

## Establishment of multiple sublineages of H5N1 influenza virus in Asia: Implications for pandemic control

H. Chen<sup>†‡</sup>, G. J. D. Smith<sup>†‡</sup>, K. S. Li<sup>†</sup>, J. Wang<sup>†</sup>, X. H. Fan<sup>†</sup>, J. M. Rayner<sup>†‡</sup>, D. Vijaykrishna<sup>†‡</sup>, J. X. Zhang<sup>†‡</sup>, L. J. Zhang<sup>†‡</sup>, C. T. Guo<sup>†</sup>, C. L. Cheung<sup>†‡</sup>, K. M. Xu<sup>†‡</sup>, L. Duan<sup>†‡</sup>, K. Huang<sup>†</sup>, K. Qin<sup>†‡</sup>, Y. H. C. Leung<sup>†</sup>, W. L. Wu<sup>†‡</sup>, H. R. Lu<sup>†</sup>, Y. Chen<sup>§</sup>, N. S. Xia<sup>§</sup>, T. S. P. Naipospos<sup>¶</sup>, K. Y. Yuen<sup>†</sup>, S. S. Hassan<sup>||</sup>, S. Bahri<sup>¶</sup>, T. D. Nguyen<sup>\*\*</sup>, R. G. Webster<sup>††††</sup>, J. S. M. Peiris<sup>†‡</sup>, and Y. Guan<sup>†‡,††</sup>

<sup>†</sup>Joint Influenza Research Centre (Shantou University Medical College and Hong Kong University), Shantou University Medical College, Shantou, Guangdong 515031, China; <sup>‡</sup>State Key Laboratory of Emerging Infectious Diseases, Department of Microbiology, University of Hong Kong, Faculty of Medicine Building, 21 Sassoon Road, Pokfulam, Hong Kong SAR, China; <sup>§</sup>Research Center for Medical Molecular Virology of Fujian Province, Xiamen University, Xiamen, Fujian 361005, China; <sup>¶</sup>Ministry of Agriculture and Animal Health, Government of Indonesia, Pasar Minggu, Jakarta Selatan 12550, Indonesia; <sup>||</sup>Veterinary Research Institute, 31 400 Ipoh, Malaysia; <sup>\*\*</sup>National Institute of Veterinary Research, Dong Da, Hanoi, Vietnam; and <sup>††††</sup>Virology Division, Department of Infectious Diseases, St. Jude Children's Research Hospital, Memphis, TN 38105

Op 21 februari 2006 gepubliceerd in  
*Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*

**SAMENVATTING** (van de voor trekvogels relevante resultaten)  
*opgesteld door Drs. Tom van der Have, Wageningen Universiteit*

### Resultaten

In drie winterperiodes (2002-2005) heeft een internationaal team van 28 onderzoekers (Chen et al.) 13.115 vogels onderzocht in China (Poyangmeer en Qinghaimeer) en Hong Kong (Mai Po Marshes), waaronder 4.674 individuen van trekkende eendensorten (waaronder Wilde eend, Bronskopeend, Vlekbekeend). Daarnaast hebben zij in zeven Chinese provincies regelmatig pluimvee onderzocht op markten (ruim 50.000 in totaal). Alle geïsoleerde virustypes (69) werden vergeleken met 59 virustypes vastgesteld in Indonesië, Maleisië en Vietnam.

De auteurs hebben HPAI (hoogpathogene aviare influenza) H5N1 virussen vastgesteld in zes ogenschijnlijk gezonde eenden in Lake Poyang in januari en maart 2005 net voor hun migratie noordwaarts. Dit resultaat betekent dat HPAI H5N1 virus gevonden kan worden in ogenschijnlijk gezonde eenden die op trek zijn. HPAI H5N1 werd in 1 procent van het onderzochte pluimvee vastgesteld.

Pathogeniciteitsproeven lieten zien dat de meeste Wilde eenden de besmetting met het HPAI H5N1 virustype, dat uit trekvogels was geïsoleerd, overleefden en gedurende het gehele experiment virus uitscheidde. Omdat de meeste eenden overleefden, bestaat de kans dat trekkende eenden HPAI H5N1 bij zich kunnen dragen en interregionaal kunnen verspreiden gedurende de migratieperiode.

De onderzoekers stelden in totaal zeven verschillende stammen vast die globaal corresponderen met hun geografische herkomst. Een van deze stammen (met twee genotypen) is vrijwel uitsluitend in trekvogels vastgesteld. De virustypen die in mee 2005



in het Qinhaimeer, centraal China, werden vastgesteld zijn terug te brengen tot de virustypen die in januari en maart 2005 zijn gevonden in het Poyangmeer in zuidoost China. Dit resultaat laat zien dat trekkende watervogels het virus over grote afstanden kunnen verspreiden (ten minste 1700 km). In sommige provincies in zuid China werden meerdere virustypen gevonden. Dit resultaat suggereert dat er transport van besmet pluimvee is geweest tussen verschillende Chinese provincies.

### ***Discussie***

De genetische verwantschap van de virustypen die in het Poyangmeer en Qinghaimeer zijn gevonden is een sterke aanwijzing dat trekkende watervogels HPAI H5N1 over grote afstanden kunnen verspreiden. Dit wordt mede bevestigd door de pathogeniciteitstesten en het feit dat HPAI H5N1 uit levende, gezonde wilde eendensoorten is geïsoleerd. Hetzelfde virustype is ook vastgesteld in Siberië [*en westelijker tot zuid Oeral en Astrakhan, en vermoedelijk ook in Europa en Nigeria, opm TvdH*].

Precursors (voorlopers) van de virustypen die in trekkende watervogels zijn geïsoleerd zijn vastgesteld in pluimvee in zuid China. Dit maakt het waarschijnlijk dat trekkende eenden in hun overwinteringgebieden in zuid China zijn besmet door lokaal pluimvee. Dit zou betekenen dat de oorsprong van HPAI H5N1 in trekkende watervogels uiteindelijk bij door mensen gehouden pluimvee ligt.

In een eerdere publicatie (Chen et al. Nature 14 juli 2005) voorspelden dat het H5N1 virus zich via overlappende trekroutes naar Europa zou kunnen verspreiden. Hun voorspelling lijkt te zijn uitgekomen.

Drs. Tom van der Have,  
Project leader Ecology, Resource Ecology Group  
Wageningen University, Bornsesteeg 69,  
6708 PD WAGENINGEN (building 119 room k67)  
Tel. 0317 483 806, of 0610 662 229  
E: [Tom.vanderhave@wur.nl](mailto:Tom.vanderhave@wur.nl)  
W: <http://www.reg.wur.nl/uk>