoCV and 67.0%–70.9% with DuCV, while that of Du-AH2367 was 1 992 nt long with a homology of 84.4%–99.7% with DuCV and 66.1%–68.8% with GoCV. The two major functional proteins of the Go-AH2367 and Du-AH2367(Rep and Cap) were consisted of highly conserved critical motifs with a few sporadic site variations but free of gene recombination, site deletion or insertion on the amino acid sequences. The phylogenetic tree of Go-AH2367 was clustered into an evolutionary branch of the Genotype 1 GoCV isolates, while that of Du-AH2367 of the Genotype I DuCV isolates in the same evolutionary branch. 【Conclusion】 The WFCV infections in geese occurred in China were severe. They were mostly the GoCV type with only one confirmed cross-species case that could cause a diverse epidemic. The genomes of Go-AH2367 and Du-AH2367 found in the co-infected goose were genetically stable with no apparent variations by deletion or recombination.

Key words: goose circovirus; duck circovirus; cross-species infection; co-infection; molecular characteristics

0 引言

【研究意义】水禽圆环病毒 (waterfowl circovirus, WFCV) 主要包括鹅圆环病毒 (goose circovirus, GoCV) 和鸭圆环病毒 (duck circovirus, DuCV)。根据国际病毒分类委员会 (International Committee on Taxonomy of Viruses, ICTV) 分类建议, WFCV 为圆环病毒科 (Circoviridae) 圆环病毒属 (Circovirus) 成员, 是一种无囊膜 DNA 病毒, 基因组为共价闭合环状单链基因组, 大小为 1 821~1 996 nt, 含有 6 个主要开放阅读框 (open reading frame, ORF) V1~V3 和 C1~C3, 其中 ORF V1 编码病毒基因组复制相关的蛋白 (Rep), ORF C1 编码病毒抗原相关的衣壳蛋白 (Cap)^[1]。GoCV 于 1999 年首次在德国的鹅群中被发现^[2], 而 DuCV 则于 2003 年首次在德国的鸭群中被发现^[3], 随后这两种病毒感染在世界各地陆续被报道^[4–13], 且临床感染率呈上升趋势^[14–17], 近来还出现了 WFCV 交叉跨种感染病例^[18–22]。深入开展水禽 WFCV 的感染情况调查, 明确病毒基因组的分子特征和变异规律, 可为开展该病分子致病机制研究及制定行之有效的疫病防控策略提供科学依据。【前人研究进展】GoCV 主要引起鹅生长发育迟缓、羽毛絮乱、腹泻, 法氏囊、胸腺和脾脏等组织淋巴细胞减少和组织细胞增生, 以及法氏囊中单核细胞可见嗜碱性包涵体的存在^[23]。我国大陆于 2005 年首次报道了鹅群中存在 GoCV 的感染^[8], 随后开始逐渐发展流行。尽管调查发现鹅感染的圆环病毒主要为 GoCV^[24], 但陆续有研究发现跨宿主感染现象, 赵光伟等^[18]2009 年首次报道了重庆一例患病鹅中检测到 DuCV, Shehata

等^[19]在 2013 年波兰境内收集的一批发生鹅细小病毒感染的观赏鸭样品中检测到了 GoCV 的共感染, Xu 等^[20,21]在鸭群中发现鹅圆环病毒, 随后又在鹅群中检测到 DuCV 基因 1 型和 2 型。【本研究切入点】鉴于当前鹅群较为复杂的 WFCV 病毒生态流行状况, 亟需对鹅群开展圆环病毒流行病学调查。【拟解决的关键问题】本研究应用三引物检测方法对近年来收集的临床鹅样品开展 WFCV 感染调查, 以期明确我国当前鹅群中 GoCV 和 DuCV 两种病毒的流行特点, 解析发现的自然共感染病例中的 GoCV 与 DuCV 基因组分子特征及变异情况, 为全面了解鹅群中 WFCV 流行规律及科学防治提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

1.1.1 病料收集

2023—2024 年, 自福建、广西和安徽等 6 个省 (自治区) 共收集到 153 份鹅肝脏、脾脏、胸腺、法氏囊等组织样品, 这些组织来源于临床上生长发育不良/体况消瘦、羽毛脱落及死亡的鹅, 初步怀疑存在水禽圆环病毒感染, 样品收集后于 -80 ℃ 保存备用, 相关信息见表 1。

1.1.2 主要试剂与仪器

Simply P Virus DNA/RNA Extraction Kit 购自杭州博日科技股份有限公司, 2 × Phanta Max Master Mix 购自南京诺唯赞生物科技股份有限公司, DL2000 DNA Marker 购自北京宝日医生物技术有限公司, 高速冷冻离心机 (武汉基因科技有限公司), 梯度 PCR 仪 (Bio-Rad 公司), 高速低温组织研磨仪 (武汉赛维尔科技有限公司)。

表 1 收集的鹅组织样品信息
Table 1 Information on tissue specimens collected from geese farms

收集时间 Collection time	组织样品来源与数量 Sample sources and number/份						合计 Total/份
	福建	广西	安徽	广东	江西	浙江	
2023年	28	21	25	10	8	7	99
2024年	19	13	5	8	5	4	54
合计 Total	47	34	30	18	13	11	153

1.2 试验方法

1.2.1 病料处理与核酸提取

取适量采集的脏器置于研磨管中，加入 3 倍体积的 1×PBS 与钢制研磨珠，经高速低温组织研磨仪匀浆后，反复冻融 3 次，于高速冷冻离心机 4 ℃ 12 000 ×g 离心 10 min；取 200 μL 上清液使用 Simply P Virus DNA/RNA Extraction Kit 提取纯化核酸，按照试剂盒说明书进行，提取的病毒核酸储存于-80 ℃。

1.2.2 GoCV 与 DuCV 检测

样品 GoCV 与 DuCV 的检测参照王梦鸽等^[25]的方法，由生工生物工程（上海）股份有限公司合成，可同时检测 GoCV 与 DuCV 引物对：CVF 5'-AAY CWC GCG GGA AGT GGT GGG A -3'；DuCV-R1：5'- TTC TAR GCA TAA ACG AGA TC -3'；GoCV-R1：5'- ATA MGA TTC GGA CAA TGG ACT G -3'。以提取的核酸为模板，进行 GoCV 与 DuCV 的 PCR 检测。反应体系：2 × Phanta Max Master Mix 10 μL，CVF（10 μmol·L⁻¹）0.6 μL，DuCVR（10 μmol·L⁻¹）0.45 μL，GoCVR（10 μmol·L⁻¹）0.3 μL，模板 1 μL，RNase Free H₂O 补足至 20 μL。反应条件：95 ℃ 预变性 5 min；95 ℃ 变性 30 s，54.6 ℃ 退火 30 s，72 ℃ 延伸 30 s，36 个循环；72 ℃ 彻底延伸 10 min。反应结束后经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测。阳性样品送至生工生物工程（上海）股份有限公司进行测序。

1.2.3 全基因组扩增与序列测序

根据 GenBank 上公布的 GoCV 和 DuCV 全基因序列，应用 Primer 3 plus 在线引物设计程序，在王梦鸽等^[25]检测引物的基础上，设计反向扩增引物，扩增余下的基因片段。引物对序列包括 GoCV-F1：5'-C GTTGTCTTGAATGGAGTTTAGCCA-3'，GoCV-R2：5'- ATA GCC RTC CCA CCA CTT CCC -3'；DuCV-F1：5'-GGA TTA AAC ACT TGG GCA GC-3'，DuCV-R2：5'-GTA ACG GGT AAC GGT CGG TA-3'，其中 GoCV-F1 与 GoCV-R2 用于扩增 GoCV 基因片段，DuCV-F1 与 DuCV-R2 用于扩增 DuCV 基因片段。反应体系：2×Phanta Max Master Mix 10 μL，上下游引物（10 μmol·L⁻¹）各 0.25 μL，模板 1 μL，ddH₂O 补

足至 20 μL。反应条件：95 ℃ 预变性 5 min；95 ℃ 变性 30 s，55~58 ℃ 退火 30 s，72 ℃ 延伸 2 min，35 个循环；72 ℃ 彻底延伸 10 min。反应结束后经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测扩增结果。将阳性样品送至生工生物工程（上海）股份有限公司进行测序。

1.3 数据分析

将测序结果应用 DNASTar 软件 SeqMan 程序进行拼接整理，获得的全基因组序列与 GenBank 数据库中的 GoCV 和 DuCV 基因组序列进行比对分析。应用 Lasergene 7.0 软件包中的 MegAlign 程序分别进行 GoCV 和 DuCV 全基因组同源性分析，并应用 TBtools- II 软件 Heatmap 程序绘制同源性热图^[26]。应用 MEGA 11 软件 phylogeny 程序进行建树。采用 Neighbor Joining 方法，bootstrap method 重复 1 000 次，采用默认模型进行全基因组遗传进化分析。

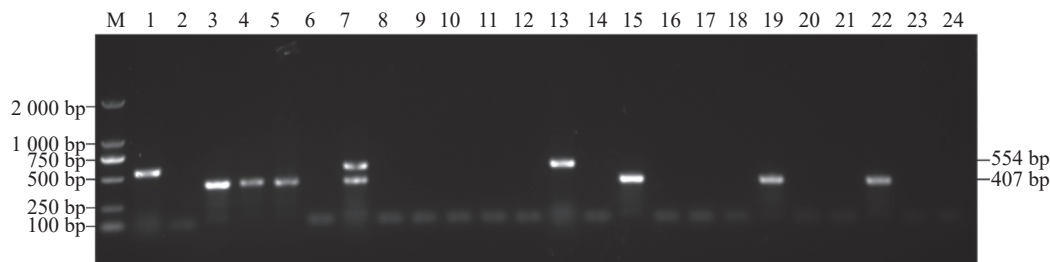
将获得共感染毒株的 Rep 及 Cap 蛋白氨基酸序列与 NCBI 数据库中的相应蛋白进行比较。应用 MegAlign 程序分别进行 GoCV 和 DuCV 主要功能蛋白同源性分析。应用在线程序 BepiPred 3.0 Server 预测分析共感染毒株的主要功能 Cap 蛋白 B 细胞抗原表位。

为研究是否存在重组的事件，将采集的自然共感染病例样本与 GoCV 和 DuCV 参考序列进行比较。使用重组检测程序 RDP5 的默认设置对序列进行分析，并应用 Simplot 3.5.1 进行验证。

2 结果与分析

2.1 GoCV 与 DuCV 检测

对采集的鹅组织样品进行 GoCV 与 DuCV 的 PCR 检测，检出大小为 407 bp 和 554 bp 的两条目的条带，其中 407 bp 的扩增片段为 GoCV，554 bp 大小的扩增片段为 DuCV，片段大小与预期相符。在 153 份样品中，共检测出 53 份 WFCV 核酸阳性，阳性率达 34.6%。其中，GoCV 阳性样品 47 份，阳性率为 30.7%（47/153），DuCV 阳性样品 5 份，阳性率为 3.3%（5/153），而一份来自安徽的鹅组织中同时检出 GoCV 与 DuCV，部分结果如图 1 所示。



M: DNA 分子量标尺 DL2000; 1~24: 临床鹅样品; 7: 安徽来源 GoCV 和 DuCV 共感染样品。

M: DNA marker DL2000; 1–24: clinical specimens from geese; 7: sample of Anhui-origin containing both GoCV and DuCV.

图1 部分临床样品 GoCV 与 DuCV PCR 扩增

Fig. 1 PCR amplification on GoCV and DuCV of some clinical samples

2.2 共感染病例病毒序列分析

2.2.1 全基因组分子特征及同源性分析

全基因组测序结果显示,共感染病例中的 GoCV Go-AH2367 株基因组全长 1821 nt, ORF V1 长 882 nt, 编码 293 个氨基酸的 Rep 蛋白; ORF C1 长 753 nt, 编码 250 个氨基酸的 Cap 蛋白。共感染病例中的 DuCV Du-AH2367 株基因组全长 1992 nt, ORF V1 长 879 nt, 编码 292 个氨基酸 Rep 蛋白; ORF C1 长 774 nt, 编码 257 个氨基酸的 Cap 蛋白。

获得的 Go-AH2367 株与 Du-AH2367 株的全基因组序列之间的同源性仅为 69%。两株 WFCV 基因序列与已发布的 GoCV 和 DuCV 毒株序列同源性分析表明 (图 2), GoCV Go-AH2367 株与 GoCV (KR869727.1~AF536933.1) 的全基因组序列同源性在 82.9%~99.0%, 与 DuCV-1 (MN078102.1~PP056136.1) 的同源性在 78.5%~79.5%, 与 DuCV-2 (MN928806.1~

ON227557.1) 的同源性在 79.2%~81.0%, 与 DuCV-3 病毒株 (OP432310.1) 的同源性仅为 70.9%。DuCV 病毒株 Du-AH2367 株全基因序列与 DuCV-1 (EU344803.1~OR134489.1) 的同源性最高, 在 93.2%~99.7%, 与 DuCV-2 (MK814585.1~MN928807.1) 的序列同源性在 83.2%~92.9%, 而与 DuCV-3 株的序列同源性较低, 仅为 73.7% (OP432310.1), 与 GoCV (KR869727.1~AF536933.1) 的同源性仅为 66.1%~68.8%。

2.2.2 全基因组遗传进化分析

将本研究获得的 GoCV Go-AH2367 与 DuCV Du-AH2367 株与 GenBank 数据库中的 30 株 GoCV、45 株 DuCV 全基因组序列进行遗传进化分析。结果 (图 3) 显示, Go-AH2367 株处于 GoCV 病毒株进化分支中, 与 2015 年山东的鹅源 GoCV 株 Shandong (KT387277.1) 遗传距离最近, 与 2012 年波兰的鹅病毒株 2GK (KR869727.1) 及 2014 年波兰的鹅病毒

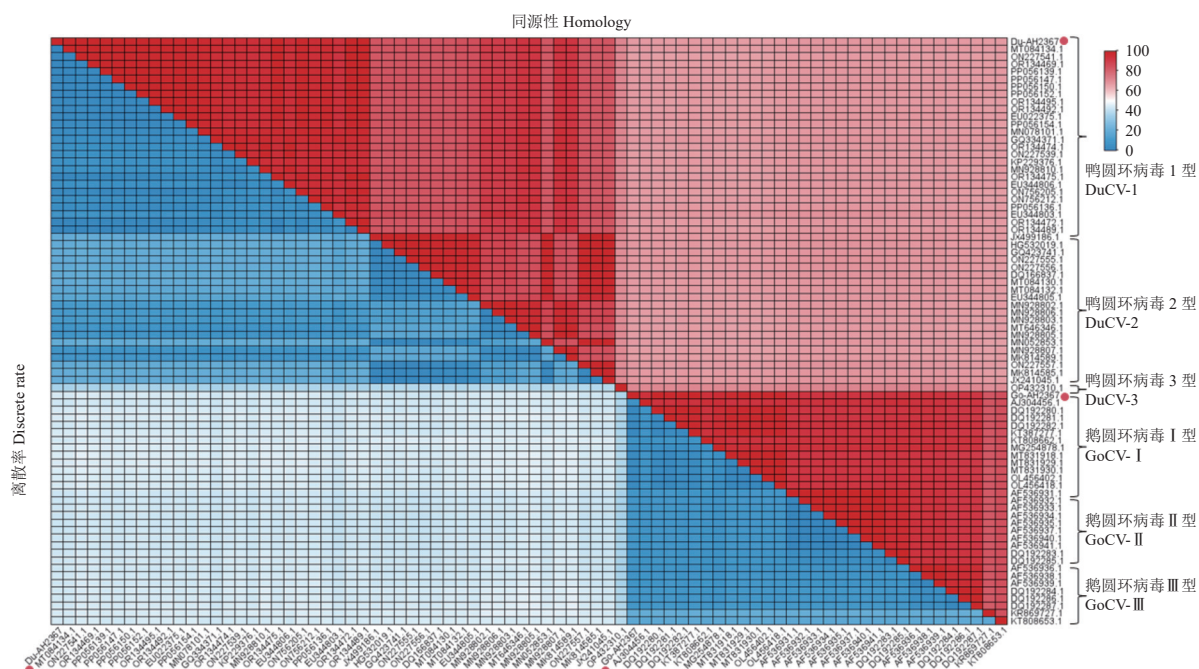


图2 共感染样品中 GoCV 和 DuCV 与参考毒株的全基因组同源性热图分析

Fig. 2 Heat map of genome-wide homology between Go-AH2367 and Du-AH2367 and reference strains

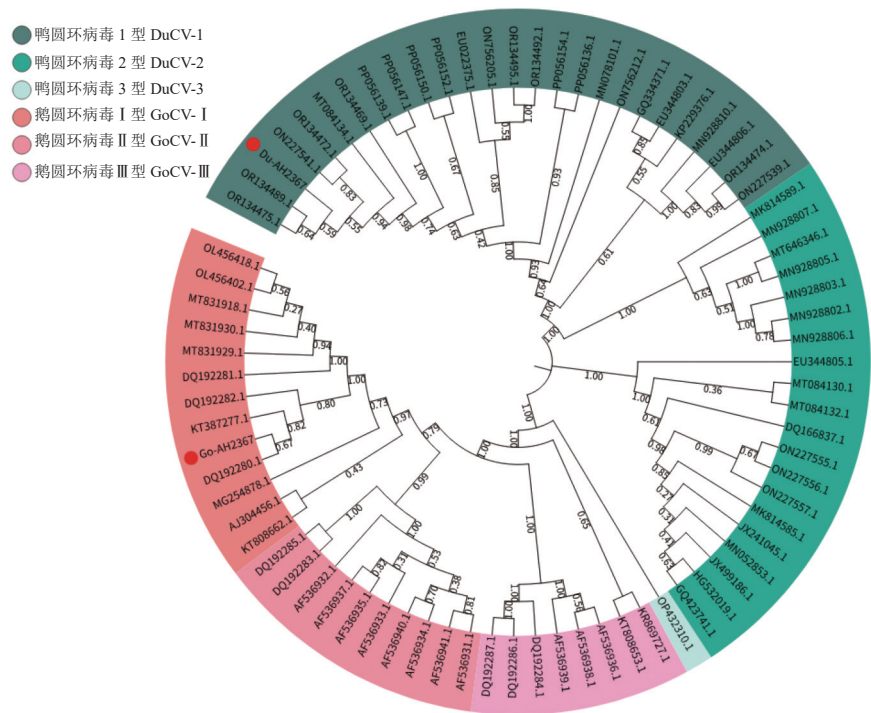


图 3 GoCV 与 DuCV 全基因组遗传进化树

Fig. 3 Phylogenetic tree based on whole genome of GoCV and DuCV

株 DG5 (KT808653.1) 遗传距离较远。DuCV Du-AH2367 株处于 DuCV 大进化分支中，与 DuCV-1 病毒株处于同一小进化分支，与广西 2022 年的鸭源 DuCV 株 DuCV-GX51-2022 (OR134489.1) 和 2020 年鸭源 DuCV 株 DuCV-GX28-2020 (OR134475.1) 亲缘关系最近。

2.2.3 共感染病毒基因组重组分析

使用 RDP5 分别对 GoCV Go-AH2367 和 DuCV Du-AH2367 以及 GenBank 数据库中 76 株 WFCV 基因组序列 (46 株 DuCV 和 30 株 GoCV) 参考序列进行重组分析。结果显示 GoCV Go-AH2367 和 DuCV Du-AH2367 与参考序列之间均未发生重组事件。

2.2.4 GoCV Go-AH2367 毒株主要功能蛋白变异分析

GoCV Go-AH2367 毒株 ORF V1 基因编码氨基酸序列同源性分析结果表明，GoCV Go-AH2367 ORF V1 与 GenBank 数据库中 GoCV ORF V1 同源性为 92.15%~100%，与 DuCV ORF V1 的同源性在 81.2%~84.2%，与 2015 年山东的鹅源 GoCV 株 Shandong (ALZ45069.1) 氨基酸序列同源性达 100%。ORF C1 基因编码氨基酸序列同源性分析结果显示，Go-AH2367 株 ORF C1 与 GenBank 数据库中的 GoCV ORF C1 同源性为 79.9%~100%，与 GenBank 数据库中的 DuCV-1 ORF C1 序列同源性为 45.0%~48.8%，与 2015 年山东鹅源 GoCV 株 Shandong (ALZ45071.1) 及 2005 年浙江鹅源 GoCV 病毒株

yk3 (ABA39142.1) ORF C1 同源性高达 100%。

GoCV Go-AH2367 毒株 ORF V1 长 882 nt，编码一个由 293 个氨基酸组成的 Rep 蛋白，该蛋白上与滚环复制相关的 3 处功能基序 I (FTINNP)、II (TPHLQGF)、III (YCSKE)，及病毒 dNTP 结合域超家族解旋酶基序 Walker A (GRPGSGKS R) 和 B (DDFYGW) 均高度保守；ORF C1 长 753 nt，编码一个由 250 个氨基酸组成的 Cap 蛋白，与已发布的基因 I 型 GoCV (GoCV-I) Cap 蛋白 8 个 B 细胞抗原表位 (18–22 nt、57–65 nt、72–84 nt、94–104 nt、127–168 nt、179–190 nt、195–199 nt、220–231 nt) 高度保守，与 GoCV-II 和 GoCV-III 在这些表位分别存在 3 个和 5 个位点差异 (图 4)。

2.2.5 DuCV Du-AH2367 毒株主要功能蛋白变异分析

DuCV Du-AH2367 毒株 ORF V1 基因编码氨基酸序列同源性分析结果表明，DuCV Du-AH2367 ORF V1 与 GenBank 数据库中的 GoCV ORF V1 序列同源性为 82.2%~85.1%，与 DuCV-1 ORF V1 的同源性为 96.2%~100.0%，与 DuCV-2 ORF V1 的同源性为 92.8%~99.7%，与 DuCV-3 ORF V1 的同源性为 89%，与 2018 年山东鸭源 DuCV 病毒株 SDHZ1223 (QIP76518.1) 等多株 DuCV-1 的 ORF V1 核苷酸序列同源性达 100%。Du-AH2367 株 ORF C1 与 GenBank 数据库中的 GoCV ORF C1 的同源性为 46.9%~51.4%，与 GenBank 数据库中的 DuCV-1 ORF

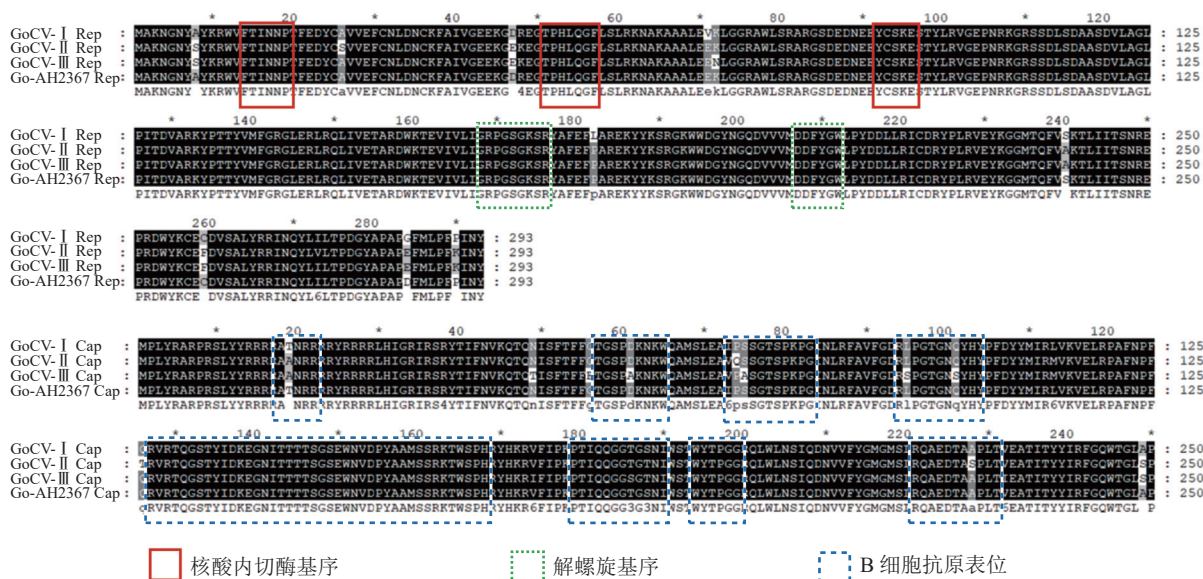


图 4 GoCV 蛋白主要功能基序比较分析

Fig. 4 Major functional motifs of GoCV proteins

C1 的同源性为 92.6%~99.6%，与 DuCV-2 ORF C1 的同源性为 86%~94.6%，与 DuCV-3 ORF C1 的同源性为 50.8%，差异较大，与 2018 年山东鸭源 DuCV 病毒株 SDHZ1223 (QIP76519.1) 等多株 DuCV-1 的 ORF C1 序列同源性高达 99.6%。

DuCV Du-AH2367 毒株 ORF V1 长 879 nt，编码一个由 292 个氨基酸组成的 Rep 蛋白。该蛋白含有滚环复制相关及 dNTP 结合域超家族解旋酶基序等多个功能基序，这些基序与已报道的基因 1 型 DuCV 毒株高度一致。ORF C1 长 774 nt，编码一个由 257 个氨基酸组成的 Cap 蛋白，与 DuCV-1 Cap 蛋白 6 个 B 细胞抗原表位 (5-32 nt、56-88 nt、101-113 nt、130-139 nt、147-195 nt、229-235 nt) 高度保守，与 DuCV-2 和 DuCV-3 在这些表位分别存在 11 个和 110 个位点差异 (图 5)。

3 讨论

水禽圆环病毒可引起禽生长迟缓、腹泻和羽毛脱落等，损伤免疫器官，并引起因淋巴细胞严重减少的免疫抑制性疾病^[27-29]。已有的病例报道表明两种 WFCV 具有各自的易感动物，具有明显的种属特异性，GoCV 仅感染不同品种和日龄的鹅，DuCV 仅感染不同品种和日龄的鸭^[30]。赵光伟等^[18]于 2009 年首次报道了自重庆一例患病鹅中检测到 DuCV；2024 年本团队在评估建立的鸭圆环病毒新型检测技术特异性时，自早期收集的 27 份患病鹅样品中检测到 3 份 DuCV-2 阳性样品^[22]；Xu 等^[20]也报道自 2021 年和 2022 年收集的鹅组织样品中分别检测到

DuCV-1 和 DuCV-2。与鹅群中出现了 DuCV 跨种感染类似，鸭群中同样检测到 GoCV 的跨种感染。2013 年 Shehata 等^[19]从观赏鸭中检测到 1 例 GoCV 阳性样品；2024 年 Xu 等^[21]开展鸭圆环病毒分子流行病学调查时发现，从河南和安徽的两家养鸭场采集的 10 份样品中均检测到 GoCV，WFCV 感染呈现出了极为复杂的流行态势。

本研究对收集的 153 份鹅样品进行 GoCV 和 DuCV 检测发现，鹅群水禽圆环阳性率高达 34.6% (53/153)，其中 GoCV 单纯感染的鹅阳性样品占总阳性样品的 88.7% (47/53)，DuCV 单纯感染的鹅阳性样品占总阳性样品 9.4% (5/53)，另外还发现 1 例 GoCV 和 DuCV 共感染阳性样品。可见，鹅群中 WFCV 感染呈现病毒生态多样性，以 GoCV 感染为主，同时还存在 DuCV 的跨种感染，以及 GoCV 和 DuCV 的共感染的情况。经病例回访跟踪调查，该样品来源于安徽一家鸭、鹅混养的农户送检的鹅病例，实验室的病原检测发现该病例还存在小鹅瘟病毒感染。可见该病例存在较为严重的多病原共感染现象，这可能与水禽的饲养方式有关。尽管网床平养、笼养等设施化养殖模式已在我国水禽 (尤其是肉鸭) 养殖中广泛应用，但东南沿海地区的水禽养殖户或农户仍较多地采用地面早养或地面加水域圈养等方式，且存在鸡、鸭、鹅混养现象，这些因素为 GoCV 和 DuCV 在水禽中的广泛流行及交叉跨种感染提供了有利条件。

本研究在鹅中发现的共感染病例是迄今发现的全球首例 GoCV 和 DuCV 共感染病例。对共感染鹅

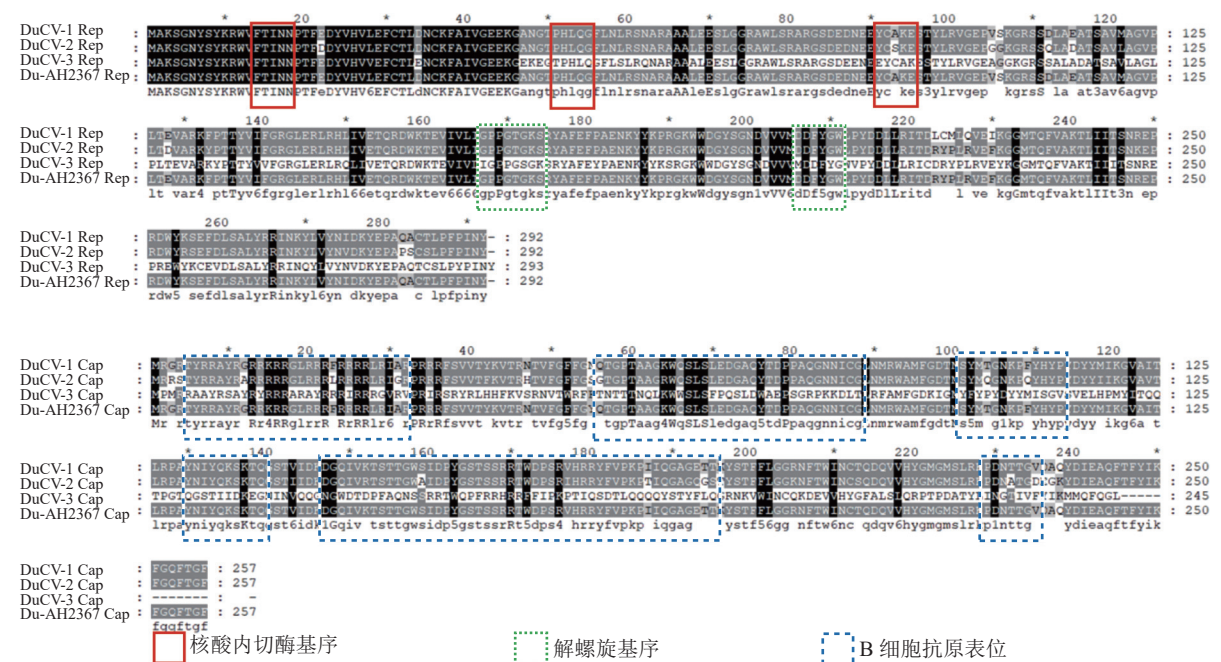


图 5 DuCV 蛋白主要功能基序比较分析

Fig. 5 Major functional motifs of DuCV proteins

病例样品中的 GoCV 与 DuCV 的全基因组分子特征、遗传进化、ORF V1 和 ORF C1 编码的蛋白氨基酸变异分析表明，二者的基因组均未出现基因重组、插入或缺失等显著变异，两个主要的功能蛋白的重要功能基序高度保守。但临床上 GoCV 与 DuCV 交叉跨种感染及共感染病例的出现无疑为 WFCV 的防控提出了更严峻的挑战，尤其是共感染的出现是否导致更复杂、更严重的临床发病还有待进一步研究。GoCV 和 DuCV 相互间的交叉跨种感染已是一个不容忽视的问题，对 WFCV 病的诊断与防控造成了严峻考验。深入了解水禽中圆环病毒感染情况，对保障水禽健康养殖、制定科学防控策略具有重要意义。

4 结论

本研究应用 PCR 技术对鹅群中水禽圆环病毒开展流行检测发现，当前鹅群中的 GoCV 和 DuCV 水禽圆环病毒流行较严重，呈现病原生态多样性，除检测到 DuCV 的跨种感染外，还发现首例 GoCV 和 DuCV 共感染病例。基因组序列分析表明该自然共感染病例中的 GoCV 和 DuCV 遗传稳定，未发生明显的遗传变异现象。研究结果将为今后深入开展 WFCV 跨种感染的分子机制研究及鹅 WFCV 病的防治策略制定提供科学依据。

参考文献：

[1] TODD D, WESTON J H, SOIKE D, et al. Genome sequence

determinations and analyses of novel circoviruses from goose and pigeon[J]. *Virology*, 2001, 286(2): 354–362.

[2] SOIKE D, KOHLER B, ALBRECHT K. A circovirus-like infection in geese related to a runting syndrome[J]. *Avian Pathology*, 1999, 28(2): 199–202.

[3] HATTERMANN K, SCHMITT C, SOIKE D, et al. Cloning and sequencing of duck circovirus (DuCV)[J]. *Archives of Virology*, 2003, 148(12): 2471–2480.

[4] STENZEL T, FARKAS K, VARSANI A. Genome sequence of a diverse goose circovirus recovered from greylag goose[J]. *Genome Announcements*, 2015, 3(4): e00767–15.

[5] KOZDRUŃ W, WOŹNIAKOWSKI G, SAMOREK-SALAMONOWICZ E, et al. Viral infections in goose flocks in Poland[J]. *Polish Journal of Veterinary Sciences*, 2012, 15(3): 525–530.

[6] 万春和, 施少华, 程龙飞, 等. 朗德鹅圆环病毒全基因组序列测定和遗传演化分析[J]. *中国动物传染病学*, 2010, 18(4): 6–12.

WAN C H, SHI S H, CHENG L F, et al. Genomic cloning and sequence analysis of circovirus from Landes geese[J]. *Chinese Journal of Animal Infectious Diseases*, 2010, 18(4): 6–12. (in Chinese)

[7] 余旭平, 郑新添, 何世成, 等. 鹅圆环病毒浙江永康株全基因组的克隆及序列分析[J]. *微生物学报*, 2005, 45(6): 860–864.

YU X P, ZHENG X T, HE S C, et al. Cloning and analysis of the complete genome of a Goose circovirus from Yongkang Zhejiang[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2005, 45(6): 860–864. (in Chinese)

[8] SCOTT A N J, BECKETT A, SMYTH J A, et al. Serological diagnosis of goose circovirus infections[J]. *Avian Pathology*, 2006, 35(6): 495–499.

[9] CHEN C L, CHANG P C, LEE M S, et al. Nucleotide sequences of

- goose circovirus isolated in Taiwan[J]. *Avian Pathology*, 2003, 32(2): 165–171.
- [10] CHEN J D, WANG H, PEI H, et al. The prevalence, coinfection, and evolutionary and molecular characteristics of prevalent goose circovirus in Guangdong, China[J]. *Avian Diseases*, 2021, 65(4): 559–571.
- [11] BANDA A, GALLOWAY-HASKINS R I, SANDHU T S, et al. Genetic analysis of a duck circovirus detected in commercial Pekin ducks in New York[J]. *Avian Diseases*, 2007, 51(1): 90–95.
- [12] FRINGUELLI E, SCOTT A N J, BECKETT A, et al. Diagnosis of duck circovirus infections by conventional and real-time polymerase chain reaction tests[J]. *Avian Pathology*, 2005, 34(6): 495–500.
- [13] CHEN C L, WANG P X, LEE M S, et al. Development of a polymerase chain reaction procedure for detection and differentiation of duck and goose circovirus[J]. *Avian Diseases*, 2006, 50(1): 92–95.
- [14] LEI X N, WANG A P, ZHU S Y, et al. From obscurity to urgency: A comprehensive analysis of the rising threat of duck circovirus[J]. *Veterinary Research*, 2024, 55(1): 12.
- [15] 陈济钊, 陈冈, 牛森, 等. 广东鹅源圆环病毒分子流行病学调查与毒株遗传进化分析[J]. 中国家禽, 2020, 42(4): 97–102.
- CHEN J D, CHEN G, NIU S, et al. Epidemiological investigation and genome analysis of goose circovirus in Guangdong of China[J]. *China Poultry*, 2020, 42(4): 97–102. (in Chinese)
- [16] LIU H, LI L X, SUN W C, et al. Molecular survey of duck circovirus infection in poultry in southern and southwestern China during 2018 and 2019[J]. *BMC Veterinary Research*, 2020, 16(1): 80.
- [17] TRAN G T H, MAI N T, BUI V N, et al. Duck circovirus in northern Vietnam: Genetic characterization and epidemiological analysis[J]. *Archives of Virology*, 2022, 167(9): 1871–1877.
- [18] 赵光伟, 谭雅文, 李金凤, 等. 重庆地区一例鹅感染鸭圆环病毒病的 PCR 诊断[J]. 畜禽业, 2009, 20(6): 66–68.
- ZHAO G W, TAN Y W, LI J F, et al. Diagnosis of duck circovirus infected the goose by PCR in Chongqing area[J]. *Livestock and Poultry Industry*, 2009, 20(6): 66–68. (in Chinese)
- [19] SHEHATA A A, GERRY D M, HEENEMANN K, et al. Goose parvovirus and circovirus coinfections in ornamental ducks[J]. *Avian Diseases*, 2016, 60(2): 516–522.
- [20] XU S Q, MAN Y Z, XU X, et al. Genetic heterogeneity of duck circovirus first detected in geese from China[J]. *Poultry Science*, 2024, 103(12): 104284.
- [21] XU S Q, MU X H, XU X, et al. First report of goose circovirus identified in ducks from China[J]. *Poultry Science*, 2024, 103(8): 103936.
- [22] FU H R, ZHAO M, CHEN S Y, et al. Simultaneous detection and differentiation of DuCV-1 and DuCV-2 by high-resolution melting analysis[J]. *Poultry Science*, 2024, 103(4): 103566.
- [23] GUO J, TIAN J, TAN X, et al. Pathological observations of an experimental infection of geese with goose circovirus[J]. *Avian Pathology*, 2011, 40(1): 55–61.
- [24] 万春和, 黄瑜. 鹅圆环病毒研究进展[J]. 中国家禽, 2015, 37(9): 46–48.
- WAN C H, HUANG Y. Research progress in goose circovirus[J]. *China Poultry*, 2015, 37(9): 46–48. (in Chinese)
- [25] 王梦鸽, 黄瑜, 傅秋玲, 等. 鸭圆环病毒和鹅圆环病毒三引物鉴别检测方法的建立[J]. 福建农业学报, 2023, 38(1): 7–11.
- WANG M G, HUANG Y, FU Q L, et al. Establishment of a triple-primer multiplex PCR assay for discriminative detection of duck and goose circoviruses[J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2023, 38(1): 7–11. (in Chinese)
- [26] CHEN C J, WU Y, LI J W, et al. TBtools-II: A “one for all, all for one” bioinformatics platform for biological big-data mining[J]. *Molecular Plant*, 2023, 16(11): 1733–1742.
- [27] TODD D. Circoviruses: Immunosuppressive threats to avian species: A review[J]. *Avian Pathology*, 2000, 29(5): 373–394.
- [28] SOIKE D, ALBRECHT K, HATTERMANN K, et al. Novel circovirus in mulard ducks with developmental and feathering disorders[J]. *Veterinary Record*, 2004, 154(25): 792–793.
- [29] 黄瑜, 万春和, 彭春香, 等. 鸭圆环病毒感染的临床症状[J]. 中国家禽, 2013, 35(5): 47–48.
- HUANG Y, WAN C H, PENG C X, et al. Clinical symptoms of duck circovirus infection[J]. *China Poultry*, 2013, 35(5): 47–48. (in Chinese)
- [30] 傅光华, 程龙飞, 施少华, 等. 鸭圆环病毒全基因组克隆与序列分析[J]. 病毒学报, 2008, 24(2): 138–143.
- FU G H, CHENG L F, SHI S H, et al. Genome cloning and sequence analysis of duck circovirus[J]. *Chinese Journal of Virology*, 2008, 24(2): 138–143. (in Chinese)

(责任编辑: 张梅)