

2021~2025年乌鲁木齐周边湿地迁徙候鸟 常见病毒携带状况调查

石 依^{1,2,3}, 魏玉荣^{2,3}, 魏 婕^{2,3}, 苗书魁^{2,3}, 丁 剑¹, 米晓云^{2,3*}, 党娜娜⁴, 郭厚均^{1,2,3}

¹新疆农业大学动物医学学院, 新疆 乌鲁木齐

²新疆畜牧科学院兽医研究所(新疆畜牧科学院动物临床医学研究中心), 新疆 乌鲁木齐

³新疆动物疫病研究重点实验室, 新疆 乌鲁木齐

⁴和静县畜牧兽医站, 新疆 和静

收稿日期: 2026年6月5日; 录用日期: 2026年7月9日; 发布日期: 2026年7月17日

摘 要

为调查乌鲁木齐周边湿地迁徙候鸟常见病毒携带状况, 于2021~2025年的春、秋季采集候鸟粪便样本, 采用PCR及RT-PCR方法检测圆环病毒、冠状病毒、禽流感病毒、新城疫病毒及禽戊型肝炎病毒, 并分析阳性率、年度动态及季节分布特征。结果显示: 共采集样品2705份, 检出阳性样品272份, 总阳性率为10.06% (272/2705)。共检出圆环病毒、冠状病毒、禽流感病毒及禽戊型肝炎病毒4种病原, 新城疫病毒未检出。其中, 圆环病毒与冠状病毒为主要检出类型, 阳性率分别为4.70%和3.51%, 占全部阳性样品的81.62%; 禽流感病毒与禽戊型肝炎病毒阳性率分别为1.00%和0.85%。年度间总阳性率在9.41%~10.43%之间波动, 各病毒的年度及季节检出率差异均无统计学意义($P > 0.05$)。但在同一季节内, 四种病毒检出率差异有统计学意义(春季: $\chi^2 = 73.12$, $P < 0.01$; 秋季: $\chi^2 = 47.50$, $P < 0.01$), 圆环病毒阳性率高于冠状病毒和禽流感病毒, 差异均有统计学意义($P < 0.05$)。研究结果初步揭示了乌鲁木齐周边湿地迁徙候鸟常见病毒携带特征, 可为该区域禽类疫病防控提供参考。

关键词

乌鲁木齐周边湿地, 迁徙候鸟, 病毒监测, 圆环病毒, 冠状病毒

Investigation of Common Viruses Carriage in Migratory Birds at Wetlands around Urumqi, 2021~2025

Yi Shi^{1,2,3}, Yurong Wei^{2,3}, Jie Wei^{2,3}, Shukui Miao^{2,3}, Jian Ding¹, Xiaoyun Mi^{2,3*},
Nana Dang⁴, Houjun Guo^{1,2,3}

*通讯作者。

文章引用: 石依, 魏玉荣, 魏婕, 苗书魁, 丁剑, 米晓云, 党娜娜, 郭厚均. 2021~2025 年乌鲁木齐周边湿地迁徙候鸟常见病毒携带状况调查[J]. 亚洲兽医病例研究, 2026, 15(3): 49-58. DOI: 10.12677/acrpvm.2026.153007

¹College of Veterinary Medicine, Xinjiang Agricultural University, Urumqi Xinjiang

²Institute of Veterinary Medicine, Xinjiang Academy of Animal Sciences (Clinical Veterinary Medicine Research Center, Xinjiang Academy of Animal Sciences), Urumqi Xinjiang

³Xinjiang Key Laboratory of Animal Disease Research, Urumqi Xinjiang

⁴Animal Husbandry and Veterinary Station of Hejing County, Hejing Xinjiang

Received: June 5, 2026; accepted: July 9, 2026; published: July 17, 2026

Abstract

To investigate the prevalence of common viruses in migratory birds inhabiting wetlands around Urumqi, fecal samples were collected during spring and autumn from 2021 to 2025. Polymerase chain reaction (PCR) and reverse transcription PCR (RT-PCR) were employed to detect circovirus, coronavirus, avian influenza virus (AIV), Newcastle disease virus (NDV), and avian hepatitis E virus (aHEV), and the positive rates, annual dynamics, and seasonal distribution characteristics were analyzed. A total of 2,705 samples were collected, of which 272 tested positive for at least one virus, yielding an overall positive rate of 10.06% (272/2,705). Four pathogens, including circovirus, coronavirus, AIV, and aHEV, were detected, whereas NDV was not identified in any sample. Circovirus and coronavirus were the predominant pathogens, with positive rates of 4.70% and 3.51%, respectively, accounting for 81.62% of all positive samples. The positive rates of AIV and aHEV were 1.00% and 0.85%, respectively. The annual overall positive rate fluctuated within a narrow range of 9.41%~10.43%, and no statistically significant differences were observed in the annual or seasonal positive rates of individual viruses ($P > 0.05$). However, within each season, the detection rates of the four viruses differed significantly (spring: $\chi^2 = 73.12$, $P < 0.01$; autumn: $\chi^2 = 47.50$, $P < 0.01$). The positive rate of circovirus was higher than that of coronavirus and avian influenza virus, and these differences were statistically significant ($P < 0.05$). These findings preliminarily characterize the viral prevalence patterns in migratory birds in wetlands around Urumqi, providing reference data for the prevention and control of avian diseases in this region.

Keywords

Wetland around Urumqi, Migratory Bird, Virus Surveillance, Circovirus, Coronavirus

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

候鸟的跨洲际迁徙行为使其成为病毒跨区域扩散的重要载体。野生水禽，尤其是雁形目鸟类，被认为是甲型流感病毒(Avian Influenza Virus, AIV)的自然宿主之一[1]。在迁徙过程中，病毒可通过粪便等途径排入环境，增加了与家禽接触并发生交叉感染的可能性[2]。除 AIV 外，冠状病毒(Avian Coronavirus) [3]-[5]、新城疫病毒(Newcastle Disease Virus, NDV) [6]-[8]及圆环病毒[9][10]等在候鸟中也有检出报道，这些病毒的传播可能对养殖业造成经济损失，部分病原还存在一定的公共卫生风险。因此，在候鸟迁徙沿线的中途停歇湿地开展病毒监测，可为掌握该区域病原分布特征、开展疫病传播风险评估提供数据支撑。

新疆地处中亚迁徙通道与东亚 - 澳大利西亚迁徙通道的交汇地带[11]，境内分布有多个重要湿地[12][13]。乌鲁木齐周边湿地位于候鸟迁徙通道沿线，是候鸟中途停歇区域之一，但目前针对该区域迁徙候鸟

病毒携带状况的研究仍较为有限。本研究于 2021~2025 年在乌鲁木齐周边湿地采集候鸟粪便样本，并采用 PCR 方法检测禽流感病毒、新城疫病毒、冠状病毒、圆环病毒及禽戊型肝炎病毒，分析阳性率、年度变化及季节分布特征，以期了解该区域迁徙候鸟病毒携带状况，为禽类疫病防控提供参考依据。

2. 材料与方法

2.1. 材料

2.1.1. 样品来源

本研究于 2021~2025 年候鸟迁徙季，在新疆乌鲁木齐周边湿地开展样品采集。采样时间集中于每年春季(3~5 月)和秋季(9~11 月)迁徙高峰期，且均选择清晨进行，以减少高温与紫外线对病毒核酸的降解作用。

2.1.2. 主要试剂和仪器

主要试剂包括用于病毒核酸提取的 TIANamp Virus DNA/RNA Kit (天根生化科技有限公司)、用于反转录的 Transcriptor High Fidelity cDNA Synthesis Kit (罗氏诊断产品(上海)有限公司)、用于 PCR 扩增的 2 × Taq PCR MasterMix II (天根生化科技有限公司)等；主要仪器设备包括高速冷冻离心机(赛默飞世尔科技(中国)有限公司)、样品震荡破碎仪(凯杰生物工程(深圳)有限公司)等。

2.2. 方法

2.2.1. 样品采集

采用非惊扰方式，于候鸟停歇后的周边区域选取新鲜粪便样品。以无菌棉签挑取或蘸取粪便中层(避开被阳光照射过的表层)，装入无菌冻存管，每管 2~3 g。单样单管，一次性耗材避免交叉污染。样品采集后立即置于干冰保温箱低温封存，全程低温转运至实验室。

2.2.2. 样品预处理

称取 0.4 g 粪便样品至 1.5 mL 无菌离心管，加入 3 粒无菌玻璃珠(或钢珠)及 1 mL 1 × PBS 缓冲液，置预冷样品震荡破碎仪中，以 50 Hz 研磨 4 min，重复 3 次。随后将样品放入-80℃冰箱冷冻 15 min，再置于冰上解冻，反复冻融 3 次。冻融结束后，于 4℃、1 2000 r/min 条件下离心 10 min，吸取上清至新的无菌离心管，用于后续核酸提取。

2.2.3. 病毒核酸提取与反转录

Table 1. Reverse transcription system using random hexamer primers
表 1. 随机六聚体引物反转录体系

反应组分	所用体积/ μ L
病毒基因组 RNA	11
Random Hexamer Primers (Roche)	2
5×Transcriptor Reverse Transcriptase Reaction Buffer (Roche)	4
Protector RNase Inhibitor (Roche)	0.5
dNTPs (Roche)	2
Transcriptor Reverse Transcriptase (Roche)	0.5
Total	20

按照 TIANamp Virus DNA/RNA Kit 说明书提取病毒 DNA/RNA。DNA 产物于-20℃保存，用于后续

PCR 检测；RNA 分别以随机六聚体引物和 oligo(dT)₁₈ 引物进行反转录，反转录体系见表 1、表 2。随机六聚体引物反转录条件为 25℃ 10 min、55℃ 30 min、85℃ 5 min；oligo(dT)₁₈ 引物反转录条件为 55℃ 30 min、85℃ 5 min。反转录产物等体积混匀后于-20℃保存备用。

Table 2. Reverse transcription system using oligo(dT)₁₈ primers
表 2. oligo(dT)₁₈ 反转录体系

反应组分	所用体积/ μ L
病毒基因组 RNA	12
oligo(dT) ₁₈ (Roche)	1
5 $\times$ Transcriptor Reverse Transcriptase Reaction Buffer (Roche)	4
Protector RNase Inhibitor (Roche)	0.5
dNTPs (Roche)	2
Transcriptor Reverse Transcriptase (Roche)	0.5
Total	20

2.2.4. PCR 检测

根据各病毒保守区序列设计特异性引物，引物信息见表 3。引物由上海生工生物技术有限公司合成，经 PAGE 纯化后，用 RNase Free ddH₂O 溶解配制成 10 μ M 工作液，-20℃分装保存。

PCR 反应体系均为 20 μ L：2 $\times$ Taq PCR MasterMix II 10 μ L、10 μ M 上下游引物各 0.5 μ L、模板 2 μ L，加 ddH₂O 补齐至 20 μ L。圆环病毒以提取的 DNA 为模板，其余病毒以反转录 cDNA 为模板。各病毒扩增条件如下：

圆环病毒：94℃预变性 5 min；94℃ 45 s、55℃ 45 s、72℃ 45 s，30 个循环；72℃终延伸 10 min。
AIV：94℃预变性 5 min；94℃ 45 s、52℃ 45 s、72℃ 45 s，35 个循环；72℃终延伸 10 min。
NDV：94℃预变性 5 min；94℃ 45 s、55℃ 30 s、72℃ 45 s，30 个循环；72℃终延伸 10 min。
冠状病毒(巢式 PCR)：首轮 94℃ 5 min，94℃ 30 s、48℃ 30 s、72℃ 50 s，30 个循环；次轮 94℃ 5 min，94℃ 30 s、50℃ 30 s、74℃ 45 s，35 个循环。
戊肝病毒(巢式 PCR)：首轮 94℃ 5 min，94℃ 30 s、50℃ 30 s、74℃ 45 s，35 个循环；次轮 95℃ 5 min，94℃ 30 s、50℃ 30 s、74℃ 45 s，35 个循环。
PCR 产物经 1.5%琼脂糖凝胶电泳检测。

Table 3. Primer information
表 3. 引物信息

检测目标	引物	引物序列(5'→3')	片段大小/bp
冠状病毒	RdRp-1F	GGKTGGGAYTAYCCKAARTG	810
	RdRp-1R	TGYTGTSWRCARAAYTCRRTG	
	RdRp-2F	GGTTGGGACTATCCTAAGTGTGA	440
	RdRp-2R	CCATCATCAGATAGAATCATCAT	
戊肝病毒	HEV-1F	GAGCTTGTGAAGGGCGTTGAGG	359
	HEV-1R	ACCCAAGATCAACGGCGCTC	
	HEV-2F	CGGCAAGTCGTCGTCTGTTGACCAT	221
	HEV-2R	CCCCCAGCATAACAACATCGCGC	

续表

新城疫病毒	NDV F	ATGGGCYCCAGAYCTTCTAC	535
	NDV R	CTGCCACTGCTAGTTGTGATAATCC	
圆环病毒	Cap-U	TTGAAAGGTTTTTCAGCCTGGC	317
	Cap-D	AGGAGACGAAGGACACGCCTC	
禽流感病毒	M-U	TTCTAACCGAGGTCGAAAC	229
	M-L	AAGCGTCTACGCTGCAGTCC	

3. 结果

3.1. 样品采集情况

2021~2025 年期间于乌鲁木齐周边湿地共采集样本 2,705 份。其中，2021 年采集 487 份，2022 年采集 0 份，2023 年采集 712 份，2024 年采集 825 份，2025 年采集 681 份。

3.2. PCR/RT-PCR 检测结果

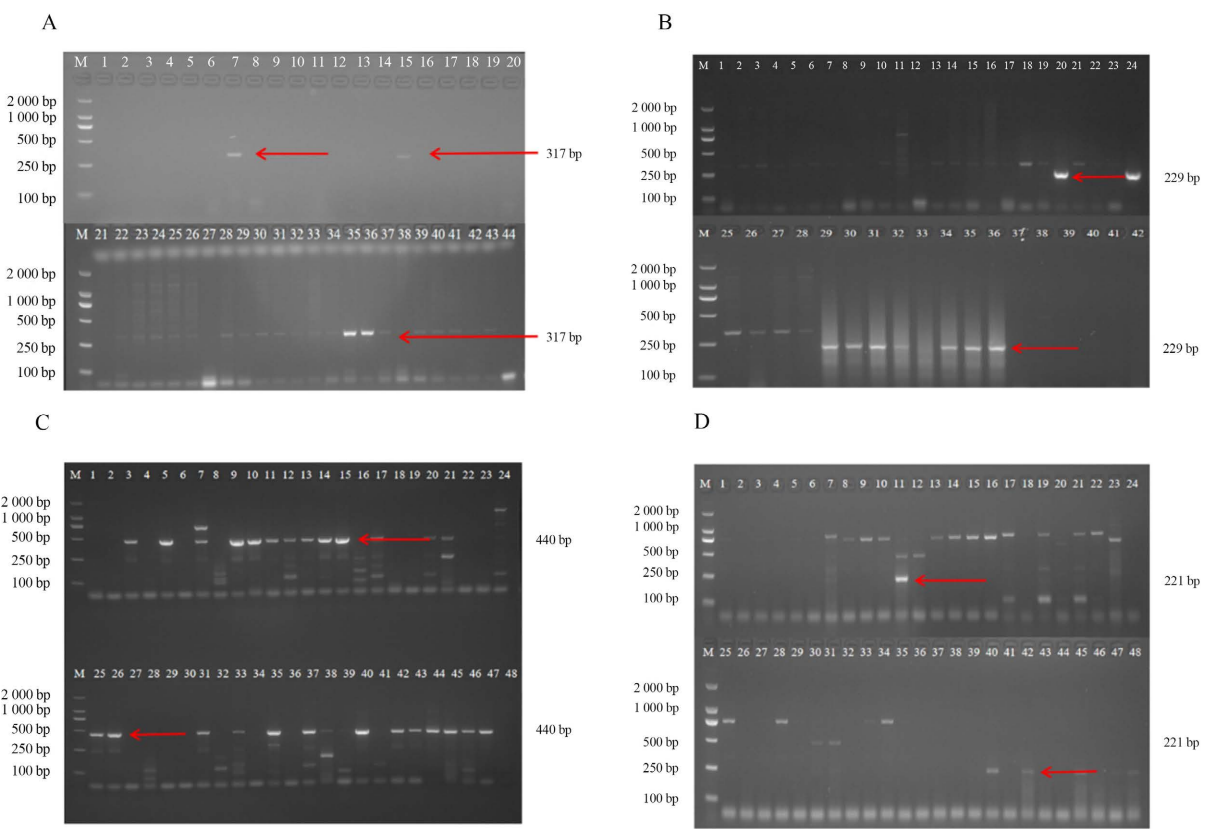


Figure 1. Selected PCR/RT-PCR electrophoresis results of positive samples. M. DL2000 DNA Marker: A. Circovirus; B. Avian influenza virus; C. Coronavirus; D. Avian hepatitis E virus

图 1. 部分 PCR/RT-PCR 检测电泳图，M. DL2000 DNA Marker：A. 圆环病毒；B. 禽流感病毒；C. 冠状病毒；D. 禽戊型肝炎病毒

各病毒 PCR/RT-PCR 扩增产物经 1.5%琼脂糖凝胶电泳检测。以 DL2000 DNA Marker 为分子量参照，圆

环病毒 Cap 基因扩增片段约 317 bp, AIV M 基因约 229 bp, 冠状病毒 RdRp 基因约 440 bp, 禽戊型肝炎病毒约 221 bp, 均与预期片段大小相符。NDV 所有样品均未检出特异性条带。部分阳性样品电泳结果见图 1。

3.3. 不同年份各病毒检出情况

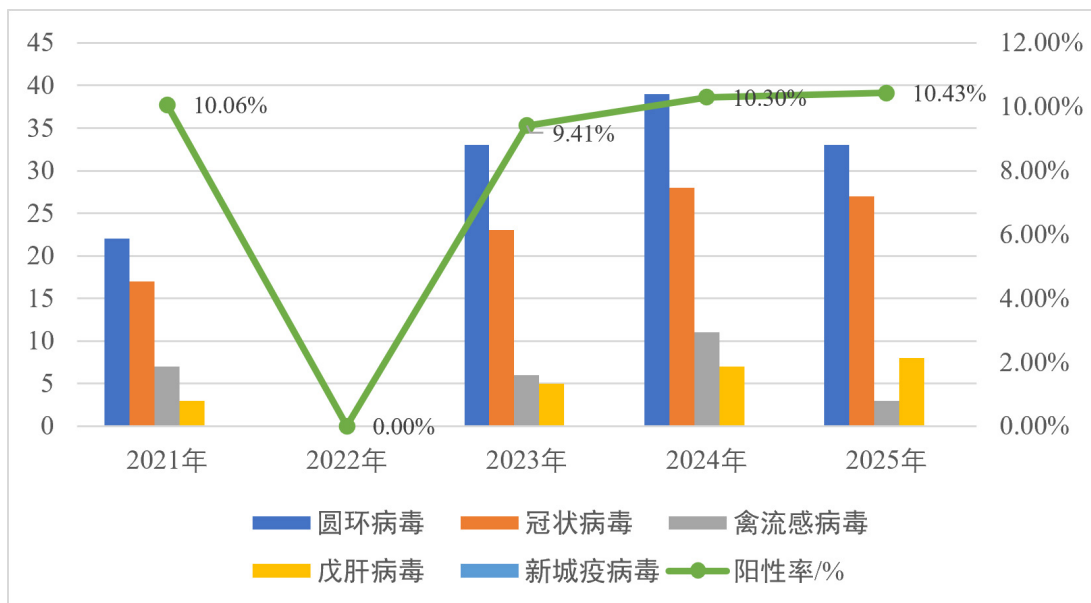


Figure 2. Detection of various viruses in different years

图 2. 不同年份各病毒检出情况

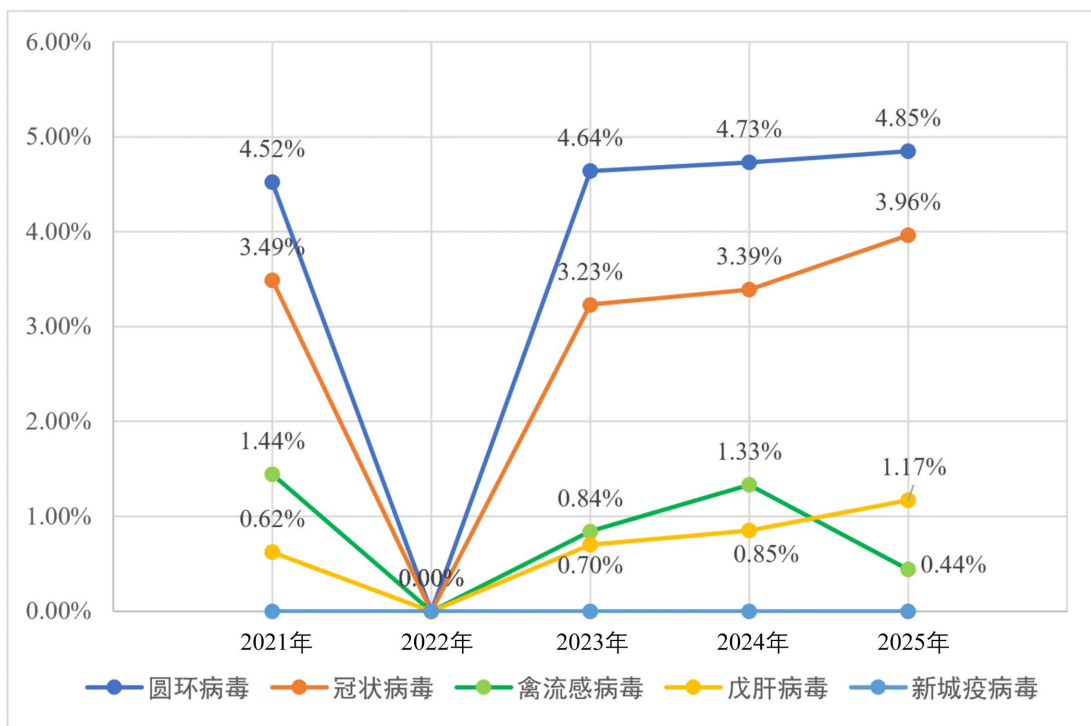


Figure 3. Annual positive rates of various viruses

图 3. 各病毒年度阳性率变化趋势

2021~2025 年共检测样品 2705 份, 检出病毒阳性样品 272 份, 总阳性率为 10.06%。其中, 2022 年由于未开展采样工作, 无检测数据; 其余年份阳性率分别为: 2021 年 10.06% (49/487)、2023 年 9.41% (67/712)、2024 年 10.30% (85/825) 及 2025 年 10.43% (71/681), 结果见图 2。年度间总阳性率在 9.41%~10.43% 之间波动, 差异无统计学意义($\chi^2 = 0.4871, P > 0.05$)。

各病毒年度检出结果见图 3, 圆环病毒阳性率为 4.52%~4.85% ($\chi^2 = 0.07661, P > 0.05$), 冠状病毒为 2.91%~3.96% ($\chi^2 = 0.6132, P > 0.05$), 禽流感病毒为 0.44%~1.33% ($\chi^2 = 4.206, P > 0.05$), 禽戊型肝炎病毒为 0.62%~1.17% ($\chi^2 = 1.353, P > 0.05$), 4 种病毒年度间检出率均无统计学差异。

3.4. 不同季节病毒检出情况

样品采集集中于春季(3~5 月)和秋季(9~11 月)。其中, 春季共采集样品 1488 份, 阳性率为 10.69% (159/1488); 秋季共采集样品 1217 份, 阳性率为 9.29% (113/1217)。从数值上看, 春季总阳性率高于秋季, 二者差异无统计学意义($P > 0.05$)。

从各病毒季节分布来看, 圆环病毒春季检出率为 4.97% (74/1488), 秋季为 4.35% (53/1217); 冠状病毒春季检出率为 3.83% (57/1488), 秋季为 3.12% (38/1217); AIV 春季检出率为 1.21% (18/1488), 秋季为 0.74% (9/1217); 禽戊型肝炎病毒春季检出率为 0.67% (10/1488), 秋季为 1.07% (13/1217), 见图 4。各病毒季节间差异均无统计学意义($P > 0.05$)。此外, 新城疫病毒在春、秋季均未检出。

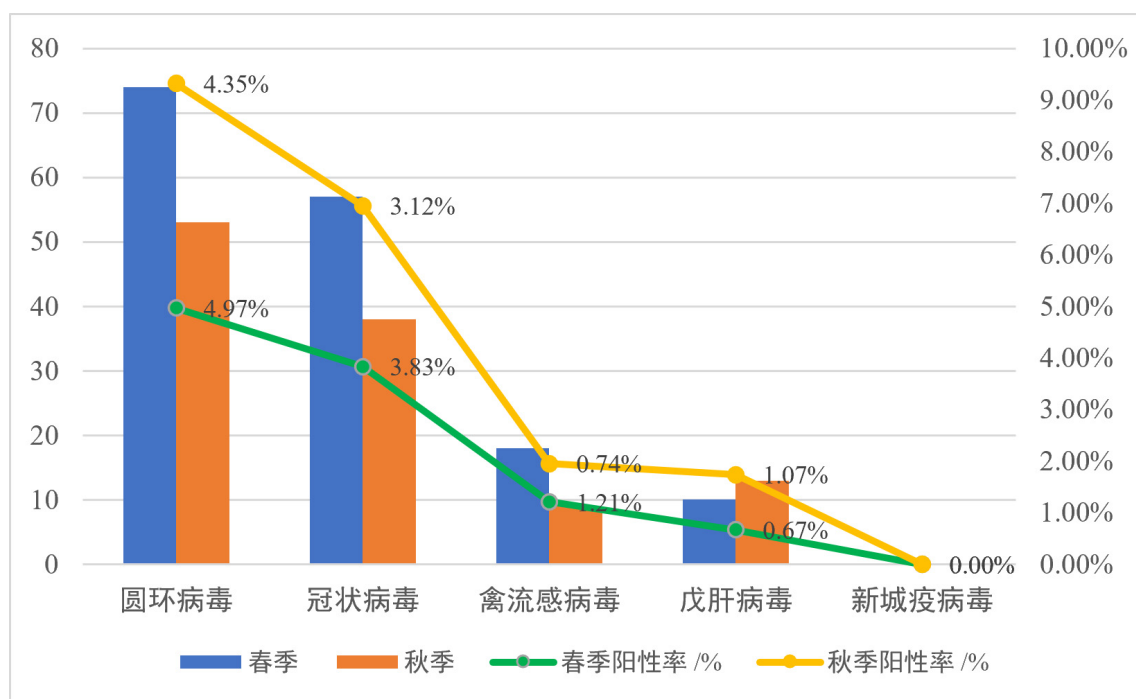


Figure 4. Seasonal distribution of various viruses

图 4. 各病毒季节分布情况

3.5. 候鸟携带常见病毒总体分布特征

本次共检测样品 2705 份, NDV 未检出, 圆环病毒、冠状病毒、AIV 及禽戊型肝炎病毒均有检出。圆环病毒检出率 4.70% (127/2705), 显著高于冠状病毒(3.51%, 95/2705) (Fisher 精确检验, $P < 0.05$), 二者合计占阳性样品总数的 81.62%。AIV (1.00%, 27/2705) 和禽戊型肝炎病毒(0.85%, 23/2705)检出率均显著低

于圆环病毒($P < 0.01$)。4 种病毒在阳性样品中的构成比差异极显著($\chi^2 = 73.12, P < 0.01$), 具体构成见图 5。

感染类型统计结果显示, 259 份阳性样品为单一病毒感染(95.22%), 13 份阳性样品为圆环病毒与 AIV 混合感染(4.78%), 未见其他病毒组合及三种以上感染。

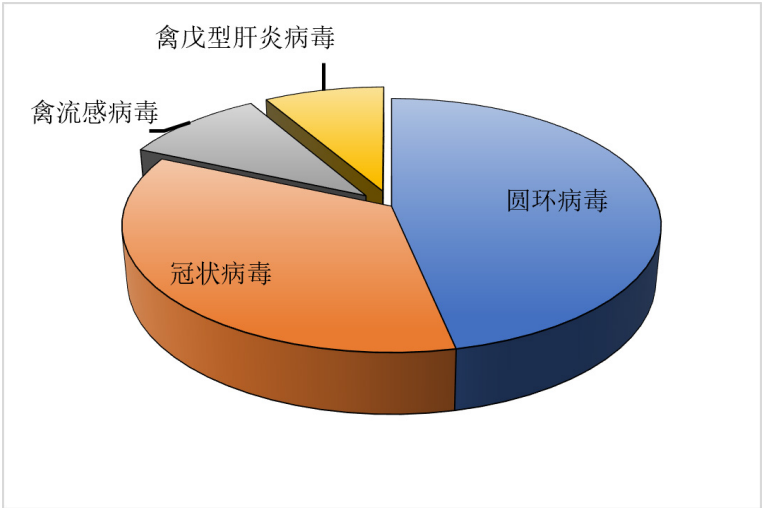


Figure 5. Composition of various viruses in positive samples
图 5. 阳性样品中各病毒构成

4. 讨论

多项研究证实[14]-[17], 候鸟是多种禽类病毒的自然宿主与跨区域传播载体。本研究 2021~2025 年在乌鲁木齐周边湿地的监测数据进一步显示, 该区域迁徙候鸟携带的常见病毒以圆环病毒和冠状病毒为主, 且圆环病毒检出率高于冠状病毒($P < 0.05$)。圆环病毒检出率相对较高, 这可能与其无囊膜结构[18]、环境抵抗力强的生物学特性相关, 其核酸在粪便中可保持完整, 因而更易被 PCR 方法检出。冠状病毒的检出率(3.51%)则低于澳大利亚(15.3%) [19]及波兰(4.2%) [20]等地区的野鸟监测数据。这种差异可能与采样地点、采样时间及样本类型等因素相关; 同时, 不同研究区域候鸟物种构成的差异也可能影响检出结果。

监测期间圆环病毒检出水平相对平稳($P > 0.05$), 提示该病毒在该区域候鸟群体中维持相对稳定的携带水平。乌鲁木齐周边湿地附近分布有水禽养殖场, 野鸟与家禽的接触存在病毒从野生种群向家养种群传播的风险。因此, 候鸟群体中圆环病毒的携带情况, 可为养殖场生物安全防控提供参考依据。

与圆环病毒不同, AIV 在本研究中的检出水平较低, 总检出率为 1.00%, 低于部分东部沿海地区的报道[21][22]。这种区域差异可能与不同地理区域的生态环境有关: 东部沿海地区候鸟停歇密度高, AIV 在野鸟-家禽-环境间的循环更为活跃, 而新疆地区气候干燥、紫外线较强, 可能抑制 RNA 病毒在环境中的稳定性, 导致粪便样本中 AIV 核酸检出率偏低。此外, 本研究采样集中于粪便, 该方法学局限性亦可能是低检出率的影响因素之一。从年度变化来看, AIV 检出水平无明显波动($P > 0.05$)。鉴于该区域位于中亚与东亚-澳大利西亚迁徙通道交汇区, 持续监测 AIV 在当地的动态变化仍具有流行病学意义。

禽戊型肝炎病毒在本次研究中的总检出率为 0.85%, 同样处于较低水平, 年度检出水平无显著变化($P > 0.05$)。此外, 该病毒秋季检出率(1.07%)高于春季(0.67%), 可能原因包括: 不同病毒在候鸟体内的潜伏期和排毒持续时间存在差异, 或与其经粪-口途径传播的特性有关[23]。

NDV 在所有样品中均未检出, 该结果可能受方法学和流行病学因素共同影响。从方法学来看, 新城疫病毒具有呼吸道嗜性, 现有研究表明气管或口咽拭子的检测敏感性通常高于泄殖腔或粪便样本, 呼吸

道组织中的病毒载量往往高于肠道组织[24]。本研究仅采用粪便样品,病毒 RNA 含量可能较少,且 NDV 作为 RNA 病毒,粪便在野外环境中易受 RNA 酶降解,从而影响检出率。此外,不同基因型 NDV 的序列变异可能导致引物匹配度下降。从流行病学来看,野鸟作为 NDV 的天然宿主,其携带的毒株以低致病性的 Class I 及 Class II 基因 I、II 型为主[25],感染后无明显临床症状[26],病毒难以大量随粪便排出。后续研究若增加咽肛拭子采样,并采用宏基因组测序方法,可能会提高病毒检出率。

在混合感染方面,本研究检出 13 份圆环病毒与禽流感病毒混合感染样品,混合感染率为 4.78%,处于较低水平。两种病毒核酸在同一份粪便样品中同时检出,仅提示其在该区域候鸟中同时存在,是否代表同一宿主同时感染了这两种病毒,尚待病毒分离培养结果加以验证。

从区域生态与防控角度而言,乌鲁木齐地处中亚迁徙通道与东亚-澳大利西亚迁徙通道交汇地带,周边湿地是候鸟洲际迁徙的停歇节点。本研究数据可为乌鲁木齐周边湿地禽类疫病风险评估提供参考。圆环病毒和冠状病毒的高检出率表明,应关注周边水禽养殖场内野鸟与家禽之间接触所带来的病毒溢出风险。禽流感病毒当前处于低水平携带状态,但鉴于 AIV 在野鸟中的流行具有周期性波动特征,持续监测仍有必要。本研究存在以下局限:一是 2022 年未采集样品,导致年度监测数据不连续;二是样品采集未记录物种信息,无法分析不同鸟类类群的病毒携带差异;三是基于粪便 PCR 的检测结果仅能反映病毒核酸存在,不能区分活病毒与核酸残留,也无法确定感染状态;四是混合感染样品数量较少,难以进行统计学分析。未来研究可结合宿主物种鉴定、病毒分离培养及血清学检测,以更全面地揭示该区域候鸟病毒携带特征。

5. 结论

本研究于 2021~2025 年在乌鲁木齐周边湿地开展迁徙候鸟病毒监测,结果表明该区域候鸟以圆环病毒、冠状病毒为优势携带病原,禽流感病毒与禽戊型肝炎病毒呈低水平携带,新城疫病毒未检出。病毒总体阳性率年度间较为平稳($P > 0.05$),春秋季检出水平相近。本研究结果可为当地禽类疫病防控及迁徙候鸟病毒流行病学研究提供参考依据。

基金项目

新疆维吾尔自治区自然科学基金资助项目(2023D01A76);新疆少数民族科技人才特殊培养计划科研项目(2023D03007)。

参考文献

- [1] 金洪梅. 大天鹅中亚迁徙路线野生鸟类流感病毒监测研究[D]: [硕士学位论文]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2018.
- [2] 杨佳欣, 郭晶, 张龙凤, 等. 野鸟携带的禽流感病毒与公共卫生安全[J]. 中国兽医学报, 2020, 40(3): 660-664.
- [3] 明乐. 2019-2021 年上海市野生鸟类冠状病毒监测及其多样性研究[D]: [硕士学位论文]. 上海: 华东师范大学, 2022.
- [4] Chu, K.K., Zhou, Z.J., Wang, Q., Ye, S., Guo, L., Qiu, Y., *et al.* (2022) Characterization of Deltacoronavirus in Black-Headed Gulls (*Chroicocephalus ridibundus*) in South China Indicating Frequent Interspecies Transmission of the Virus in Birds. *Frontiers in Microbiology*, **13**, Article ID: 895741. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.895741>
- [5] Tian, Y., Yu, T., Wang, J., Zhang, H., Jian, Y., Li, X., *et al.* (2024) Genetic Characterization of the First Deltacoronavirus from Wild Birds around Qinghai Lake. *Frontiers in Microbiology*, **15**, Article ID: 1423367. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1423367>
- [6] Martiny, K., Liang, Y., Ryt-Hansen, P., Larsen, L.E., Christensen, J.P. and Hjulsager, C.K. (2025) Lentogenic Avian Paramyxovirus 1 of Both Class I and Class II Are Circulating in Danish Wild and Commercial Waterfowl. *npj Viruses*, **3**, Article No. 26. <https://doi.org/10.1038/s44298-025-00108-x>
- [7] Bansal, N., Singh, R., Chaudhary, D., Mahajan, N.K., Joshi, V.G., Maan, S., *et al.* (2022) Prevalence of Newcastle Disease Virus in Wild and Migratory Birds in Haryana, India. *Avian Diseases*, **66**, 141-147.

- <https://doi.org/10.1637/aviandiseases-d-21-00115>
- [8] Trogu, T., Canziani, S., Salvato, S., Tolini, C., Grilli, G., Chiari, M., *et al.* (2021) Survey on the Presence of Viruses of Economic and Zoonotic Importance in Avifauna in Northern Italy. *Microorganisms*, **9**, Article 1957. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9091957>
- [9] Lindh, E., Ek-Kommonen, C., Isomursu, M., Alasaari, J., Vaheri, A., Vapalahti, O., *et al.* (2017) Genetic Characterization of H13 and H16 Influenza A Viruses in Gulls (*Larus* spp.) with Clinically Severe Disease and Concurrent Circovirus Infection. *Journal of Wildlife Diseases*, **53**, 561-571. <https://doi.org/10.7589/2016-09-212>
- [10] Olivo, D.A., Kraberger, S., Chiu, E.S., Custer, J.M., Jackson, D., Regney, M., *et al.* (2025) Avian Circoviruses and Hepadnaviruses Identified in Tissue Samples of Various Waterfowl. *Virology*, **603**, Article 110381. <https://doi.org/10.1016/j.virol.2024.110381>
- [11] 张淑霞, 董仙, 夏峰. 湖泊生态系统的水鸟监测意义[J]. 湖泊科学, 2011, 23(2): 155-162.
- [12] 杨涛利. 深秋到新疆来看鸟[J]. 绿色中国, 2021(21): 74-77.
- [13] 袁新龙, 沙尼娅·哈力霍加, 加尔肯居马肯·爱特. 新疆伊犁河谷湿地鸟类多样性及其栖息地变化[J]. 水生态学杂志, 2022, 43(3): 57-62.
- [14] Kim, S.W., Choi, Y.R., Park, J.Y., Wei, B., Shang, K., Zhang, J., *et al.* (2022) Isolation and Genomic Characterization of Avian Reovirus from Wild Birds in South Korea. *Frontiers in Veterinary Science*, **9**, Article ID: 794934. <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.794934>
- [15] Yu, K., Li, Y., Han, H., Song, M., Ma, X., Liu, C., *et al.* (2014) Complete Genome Sequence of an Avian Reovirus Isolated from Wild Mallard Ducks in China. *Genome Announcements*, **2**, e00813-14. <https://doi.org/10.1128/genomea.00813-14>
- [16] Reuter, G., Boros, Á., Mátics, R., Kapusinszky, B., Delwart, E. and Pankovics, P. (2016) A Novel Avian-Like Hepatitis E Virus in Wild Aquatic Bird, Little Egret (*Egretta garzetta*), in Hungary. *Infection, Genetics and Evolution*, **46**, 74-77. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2016.10.026>
- [17] Zhang, X., Bilic, I., Troxler, S. and Hess, M. (2017) Evidence of Genotypes 1 and 3 of Avian Hepatitis E Virus in Wild Birds. *Virus Research*, **228**, 75-78. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2016.11.028>
- [18] Todd, D. (2000) Circoviruses: Immunosuppressive Threats to Avian Species: A Review. *Avian Pathology*, **29**, 373-394. <https://doi.org/10.1080/030794500750047126>
- [19] Chamings, A., Nelson, T.M., Vibin, J., Wille, M., Klaassen, M. and Alexandersen, S. (2018) Detection and Characterisation of Coronaviruses in Migratory and Non-Migratory Australian Wild Birds. *Scientific Reports*, **8**, Article No. 5980. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-24407-x>
- [20] Domańska-Blicharz, K., Miłek-Krupa, J. and Piśula, A. (2021) Diversity of Coronaviruses in Wild Representatives of the Aves Class in Poland. *Viruses*, **13**, Article 1497. <https://doi.org/10.3390/v13081497>
- [21] Tang, L., Tang, W., Li, X., Hu, C., Wu, D., Wang, T., *et al.* (2020) Avian Influenza Virus Prevalence and Subtype Diversity in Wild Birds in Shanghai, China, 2016-2018. *Viruses*, **12**, Article 1031. <https://doi.org/10.3390/v12091031>
- [22] Zhang, S., Liang, Y., Wang, D., Shang, C., Wei, W., Zhao, X., *et al.* (2025) Avian Influenza Surveillance among Migratory Birds, Poultry, and Humans around Nansi Lake, China, 2021-2024. *Viruses*, **17**, Article 1117. <https://doi.org/10.3390/v17081117>
- [23] 刘丁语, 何振文, 刘宝玲, 等. 戊型肝炎病毒研究进展[J]. 中国畜牧兽医, 2024, 51(2): 736-747.
- [24] Tamiru, Y., Aliyi, A. and Negessu, D. (2025) Isolation and Molecular Detection of Newcastle Disease Virus from Outbreak Cases in Selected Areas of Northern and Western Oromia, Ethiopia. *Veterinary Medicine and Science*, **12**, e70729. <https://doi.org/10.1002/vms3.70729>
- [25] 王文浩, 于明远, 李元果, 等. 我国野鸟新城疫病毒流行调查及遗传进化分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2023, 18(3): 249-253+259.
- [26] 陈璐, 朱明慧, 刘玉峰, 等. 我国野生鸟类禽副黏病毒流行现状及生物学特性分析[J]. 中国兽医学报, 2025, 45(11): 2351-2357.