

# 新西兰鸟类人畜共患虫媒病毒的监测

Daniel Tompkins<sup>a</sup>, Cheryl Johansen<sup>b</sup>, Richard Jakob-Hoff<sup>c</sup>, David Pulford<sup>d</sup>, Isabel Castro<sup>e</sup>和Graham Mackereth<sup>f</sup>

通讯作者: Daniel Tompkins (e-mail: tompkinsd@landcareresearch.co.nz)。

**背景:** 鉴于新发传染病对全球经济和公共健康的显著影响, 对潜在的传染病进行监测、控制及早期应对是十分重要的。本研究目的是对新西兰四个地区多种鸟类已知的和其他潜在的人畜共患虫媒病毒进行调查。

**方法:** 在南半球的两个夏季对常见鸟类进行有针对性的采血。采用抗原阻断酶免疫法对两个夏季的血清(分别为185份和693份)进行黄病毒抗体检测。对第一个夏天有足够量血清的22份标本, 进行了甲病毒属特异性抗体检测。对第二个夏季的544份血凝块, 采用聚合酶链反应(PCR)进行了甲病毒属和黄病毒属筛查, 并对146份标本进行了病毒分离。

**结果:** 13份标本检出黄病毒抗体, 一个地点采集的1只澳大利亚塘鹅(澳洲鳾鸟)罗斯河病毒抗体阳性。PCR检测和病毒分离结果均为阴性。

**讨论:** 凯库拉半岛和霍克斯湾拐子角海鸟黄病毒暴露的证据表明, 70年代末在新西兰海鸟及其相关蜱中分离到的病毒现在仍存在着。凯库拉半岛、霍克斯湾拐子角和莫科亚岛的雀形目鸟类中黄病毒暴露的证据为新发现。罗斯河病毒也是新发现, 支持迁徙海鸟是将这些病原体传入新西兰重要途径的假设。

**新**发传染病(Emerging infectious diseases, EIDs), 指致病因子在宿主范围、地理范围或流行程度迅速增加的疾病, 其对全球公众健康的威胁已成为共识<sup>[1]</sup>, 且自20世纪中叶以来, 新发传染病的发生率呈上升趋势<sup>[2]</sup>。风险分析显示新发传染病的出现受多种因素的影响, 包括社会经济状况<sup>[2,3]</sup>、气候和土地利用的变化<sup>[4,5]</sup>以及病原体的污染(人为活动造成病原体的全球扩散)<sup>[6]</sup>。鉴于新发传染病对全球经济和公共健康的显著影响<sup>[1,7]</sup>, 对潜在的传染病威胁进行监测、控制及早期应对是十分重要的<sup>[4,8]</sup>。响应这些全球性关注, 新西兰倡导对本土野生动物、家养动物以及公共健康领域, 增强开展潜在性疾病威胁的主动监测<sup>[9-15]</sup>。

新西兰既往记录的与野生动物有关的潜在人畜共患病毒有4种, 3种为黄病毒, 即约翰斯顿环礁病毒(Johnston Atoll virus)<sup>[16,17]</sup>、索马里兹里夫病毒(Saumarez Reef virus)、1种未命名的休斯组病毒(Hughes group virus)<sup>[17]</sup>, 另1种为甲病毒(沃达罗河病毒, Whataroa virus)<sup>[18]</sup>。黄病毒均为蜱传病毒, 自20世纪70年代晚期发现以来一直没有进行过大量研究。约翰斯顿环礁病毒与夸兰菲尔群病毒(Quaranfil group of viruses)密切相关, 而且已从人类有症状病例中分离出<sup>[16]</sup>, 推测人类可能对约翰斯顿环礁病毒易感<sup>[16,19]</sup>。索马里兹里夫病毒被认为是澳大利亚索马里兹和弗雷德里克礁气象工作者发热性疾病的病原体<sup>[20]</sup>。一种与休斯组病毒十分相近的索尔达多病毒(Soldado virus), 在国外已经被认为是导致人类发病的病原

体<sup>[21]</sup>。沃达罗河病毒是一种由蚊子传播的甲病毒, 属于辛德毕斯病毒亚组, 在好几个国家具有公共卫生影响<sup>[22]</sup>。迄今为止, 仅在新西兰南岛的怀塔罗瓦镇周围的鸟类和两个当地特有蚊种(pervigilans库蚊和tonnoiri脉毛蚊)中检测到沃达罗河病毒<sup>[18]</sup>。

目前对这4种病毒的生态学及宿主相关性认识不足。本研究中, 我们在既往已有病毒记录的两个地点(凯库拉半岛和霍克斯湾拐子角, 图1)和有可能出现病毒的两个地点(蜱传病毒的穆里怀海滩和蚊传病毒的莫科伊阿岛), 针对这些病毒和其他潜在人畜共患病毒开展野生动物监测。这些地点也是传染性病原体进入新西兰的潜在性重要路径, 如迁徙的海鸟及其携带的蜱可能将西尼罗病毒传播到新西兰<sup>[23]</sup>。世界各国的研究者已对这一潜在的重要路径做过广泛讨论<sup>[24-27]</sup>, 新西兰面临的风险需要研究。

## 方法

### 研究地点

20世纪70年代, 在新西兰南岛东北海岸的凯库拉半岛, 从与红嘴鸥(澳洲银鸥)和白额燕鸥(白脸燕鸥)相关的蜱中分离到索马里兹里夫病毒和未命名的休斯组虫媒病毒, 并且从红嘴鸥的血中分离到休斯组病毒<sup>[17]</sup>。这些病毒的存在表明迁徙海鸟是潜在病毒输入的路径<sup>[23]</sup>。红嘴鸥繁殖后可飞行300公里以上, 并有一些红嘴鸥在横渡大洋时掉队的证据<sup>[28]</sup>。大批白额

<sup>a</sup> Landcare研究所, 新西兰丹尼丁。

<sup>b</sup> 西澳大利亚大学病理学和实验室科学院虫媒病毒监测与研究实验室, 澳大利亚。

<sup>c</sup> 新西兰保护医学中心, 新西兰奥克兰。

<sup>d</sup> 华莱士及赫特调查和诊断中心, 新西兰。

<sup>e</sup> 梅西大学农业与环境学院, 新西兰北斯顿。

<sup>f</sup> 环境科学与研究学院, 新西兰普里路亚。

投稿日期: 2013年8月5日; 刊发日期: 2013年11月6日

doi: 10.5365/wpsar.2013.4.3.002

燕鸥从新西兰迁徙到澳大利亚，根据绑有带标的鸟提示，最远飞行里程为2970公里，即从凯库拉飞到南澳大利亚(图2) [28]。

位于新西兰北岛东海岸的霍克斯湾拐子角半岛，是全国最大的澳洲塘鹅(澳洲鲣鸟)大陆栖息地。在20世纪70年代，从这些塘鹅相关蜱中分离到约翰斯顿环礁病毒，此外，在凯库拉半岛也分离到未命名的休斯组虫媒病毒 [16,17]。澳洲塘鹅是另一个潜在输入病毒的路径，绝大多数3个月内的幼小澳洲塘鹅飞越塔斯曼海 [28]，在澳大利亚水域一直生活到2-3岁(图2)，然后在3岁时作为非繁殖期或群栖的鸟类又返回到其出生和繁殖地。

位于奥克兰西海岸北部的穆里怀海滩，共有3个潜在输入路径。第一，它是澳大利亚塘鹅第二大的大陆栖息地；第二，该地点与奥克兰地区的主要航运港口和机场都很靠近(都是潜在外来媒介的输入地点)；第三，它是每年能吸引数千海外游客的旅游胜地。它位于该国北部，离澳大利亚和太平洋岛屿都很近(图2)。

罗托鲁瓦湖岛是一个1.35平方公里的小岛，位于新西兰北岛中部罗托鲁瓦湖的中间。当地已有蚊传禽类疟原虫感染当地鸟群的记录 [29]，使其成为可能有沃达罗河病毒等蚊媒病毒的潜在地点。此外，发光布谷鸟(*Chrysococcyx lucidus*，在莫科亚岛繁殖)会迁徙到俾斯麦(新不列颠岛)、所罗门群岛和其他太平洋岛屿 [28,30]，也是病原体入侵的潜在路径(图2)。莫科亚岛作为濒危鸟类迁移的地点，成为病毒在国内扩散的途径。

图1. 新西兰四个研究地点的地图



标本的采集

在南半球的两个夏季，在每个地点出现的常见鸟类都作为采样的对象，具体时间分别为2008年1-3月(四个地点)和2008年11月至2009年2月(仅凯库拉半岛、霍克斯湾拐子角和莫科伊阿岛)。用雾网捕获秃儿吸蜜鸟(*Prothemadera novaeseelandiae*)、北岛知更鸟(*Petroica longipes*)、北岛鞍背鸟(*Philesturnus rufusater*)和其他雀形目鸟类，绑上带编号的金属带

图2. 大洋洲区域图



(如果没有绑过), 并从肱静脉采集外周血样。使用25–27克无菌针头(取决于鸟的大小)静脉穿刺, 用毛细管收集血液(不超过体重1%)。

用手网捕捉红嘴海鸥和白额燕鸥, 用牧羊人使用的钩子来捕捉澳洲塘鹅。按照海鸥和燕鸥的捕捉方法从巢中用手直接抓小蓝企鹅(*Eudyptula minor*)。用饵笼引诱捕捉新西兰黑秧鸡(*Gallirallus australis*), 在罗托鲁瓦湖(莫科亚岛位于其中)海岸用雾网捕捉新西兰斑背潜鸭(*Aythya novaeseelandiae*)。绑好带编号的金属带后(如果没有绑过), 立即采集外周血。塘鹅、企鹅、海鸥、燕鸥、斑背潜鸭和新西兰黑秧鸡, 用带有25克无菌针头的注射器从跖骨静脉抽取1.0ml血液。小海鸥和燕鸥用25克无菌针头进行肱静脉穿刺, 用毛细管采集0.5毫升血液。

## 诊断试验

第一和第二个现场季节分别采集血清标本185份和693份, 使用抗原阻断酶免疫吸附试验筛查黄病毒, 具体方法参见文献<sup>[31,32]</sup>, 但不一样的是在加检测标本前, 使用灭活了病毒的细胞裂解物包被呈U形底的96孔板<sup>[33]</sup>。简单说, 在清洗剩余抗原和阻断物后, 将血清加入到96孔板中, 然后再加入黄病毒群反应性单克隆抗体3H6(澳大利亚汤斯维尔JCU热带生物技术有限公司)。检测结合的单克隆抗体, 应加入结合了山羊抗小鼠抗体的山葵过氧化物酶, 然后即可观察底物缓冲液酶的活动。以阴性对照血清作参照组, 测定光密度, 计算单克隆抗体被检测血清抑制的百分比。如果有足够量的血清标本, 当抑制百分比达30%及以上时, 再检测墨累山谷脑炎病毒(Murray Valley encephalitis virus) 3H6和特异性单克隆抗体10C6(澳大利亚汤斯维尔JCU热带生物技术有限公司)以及库京病毒(Kunjin virus) 3.1112G(澳大利亚珀斯西澳大利亚大学微生物学和免疫学学院), 这两种均是与澳大利亚输入有关的黄病毒<sup>[14]</sup>。当至少有一个3H6抑制百分比达50%及以上时, 认为检测样本黄病毒抗体阳性。该标准在重复检测的50份标本中得到了很好的验证; 而一些抑制百分比达40%的标本(实际上均在40%以上)在重新检测时结果不能确认。

对第一个研究季节有足够量剩余血清的标本(22份)也进行了甲病毒特异性抗体检测(罗斯河病毒、巴尔马森林病毒和辛德毕斯病毒, 两者都是澳大利亚输入的虫媒病毒<sup>[14,34]</sup>), 使用的血清中和试验方法参见文献<sup>[35]</sup>, 但用Vero细胞代替仓鼠幼鼠肾细胞。简单来说, 血清在96孔组织培养板中连续稀释, 使用50个感染剂量的病毒和Vero细胞组织培养5天。用显微镜检查各孔的细胞病变效应(CPE), 并采用没有发生CPE血清的最高稀释度倒数代表中和滴度。

重复两次中和滴度抑制百分比均达40%的样本确认为阳性。

使用群特异性逆转录PCR对第二个研究季节采集的血凝块(544份)进行筛查, 看是否存在黄病毒和甲病毒。除去血清后的血凝块于采集后4小时内置-70°C冻存。然后, 他们被均匀置于无菌病毒运输培养基中, 再微量离心为小球状碎片。收集的上清液直接使用Zymo公司RNA病毒试剂盒(美国加利福尼亚州尔湾市ZYMO 研究公司)进行萃取, 并重新悬浮在双蒸水中。对于黄病毒检测, 按照已公布的mFU1和CFD2引物, 进行nsp5PCR检测<sup>[36,37]</sup>。使用NSP4 AL-EF和AL-ER引物开展通用甲病毒的PCR检测<sup>[38]</sup>。两种PCR试验均使用Superscript III Platinum Taq Sybr Green的一步qRT-PCR主混法(美国加利福尼亚州卡尔斯巴德生命科技公司)在单管中完成反应。阳性反应者根据PCR产物的溶解曲线分析以及凝胶电泳和PCR扩增产物DNA测序加以确定。

在第二个研究季节采集的146份血块进行了病毒分离。将均质化血液上清液接种到VeroE6细胞培养物<sup>[39]</sup>, 经两代各5天培养, 并使用光学显微镜观察是否出现CPE。

## 结果

### 血清学

在第一个研究季节来自凯库拉半岛红嘴鸥和莫科伊阿岛北岛鞍背鸟的血清标本中检出黄病毒抗体(表1)。在第二个研究季节来自凯库拉半岛白额燕鸥的血清标本中, 黄病毒抗体的检出率较高(表1)。本次, 还在该地区的红嘴海鸥和雀形目鸟类、在霍克斯湾拐子角的小蓝企鹅和雀形目鸟、在莫科伊阿岛的雀形目鸟、新西兰黑秧鸡以及新西兰斑背潜鸭检出黄病毒抗体。重复检测的50份标本, 墨累山谷脑炎病毒及库京病毒均为阴性。

第一个研究季节的22份标本也进行了甲病毒特异性抗体检测(表2), 来自穆里怀海滩一只澳洲塘鹅罗斯河病毒抗体阳性, 并且两次重复试验的中和抗体滴度均为80。

### PCR和病毒分离

在第二个研究季节, 采用通用PCR试验对544份血凝块(来自凯库拉半岛、霍克斯湾拐子角和莫科伊阿岛)筛查甲病毒和黄病毒的结果均为阴性(表3)。146份血凝块病毒分离结果也为阴性(表3); 在经过VeroE6细胞两代病毒培养, 均没有观察到CPE, 用PCR对从这

表1. 第一个研究季节（2007/2008南半球夏季）和第二个研究季节（2008/2009南半球夏季）鸟类血清标本确认黄病毒抗体阳性结果

普通名	拉丁名	黄病毒中和抗体阳性数/总筛查数								合计
		霍克斯湾拐子角		穆里怀海滩		凯库拉半岛		摩库伊阿岛		
		2007/08	2008/09	2007/08	2008/09	2007/08	2008/09	2007/08	2008/09	
澳大利亚喜鹊	黑背锤鹀	-	0/1	-	-	-	-	-	-	0/1
澳大利亚塘鹅	南极水鸡	0/35	0/131	0/57	-	-	-	-	-	0/223
花鸡	苍头燕雀	-	0/1	-	-	-	0/7	-	-	0/8
黄道眉鸫	黄鸫	-	-	-	-	-	1/1	-	-	1/1
普通燕八哥	紫翅欧椋鸟	0/1	0/1	-	-	-	0/3	-	-	0/5
篱雀	林岩鸲	0/1	0/5	-	-	-	0/4	-	-	0/10
欧亚画眉	乌鸫	0/2	0/3	-	-	-	1/14	0/1	2/10	3/30
欧亚金翅雀	金翅雀	-	0/2	-	-	-	0/4	-	-	0/6
绿黄色科鸣鸟	欧金翅雀	0/3	0/3	-	-	-	1/5	-	-	1/11
家麻雀	家麻雀	0/6	0/34	-	-	-	0/11	-	-	0/51
小篮企鹅	小篮企鹅	-	2/17	-	-	0/7	0/10	-	-	2/34
新西兰斑背潜鸭	斑背潜鸭	-	-	-	-	-	-	-	1/12	1/12
北岛知更鸟	西兰鸫鹀	-	-	-	-	-	-	0/15	1/38	1/53
北岛鞍背鸟	北岛鞍背鸟	-	-	-	-	-	-	1/38	0/77	2/115
红嘴鸥	黑脊鸥	-	0/18	-	-	1/15	6/104	-	-	7/137
欧洲雀	灰胸秀眼鸟	0/3	0/11	-	-	-	-	-	-	0/14
画眉	鸥歌鸫	-	1/3	-	-	-	0/7	-	0/3	1/13
密雀	秃儿吸蜜鸟	-	-	-	-	-	-	0/1	2/28	2/29
新西兰黑秧鸡	新西兰秧鸡	-	-	-	-	-	-	-	1/8	1/8
喜燕	喜燕	-	0/3	-	-	-	-	-	-	0/3
白额燕鸥	白脸燕鸥	-	-	-	-	-	33/102	-	-	33/102
黄鸫	黄鸫	-	1/4	-	-	-	1/8	-	-	2/12
各地点合计		4/288		0/57		44/302		8/231		

些细胞培养物提取的RNA进行扩增，也没有检测到黄病毒。

## 讨论

基于既往记载的海鸟及其相关昆虫中存在的潜在人畜共患病毒和/或存在的潜在输入路径资料，本研究选择四个地区对鸟类带毒情况开展调查。研究结果显示这些选择研究现场的标准是合理的。证据显示既往海鸟

中分离到的黄病毒仍继续存在，还发现一种新型鸟类黄病毒以及与澳大利亚传入相关的迁徙鸟类甲病毒暴露。对于上述最后一项结果，在穆里怀海滩澳洲塘鹅发现了罗斯河病毒血清学抗体证据（澳大利亚导致人类发病最常见的蚊媒病原体<sup>[34]</sup>），这一新发现具有重要的公共卫生意义。

尽管黄病毒血清学阳性标准规定了3H6的抑制试验要重复检测，但因经常无法获得足够的血清（特别是

表2. 第一个研究季节（2007/08南半球夏季）鸟类血清标本确认特殊甲病毒抗体阳性结果\*

常用名	采样地点	阳性数	阴性数
澳大利亚塘鹅	霍克斯湾拐子角	0	4
澳大利亚塘鹅	穆里怀海滩	1 (RRV)	12
小篮企鹅	凯库拉半岛	0	1
红嘴鸥	凯库拉半岛	0	3
北岛鞍背鸟	摩库伊阿岛	0	1

\* 特殊甲病毒—罗斯河病毒（RRV）、巴尔马森林病毒、辛德毕斯病毒。拉丁名参见表1。

表3. 第二个研究季节(2008/09南半球夏季)血凝块标本甲病毒和黄病毒PCR检测及病毒分离结果\*

常用名	筛查甲病毒/黄病毒数			病毒分离筛查数	
	霍克斯湾拐子角	莫科亚岛	凯库拉半岛	霍克斯湾拐子角	摩库伊阿岛
澳大利亚喜鹊	—	—	—	1	—
澳大利亚塘鹅	54/54	—	—	22	—
花鸡	—	—	11/12	1	—
黄道眉鸫	—	—	0/1	—	—
普通燕八哥	—	—	1/3	1	—
篱雀	3/3	—	8/8	4	—
欧亚画眉	—	2/2	17/21	2	1
欧亚金翅雀	—	—	5/6	1	—
绿黄色科鸣鸟	—	—	2/7	1	—
家麻雀	9/9	—	34/35	24	—
小篮企鹅	—	—	11/11	17	—
北岛知更鸟	—	30/46	—	—	12
北岛鞍被鸟	—	54/54	—	—	20
红嘴鸥	1/1	—	119/119	11	—
欧洲雀	10/10	—	—	12	—
画眉	2/2	1/1	8/10	3	1
密雀	—	6/6	—	—	3
新西兰黑秧鸡	—	3/3	—	—	3
喜燕	—	—	—	3	—
白额燕鸥	—	—	0/103	—	—
黄鹨	2/2	—	13/15	3	—
各地点合计	81/81	96/112	228/351	106	40

\* 所有试验均为阴性。拉丁名参见表1。

较小的鸟类)而不能进行重复检测。为了最大程度地增加本研究的效度,减少小种群鸟类的偏倚,我们将标准调整为至少有1次试验的抑制百分比达50%及以上。虽然该标准在重复检测的50份标本的效果中得到了证实(部分抑制百分比超过40%的标本在重新检测时没有得到确认,但所有标本的抑制百分比均在40%以上),但由于我们未能对所有标本进行重复检测,对于仅有1次或2次结果阳性进行解释时应谨慎,即应跟踪采样,以进一步确认黄病毒感染的证据。尽管如此,本研究已经获得了这些病原体感染两项强有力的证据。

首先,凯库拉半岛的黄病毒血清学检测结果显示,以前从红嘴海鸥(未命名的休斯组虫媒病毒)以及从与两个红嘴海鸥和白额燕鸥(索马里兹里夫和未鉴定的休斯组虫媒病毒)有关的蜚中分离的黄病毒,目前在该地区仍然存在。需要在每年不同时间针对性地采集标本,以成功分离病毒,以鉴定病原体的种类。与输入有关的黄病毒特异性检测结果为阴性,在霍克斯湾拐子角小蓝企鹅检测到的黄病毒的反应同样表明,以前从该地区与澳大利亚塘鹅有关的蜚中分离到的病毒(约翰斯顿环礁病毒和未命名休斯组虫媒病毒)

也可能仍然存在。然而,要证实这点,也需要成功分离病毒。

第二,新发现了雀形目鸟黄病毒暴露的血清学证据,之前没有这些宿主存在这类病原体的证据。可能需要在一年中不同时期有针对性地采集标本,以成功分离到病毒,确定病原体的存在,并说明它是否是既往经由布谷鸟等迁徙鸟类引入的。迄今为止新西兰仍未发现人黄病毒感染<sup>[9]</sup>,这些病原体的公众健康风险很可能不大。

## 结论

从以上讨论的研究结果和以前的工作可以得出的主要结论是,候鸟是潜在人畜共患病毒侵入新西兰的可能输入路径。

无论是过去还是现在的索马里兹里夫病毒和约翰斯顿环礁病毒的证据都支持这一假设,即在历史上存在通过这一路径携带病原体进入新西兰。虽然目前鸟类可能并未携带病毒颗粒返回新西兰,但澳大利亚的塘鹅暴露于罗斯河病毒的证据表明,通过这种机制从

澳大利亚引入病毒是可能的。鉴于本土的notoscriptus伊蚊和pervigilans库蚊以及输入的camptorhynchus伊蚊、australis伊蚊和quinquefasciatus库蚊都是潜在的罗斯河病毒的传播媒介<sup>[14,40]</sup>，一旦有病毒输入可能导致本国发生持续的传播。考虑到这一病原的公共卫生意义，应该开展全面的监测以确认目前的状况。

### 利益冲突

未申报。

### 基金

本研究由新西兰科学和技术研究基金会提供经费支持(现在的商务、改革和就业部)。

### 致谢

感谢Lindsay Rowe和Jim Mills在Kaikoura Peninsula提供的现场协助，感谢Raewyn Edmonds和Te Rūnanga o Kaikoura批准在Kaikoura Peninsula的工作，感谢Mick Unahi和Ngāti Hawea批准在Cape Kidnappers的工作，感谢Malcolm Paterson和Ngāti Whatua o Kaipara批准在Muriwai Regional Park的工作，感谢Bill Kingi和Mokoia Island信托批准在Mokoia Island的工作。也感谢Dean Clarke、Morgan Coleman、Keven Drew、Steph Hicks、Pete Lei、Adrian Monks、Maria Barclay、Lauren Best、Kirsten Derry、Mel Farrant、John Potter、Stephanie Shaw、Ellen Schoener、Cleland Wallace、Stefanie Ismar和Katja Geschke提供的现场协助。还要感谢Della Orr在病毒学检测开发方面的帮助，感谢Megan Dymond和Jianning Wang为PCR检测开发所做的贡献，感谢Cheryl Johansen对血清学检测的贡献。本项工作遵循新西兰保护部全球法案CA-5160-OTH，DOC研究和采集许可NM-22225-RES、ECHB-22299-FAU、AK-22099-FAU、BP-22190-RES、NM-23980-RES、ECHB-24005-FAU和BP-23988-RES；Landcare学院2001年7月12日动物伦理规定；新西兰国立动物标记程序机构动物标记许可第2007/83号。

### 引用本文地址：

Tompkins D et al. Surveillance for viral zoonoses in New Zealand birds. *Western Pacific Surveillance and Response Journal*, 2013, 4(4):16–23. doi:10.5365/wpsar.2013.4.3.002

### 参考文献：

1. Morens DM, Folkers GK, Fauci AS. The challenge of emerging and re-emerging infectious diseases. *Nature*, 2004, 430:242–249. doi:10.1038/nature02759 pmid:15241422
2. Jones KE et al. Global trends in emerging infectious diseases. *Nature*, 2008, 451:990–993. doi:10.1038/nature06536 pmid:18288193
3. Weiss RA, McMichael AJ. Social and environmental risk factors in the emergence of infectious diseases. *Nature Medicine*, 2004, 10 Suppl:S70–76. doi:10.1038/nm1150 pmid:15577934
4. Patz JA et al.; Working Group on Land Use Change and Disease Emergence. Unhealthy landscapes: Policy recommendations on land use change and infectious disease emergence. *Environmental Health Perspectives*, 2004, 112:1092–1098. doi:10.1289/ehp.6877 pmid:15238283
5. Patz JA et al. Impact of regional climate change on human health. *Nature*, 2005, 438:310–317. doi:10.1038/nature04188 pmid:16292302
6. Cunningham AA, Daszak P, Rodriguez JP. Pathogen pollution: defining a parasitological threat to biodiversity conservation. *Journal of Parasitology Archives*, 2003, 89:S78–S83.
7. Meslin FX, Stöhr K, Heymann D. Public health implications of emerging zoonoses. *Revue Scientifique et Technique (International Office of Epizootics)*, 2000, 19:310–317. pmid:11189723
8. King DA et al. Epidemiology. Infectious diseases: preparing for the future. *Science*, 2006, 313:1392–1393. doi:10.1126/science.1129134 pmid:16959992
9. Crump JA, Murdoch DR, Baker MG. Emerging infectious diseases in an island ecosystem: the New Zealand perspective. *Emerging Infectious Diseases*, 2001, 7:767–772. pmid:11747690
10. Alley MR. Avian wildlife diseases in New Zealand: current issues and achievements. *New Zealand Veterinary Journal*, 2002, 50 Suppl:118–120. doi:10.1080/00480169.2002.36287 pmid:16032257
11. Tompkins DM, Poulin R. Parasites and biological invasions. In: Allen RB, Lee WG, eds. *Biological invasions in New Zealand*. Ecological Studies 186. Berlin, Springer, 2006, 67–84.
12. Derraik JGB, Slaney D. Anthropogenic environmental change, mosquito-borne diseases and human health in New Zealand. *EcoHealth*, 2007, 4:72–81. doi:10.1007/s10393-006-0080-2
13. French NP, Gemmell NJ, Buddle BM. Advances in biosecurity to 2010 and beyond: towards integrated detection, analysis and response to exotic pest invasions. *New Zealand Veterinary Journal*, 2007, 55:255–263. doi:10.1080/00480169.2007.36779 pmid:18059642
14. Mackereth G et al. *Vectors and vector borne diseases: ecological research and surveillance development in New Zealand. Risk assessment*. Wellington, MAF(BNZ), 2007.
15. Derraik JGB, Calisher CH. Is New Zealand prepared to deal with arboviral diseases? *Australian and New Zealand Journal of Public Health*, 2004, 28:27–31. doi:10.1111/j.1467-842X.2004.tb00628.x pmid:15108743
16. Austin FJ. Johnston Atoll virus (Quarantfil group) from *Ornithodoros capensis* (Ixodoidea: Argasidae) infesting a gannet colony in New Zealand. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 1978, 27:1045–1048. pmid:717630

17. Austin FJ. Ticks as arbovirus vectors in New Zealand. *New Zealand Entomologist*, 1984, 8:105–106. doi:10.1080/00779962.1984.9722481
18. Tompkins DM et al. Whataroa virus four decades on – Emerging, persisting, or fading out? *Journal of the Royal Society of New Zealand*, 2010, 40:1–9. doi:10.1080/03036751003641701
19. Clifford CM et al. Identification and comparison of two viruses isolated from ticks of the genus *Ornithodoros*. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 1968, 17:881–885. PMID:4973055
20. St George TD et al. The isolation of Saumarez Reef virus, a new flavivirus, from bird ticks *Ornithodoros capensis* and *Ixodes eudyptidis* in Australia. *The Australian Journal of Experimental Biology and Medical Science*, 1977, 55:493–499. doi:10.1038/icb.1977.49 PMID:75000
21. Chastel C, Bailly-Choumara H, Le Lay G. [Natural pathogenicity for man of an antigenic variant of Soldado virus from Morocco (author's transl)]. *Bulletin de la Société de Pathologie Exotique*, 1981, 74:499–505. PMID:6274527
22. Saleh SM et al. Antigenic and genetic typing of Whataroa viruses in Australia. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 2004, 71:262–267. PMID:15381803
23. Heath ACG. A review of the origins and zoogeography of tick-borne disease in New Zealand. *Tuatara*, 1987, 29:19–29.
24. Olsen B et al. Transhemispheric exchange of Lyme disease spirochetes by seabirds. *Journal of Clinical Microbiology*, 1995, 33:3270–3274. PMID:8586715
25. Rappole JH, Derrickson SR, Hubálek Z. Migratory birds and spread of West Nile virus in the Western Hemisphere. *Emerging Infectious Diseases*, 2000, 6:319–328. doi:10.3201/eid0604.000401 PMID:10905964
26. Peterson AT, Vieglais DA, Andreasen JK. Migratory birds modeled as critical transport agents for West Nile Virus in North America. *Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.)*, 2003, 3:27–37. doi:10.1089/153036603765627433 PMID:12804378
27. Reed KD et al. Birds, migration and emerging zoonoses: west nile virus, lyme disease, influenza A and enteropathogens. *Clinical Medicine & Research*, 2003, 1:5–12. doi:10.3121/cmr.1.1.5 PMID:15931279
28. Williams M et al. *Migrations and movements of birds to New Zealand and surrounding seas*. Wellington, Department of Conservation Science and Research Unit Report to MAF, Biosecurity Authority, 2004.
29. Castro I et al. Presence and seasonal prevalence of *Plasmodium* spp. in a rare endemic New Zealand passerine (tieke or Saddleback, *Philesturnus carunculatus*). *Journal of Wildlife Diseases*, 2011, 47:860–867. doi:10.7589/0090-3558-47.4.860 PMID:22102656
30. Heather B, Robertson H. *The field guide to the birds of New Zealand*. Auckland, Viking, 2005.
31. Hall RA et al. Immunodominant epitopes on the NS1 protein of MVE and KUN viruses serve as targets for a blocking ELISA to detect virus-specific antibodies in sentinel animal serum. *Journal of Virological Methods*, 1995, 51:201–210. doi:10.1016/0166-0934(94)00105-P PMID:7738140
32. Broom AK et al. Investigation of the southern limits of Murray Valley encephalitis activity in Western Australia during the 2000 wet season. *Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.)*, 2002, 2:87–95. doi:10.1089/153036602321131887 PMID:12653302
33. Spicer PE et al. Antibodies to Japanese encephalitis virus in human sera collected from Irian Jaya. Follow-up of a previously reported case of Japanese encephalitis in that region. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 1999, 93:511–514. doi:10.1016/S0035-9203(99)90353-X PMID:10696406
34. Tompkins DM, Slaney D. Exploring the potential for Ross River virus emergence in New Zealand. *Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.)*. In press.
35. Johansen CA et al. Prevalence of neutralising antibodies to Barmah Forest, Sindbis and Trubanaman viruses in animals and humans in the south-west of Western Australia. *Australian Journal of Zoology*, 2005, 53:51–58. doi:10.1071/Z003042
36. Kuno G. Universal diagnostic RT-PCR protocol for arboviruses. *Journal of Virological Methods*, 1998, 72:27–41. doi:10.1016/S0166-0934(98)00003-2 PMID:9672130
37. Chao DY, Davis BS, Chang GJ. Development of multiplex real-time reverse transcriptase PCR assays for detecting eight medically important flaviviruses in mosquitoes. *Journal of Clinical Microbiology*, 2007, 45:584–589. doi:10.1128/JCM.00842-06 PMID:17108075
38. Sánchez-Seco MP et al. A generic nested-RT-PCR followed by sequencing for detection and identification of members of the alphavirus genus. *Journal of Virological Methods*, 2001, 95:153–161. doi:10.1016/S0166-0934(01)00306-8 PMID:11377722
39. Earley EM, Johnson KM. The lineage of Vero, Vero 76 and its clone C1008 in the United States In: Earley EM, Johnson KM, *Vero cells: origin, properties and biomedical applications*. Tokyo, Chiba University, 26–29, 1988.
40. Kramer LD et al. Vector competence of New Zealand mosquitoes for selected arboviruses. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 2011, 85:182–189. doi:10.4269/ajtmh.2011.11-0078 PMID:21734146