



## 疾病诊断与防控 Disease Diagnosis, Treatment and Prevention

岩羊、塔尔羊传染性脓疱病毒  
*F1L* 和 *B2L* 基因遗传进化分析刘青<sup>#</sup>, 单令旺<sup>#</sup>, 董宜新, 黄永红, 滕丽好, 赵学乾, 韩玉祥, 仇伟<sup>\*</sup>

(济南市公园发展服务中心动物园工作部, 济南 250031)

## 稿件运行过程

收稿日期: 2025-03-09

修回日期: 2025-11-23



关键词: 羊传染性脓疱病毒;

*F1L* 基因;*B2L* 基因;

岩羊;

塔尔羊;

遗传进化

Keywords: Orf virus (ORFV);

*F1L* gene;*B2L* gene;Blue sheep (*Pseudois nayaur*);Himalayan tahr (*Hemitragus jemlahicus*);

Genetic evolution

中图分类号: S852.659.1

文献标志码: A

文章编号:

2310-1490(2026)-01-0071-08

DOI: 10.12375/ysdwxb.202503009

## 摘要

2021年11月和2023年1月,济南某动物园的岩羊(*Pseudois nayaur*)、塔尔羊(*Hemitragus jemlahicus*)先后出现口唇部丘疹、结痂及觅食困难等典型羊传染性脓疱病毒(Orf virus, ORFV)感染症状。采集两种发病动物口唇结痂,提取病毒DNA后,通过PCR特异性扩增ORFV的*F1L*和*B2L*基因并进行测序。序列比对和系统进化分析显示,两毒株*F1L*和*B2L*基因相似性分别为98.7%和99.2%;进化树表明,其*F1L*基因与2011年中国东北地区绵羊源毒株JQ619904亲缘关系最近,*B2L*基因则与同来源毒株JQ619903归属同一分支。结果表明,本次动物园内岩羊和塔尔羊感染的ORFV分离株在遗传进化上与中国东北地区早期流行毒株最为接近,研究结果为ORFV的分子流行病学追踪与传播路径分析提供了新的实验依据。

Genetic Evolution Analysis of *F1L* and *B2L*  
Genes of ORFV Isolated from  
Blue Sheep and Himalayan TahrLIU Qing<sup>#</sup>, SHAN Lingwang<sup>#</sup>, DONG Yixin, HUANG Yonghong,  
TENG Lihao, ZHAO Xueqian, HAN Yuxiang, ZHANG Wei<sup>\*</sup>(Jinan Park Development Service Center (Zoo Department),  
Jinan 250031, China)

第一作者简介: 刘青(1983—),女,高级兽医师;主要从事野生动物疾病诊断防治工作。E-mail: liuqing0631@163.com

<sup>#</sup>共同第一作者: 刘青; 单令旺<sup>\*</sup>通信作者: 仇伟, E-mail: 13176688152@163.com

**Abstract:** In November 2021 and January 2023, the blue sheep (*Pseudois nayaur*) and Himalayan tahr (*Hemitragus jemlahicus*) from a zoo in Jinan exhibited typical symptoms of Orf virus (ORFV) infection, including papules, scabs and difficulty foraging on their lips. Lip scabs from two infected animals were collected and viral DNA was extracted, the ORFV *F1L* and *B2L* genes were specifically amplified by PCR and sequenced respectively. Sequence alignment and phylogenetic analysis showed that the gene similarity of *F1L* and *B2L* of the two strains was 98.7% and 99.2%, respectively. The phylogenetic tree indicated that the *F1L* gene was most closely related to the 2011 sheep derived strain JQ619904 in northeast China, while the *B2L* gene belonged to the same branch with the strain JQ619903. The results showed that the ORFV strains isolated from the blue sheep and Himalayan tahr in the zoo were most closely in genetic evolution to the early prevalent strains in northeast China. The research results provided a new experimental evidence for the molecular epidemiological tracking and transmission path analysis of ORFV.

羊传染性脓疱病毒(Orf virus, ORFV)属痘病毒科(Poxviridae)副痘病毒属(*Parapoxvirus*),是一种在全球广泛流行的病原体。该病毒在我国20多个省份有相关报道,可引起绵羊(*Ovis aries*)和山羊(*Capra hircus*)等反刍动物的急性、接触性皮肤病变<sup>[1-3]</sup>。ORFV具有反复感染、跨地域和跨物种传播的能力。除家养动物外,其在野生动物中也多有发现,如挪威的半驯化驯鹿(*Rangifer tarandus tarandus*)<sup>[4]</sup>和麝牛(*Ovibos moschatus*)<sup>[5]</sup>、美国明尼苏达州动物园的麝牛和羚牛(*Budorcas taxicolor tibetana*)<sup>[6]</sup>均曾分离到该病毒。Tryland *et al.*<sup>[7]</sup>研究也指出,阿拉斯加大部分地区的多种野生反刍动物均可携带ORFV。

临床上,ORFV主要侵害上皮细胞,感染后通常表现为斑丘疹、水疱性脓疱和结痂增殖性病变等阶段性皮肤症状,病变常集中于嘴唇皮肤、口腔黏膜和鼻孔周围<sup>[8]</sup>。感染导致机体免疫力下降,易继发细菌或真菌感染。ORFV基因组的保守区域*F1L*和*B2L*基因编码病毒囊膜蛋白,是进行分子流行病学和进化分析最常用的靶基因。然而,该病毒在特定圈养野生动物群体(如岩羊*Pseudois nayaur*、塔尔羊*Hemitragus jemlahicus*)中的遗传背景与传播来源尚不明确。为此,本研究对2021—2023年济南某动物园两次ORFV疑似疫情开展病原检测,通过PCR扩增岩羊与塔尔羊毒株的*F1L*和*B2L*基因序列并进行系统进化分析,旨在阐明其遗传进化地位,追溯潜在来源,以期为动物园环境下该病毒的有效防控提供分子依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 病料来源

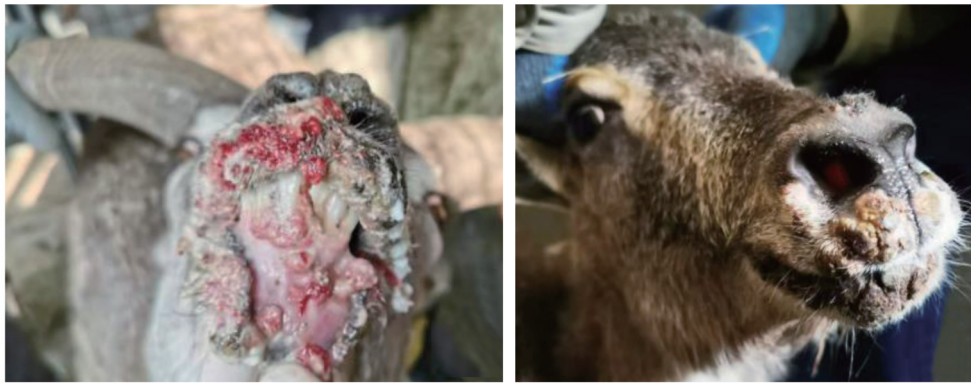
样本源于济南某动物园两次独立的ORFV疑似疫情。2021年11月,一只成年雄性岩羊首发唇部丘疹与脓疮(图1(a)),随后同群3只亚成体及幼年岩羊相继出现类似症状。2023年1月,一只成年雄性塔尔羊出现口唇脓疮及厚痂,并伴有蹄部破溃(图1(b)),同舍个体随后出现口唇病变。分别于上述时间点,采集发病岩羊与塔尔羊口唇部结痂组织。采样时,先用无菌生理盐水轻轻冲洗患处,再用灭菌镊子取痂,样本置于1.5 mL灭菌离心管中,低温保存并及时送检。

### 1.2 PCR扩增与测序

将采集的口唇结痂加入适量生理盐水充分研磨后,离心取上清液,根据Simply P病毒DNA/RNA提取试剂盒(杭州博日科技股份有限公司,中国)说明书提取病毒DNA。按文献<sup>[9]</sup>的引物序列(表1)和反应条件,以提取的DNA为模板,分别对ORFV的*F1L*和*B2L*基因进行PCR特异性扩增。扩增产物用1%琼脂糖凝胶电泳鉴定。将阳性PCR产物送至生工生物工程(上海)股份有限公司测序。

### 1.3 序列比对与系统发育分析

从GenBank数据库下载不同地区ORFV毒株的*F1L*和*B2L*基因序列作为参考(表2)。首先,运用DNASar 7.1软件中的MegAlign模块,对本研究测序株与参考毒株的相应基因序列的一致性进行分析。随后,将所有序列一同导入MEGA 12软件,使用



(a) 岩羊唇部丘疹性病变 (a) Papular lesions on the lips of a blue sheep  
(b) 塔尔羊唇部结痂性病变 (b) Crusting lesions on the lips of a Himalayan tahr

图1 ORFV 感染临床病变特征

Figure 1 Clinical manifestations of ORFV infection

表1 用于扩增 ORFV *FIL* 和 *B2L* 基因的 PCR 引物<sup>[9]</sup>

Table 1 PCR primer used for amplification of ORFV *FIL* and *B2L* genes<sup>[9]</sup>

引物名称 Primer name	引物序列(5'→3') Primer sequence(5'→3')	产物大小/bp Product size
<i>FIL</i>	F: CCCAAGCTTACCACCATGGATCCACCCGAAATCAC R: CGGAATTCTCACACAATGGCCGTGACCAG	1 029
<i>B2L</i>	F: CCCAAGCTTACCACCATGTGGCCGTTCTCCTCC R: CGGAATTCTTAATTTATTGGCTGCAGAAC	1 137

Clustal W 算法进行多序列对比。基于比对结果,采用邻接法(neighbor-joining)构建系统发育树,并通过

Bootstrap 法重复抽样 1 000 次以评估各分支节点的置信度。

表2 本研究所用的参考 ORFV 毒株信息

Table 2 Information of reference ORFV strains used in this study

基因 Gene	GenBank 登录号 Accession No.	宿主 Host	分离地区 Origin	分离年份 Year
<i>FIL</i>	OQ455255	绵羊 Sheep	土耳其 Turkey	2019
	JX142183	未知 Unknown	中国甘肃 Gansu, China	2010
	KU199842	山羊 Goat	中国福建 Fujian, China	2015
	JQ619904	绵羊 Sheep	中国东北 Northeast China	2011
	KY412870	山羊 Goat	印度 India	2006
	AY040084	未知 Unknown	意大利 Italy	2001
	KJ139993	山羊 Goat	中国湖北 Hubei, China	2013
	KJ139957	山羊 Goat	中国陕西 Shaanxi, China	2013
	FJ808075	绵羊 Sheep	中国吉林 Jilin, China	2008
	HQ221964	山羊 Goat	中国山西 Shanxi, China	2009
	KF666561	山羊 Goat	中国新疆 Xinjiang, China	2013
	PP910470	绵羊 Sheep	中国安徽 Anhui, China	2022
	PP734001	山羊 Goat	中国云南 Yunnan, China	2023
	OQ686992	山羊 Goat	中国江西 Jiangxi, China	2022
	OP279269	山羊 Goat	马来西亚 Malaysia	2020
	KP057582	山羊 Goat	中国贵州 Guizhou, China	2010

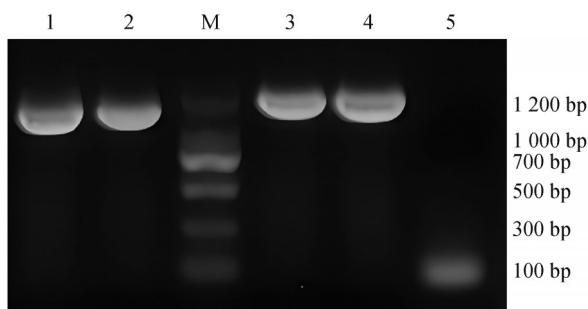
续表 2

基因 Gene	GenBank 登录号 Accession No.	宿主 Host	分离地区 Origin	分离年份 Year
B2L	MT875446	山羊 Goat	印度 India	2020
	MW492036	小反刍动物 Small ruminant	土耳其 Turkey	2020
	DQ263304	山羊 Goat	印度 India	2005
	JN613809	绵羊 Sheep	巴西 Brazil	2005
	AY424969	麝牛 Muskox	美国 USA	2003
	FJ808074	绵羊 Sheep	中国吉林 Jilin, China	2008
	KX951407	山羊 Goat	中国安徽 Anhui, China	2016
	KF703747	山羊 Goat	中国新疆 Xinjiang, China	2013
	KY652170	绵羊 Sheep	俄罗斯 Russia	2015
	EU327506	未知 Unknown	中国台湾 Taiwan, China	2007
	JN565696	山羊 Goat	中国甘肃 Gansu, China	2011
	KT935589	山羊 Goat	印度 India	2014
	KT438519	绵羊 Sheep	奥地利 Austria	2012
	LC516489	山羊 Goat	蒙古国 Mongolia	2018
	PP733998	山羊 Goat	中国云南 Yunnan, China	2023
	JQ619903	绵羊 Sheep	中国东北 Northeast China	2011

## 2 结果

### 2.1 PCR 扩增结果

*FIL* 和 *B2L* 基因的 PCR 扩增产物经琼脂糖凝胶电泳检测均为阳性,与预期片段大小相符(图 2)。岩羊源毒株命名为 JNR21-5,塔尔羊源毒株命名为 JNT23-1。



M. DL1200 DNA Marker; 1. JNR21-5 *FIL* 基因; 2. JNT23-1 *FIL* 基因; 3. JNR21-5 *B2L* 基因; 4. JNT23-1 *B2L* 基因; 5. 阴性对照。

M. DL1200 DNA Marker; 1. JNR21-5 *FIL* gene; 2. JNT23-1 *FIL* gene; 3. JNR21-5 *B2L* gene; 4. JNT23-1 *B2L* gene; 5. Negative control.

图 2 *FIL* 和 *B2L* 基因 PCR 扩增结果

Figure 2 Result of PCR amplification products of *FIL* and *B2L* genes

### 2.2 *FIL* 基因序列与遗传进化分析

将 JNR21-5、JNT23-1 毒株和已公布的来自不同地区的 16 株 ORFV 参考毒株的 *FIL* 基因序列进行比对分析,结果显示岩羊源毒株 JNR21-5 与塔尔羊源毒株 JNT23-1 的 *FIL* 基因序列相似性为 98.7%,二者与中国东北地区绵羊源毒株 JQ619904 的序列相似性分别为 98.5% 和 98.7%,与马来西亚毒株 OP279269 的相似性最低(图 3)。基于 *FIL* 基因序列构建的系统进化树(图 4)显示,毒株 JNR21-5 与 JNT23-1 首先聚类形成一个独立分支,表明其亲缘关系最近;该分支继而与东北地区毒株 JQ619904 共同构成一个更大的进化簇。

### 2.3 *B2L* 基因序列和遗传进化分析

将 JNR21-5、JNT23-1 毒株和已公布的来自不同地区的 16 株 ORFV 毒株的 *B2L* 基因序列进行比对分析,结果显示岩羊源毒株 JNR21-5 与塔尔羊源毒株 JNT23-1 的 *B2L* 基因序列相似性最高,为 99.2%,二者与印度毒株 KT935589 的相似性均最低;JNT23-1 与中国东北地区绵羊源毒株 JQ619903 的相似性最高,为 99.4%(图 5)。遗传进化树(图 6)显示,毒株

		同源性/% Percent identity																			
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18		
变异性/% Divergence	1	■	98.7	95.4	94.8	95.9	98.5	97.0	96.5	95.8	95.9	95.3	95.9	95.6	96.8	95.5	95.7	94.2	96.3	1	JNR21-5
	2	0.9	■	95.5	94.6	96.0	98.7	97.0	96.5	95.9	95.4	95.9	95.7	96.9	95.4	95.8	94.1	96.3	2	JNT23-1	
	3	4.6	4.5	■	97.1	96.7	96.7	96.5	97.6	97.1	96.0	99.0	96.1	96.5	97.6	96.2	96.5	96.0	96.8	3	OQ455255
	4	5.1	4.8	2.8	■	96.3	96.6	96.1	97.2	96.3	95.5	97.3	95.5	95.7	98.3	95.7	95.8	94.4	96.1	4	JX142183
	5	4.4	4.1	3.5	4.2	■	97.4	97.1	97.3	98.4	98.0	97.3	98.1	98.0	96.7	97.9	98.1	97.7	98.5	5	KU199842
	6	1.5	1.1	3.3	3.6	2.9	■	98.2	98.9	97.2	96.9	97.3	96.9	97.1	98.1	96.9	97.1	96.1	97.5	6	JQ619904
	7	3.1	2.8	3.5	4.1	3.3	1.8	■	98.0	97.0	96.5	97.1	96.5	96.9	97.0	96.5	97.0	95.9	97.1	7	KY412870
	8	2.7	2.4	2.3	2.7	2.9	1.4	2.3	■	97.4	96.9	97.9	96.9	97.0	98.3	97.0	97.1	95.0	97.6	8	AY040084
	9	4.4	4.1	3.6	4.3	1.9	2.9	3.2	3.2	■	98.9	97.3	98.9	99.6	97.0	98.7	99.3	97.4	98.3	9	KJ139993
	10	4.4	4.3	4.5	5.0	1.9	3.1	3.6	3.4	0.7	■	96.4	100.0	99.1	96.1	98.3	98.6	97.6	97.8	10	KJ139957
	11	4.3	4.0	0.9	2.7	3.1	2.8	3.0	2.0	3.2	4.0	■	96.4	97.1	97.9	96.8	97.2	95.4	96.8	11	FJ808075
	12	4.4	4.3	4.5	5.0	1.9	3.1	3.6	3.4	0.7	0.0	4.0	■	99.1	96.1	98.3	98.6	97.6	97.8	12	HQ221964
	13	4.9	4.6	4.3	4.9	2.1	3.3	3.5	3.7	0.4	0.8	3.9	0.8	■	96.1	98.2	99.1	98.1	97.9	13	KF666561
	14	3.7	3.4	2.1	1.5	3.5	2.2	3.4	1.4	3.8	4.2	2.0	4.2	4.3	■	96.5	96.2	95.7	96.5	14	PP910470
	15	4.7	4.4	4.4	5.0	2.4	3.1	3.7	3.7	1.3	1.2	4.0	1.2	1.7	0.2	■	98.1	97.1	97.4	15	PP734001
	16	4.6	4.4	4.1	4.7	1.9	3.1	3.3	3.5	0.6	1.2	3.7	1.2	0.8	4.1	1.7	■	98.2	98.0	16	OQ686992
	17	3.7	3.5	3.4	4.6	2.2	2.9	3.1	3.3	1.3	2.0	3.4	2.0	1.8	4.2	2.3	1.7	■	98.2	17	OP279269
	18	4.0	3.7	3.9	4.3	1.4	2.6	3.0	2.9	1.7	2.1	3.6	2.1	2.1	3.6	2.4	1.9	1.7	■	18	KP057582
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18			

图3 ORFV 分离毒株与参考毒株 *FIL* 基因序列同源性比较

Figure 3 Alignment of *FIL* gene nucleotide sequences homology among the ORFV isolates and the reference strains

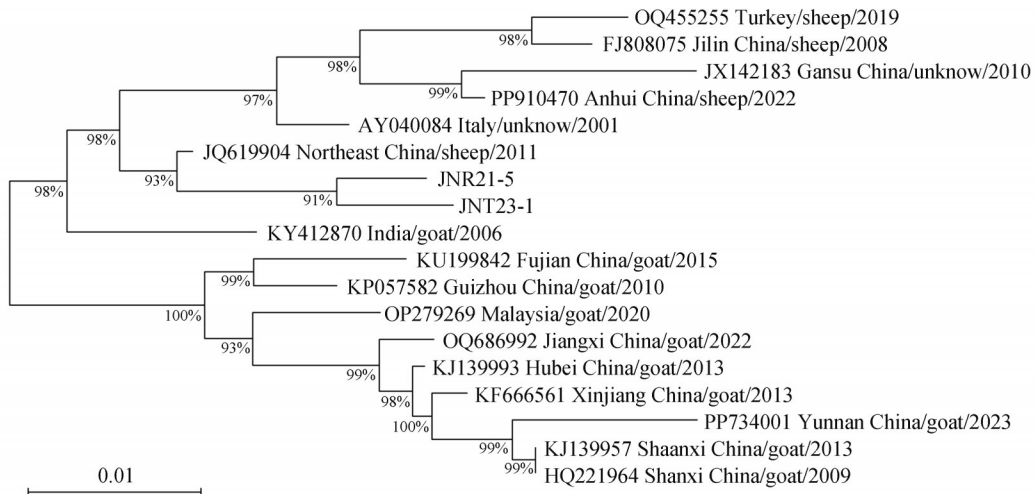


图4 基于 *FIL* 基因的 ORFV 系统进化树

Figure 4 Phylogenetic tree of ORFV based on the *FIL* gene sequence

JNR21-5 和 JNT23-1 的 *B2L* 基因亲缘关系最近, 聚类形成一个分支, 并与东北毒株 JQ619903 组成一个大分支。

### 2.4 临床管理与治疗转归

目前, 针对 ORFV 感染尚无特效药物, 临床以对症支持治疗为主。在本案例中, 首发患病的塔尔羊雄性个体于治疗初期曾尝试采用机械摘除结痂的方式进行清创, 但愈合缓慢、效果不佳, 最终因病灶迁延不愈而退出繁殖计划, 这与 Santiago *et al.* [10] 指出强行剥离结痂可能延长病程的结论一致。此后, 对

感染动物改用中西医结合的综合治疗方案, 取得了良好的疗效。具体治疗方法如下: 对于有明显创面的个体, 使用连翘 (*Forsythiae fructus*)、金银花 (*Lonicerae japonicae flos*) 和蒲公英 (*Taraxaci herba*) 煎剂进行局部冲洗, 再涂抹碘甘油以保持创面湿润、促进愈合。对结痂破溃严重的动物, 辅以抗生素肌注以预防继发性细菌感染, 待结痂自动脱落, 切勿人工剥离。对于症状轻微、不宜频繁保定动物, 则将五味消毒饮 (含金银花、野菊花 *Chrysanthemi indicis flos*、蒲公英、紫花地丁 *Violae herba* 和天葵子 *Semiaquile-*

		同源性/% Percent identity																			
变异性/% Divergence	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18		
	1		98.1	98.0	98.1	97.6	98.0	97.7	98.5	97.4	98.0	97.7	98.1	98.3	97.6	96.7	97.5	97.9	97.5	1	MT875446
	2	1.9		98.4	98.2	97.7	97.7	98.6	98.4	97.2	97.9	97.9	97.9	98.3	97.4	96.5	97.3	98.4	97.2	2	MW492036
	3	2.1	1.7		98.2	97.6	97.5	98.0	98.2	96.8	98.0	98.1	98.4	98.1	97.0	96.0	96.8	98.3	96.7	3	DQ263304
	4	2.0	1.8	1.9		98.2	98.9	97.7	98.5	97.4	97.8	97.7	97.7	98.3	97.4	96.7	97.5	98.1	97.4	4	JN613809
	5	2.4	2.3	2.4	1.8		97.3	97.3	97.8	96.9	98.2	97.3	97.3	97.6	96.9	96.2	97.0	97.3	96.8	5	AY424969
	6	2.1	2.3	2.5	1.2	2.8		97.1	98.9	97.2	97.2	97.1	97.1	98.4	97.3	96.4	97.2	97.4	97.1	6	FJ808074
	7	2.3	1.5	2.1	2.3	2.8	3.0		97.7	96.6	97.6	98.4	97.7	97.6	96.8	96.1	96.9	99.3	96.7	7	KX951407
	8	1.5	1.7	1.9	1.5	2.2	1.2	2.8		97.6	97.7	97.7	97.7	97.7	98.9	97.8	96.8	97.7	97.9	8	KF703747
	9	2.6	2.9	3.2	2.6	3.1	2.9	3.5	2.4		96.8	96.6	96.4	97.9	98.0	97.0	97.8	96.6	97.7	9	KY652170
	10	2.1	2.1	2.1	2.2	1.9	2.9	2.4	2.3	3.2		97.6	97.8	97.7	97.0	96.0	96.0	97.8	96.7	10	EU327506
	11	2.3	2.1	2.0	2.3	2.8	3.0	1.6	2.3	3.5	2.4		97.9	97.8	97.0	96.3	96.3	98.6	97.0	11	JN565696
	12	2.0	2.1	1.6	2.3	2.8	3.0	2.3	2.3	3.7	2.2	2.2		97.6	96.5	95.5	96.3	97.9	96.3	12	KT935589
	13	1.7	1.7	2.0	1.7	2.4	1.6	2.4	1.2	2.1	2.3	2.2	2.4		97.9	96.9	97.8	97.6	97.6	13	KT438519
	14	2.4	2.6	3.1	2.6	3.2	2.7	3.3	2.2	2.0	3.1	3.1	3.6	2.0		97.4	98.2	97.0	98.1	14	LC516489
	15	3.3	3.5	4.0	3.3	3.8	3.6	3.9	3.1	2.9	4.0	3.7	4.5	3.0	2.6		99.2	96.3	98.6	15	JNR21-5
	16	3.4	3.6	4.1	3.4	3.9	3.7	4.0	3.2	3.0	3.9	3.6	4.6	3.1	2.6	0.5		97.1	99.4	16	JNT23-1
	17	2.1	1.7	1.7	2.0	2.8	2.6	0.7	2.1	3.5	2.2	1.4	2.1	2.4	3.1	3.7	3.8		96.9	17	PP733998
	18	2.7	2.9	3.5	2.9	3.4	3.2	3.5	2.7	2.5	3.5	3.2	4.0	2.6	2.0	1.3	1.3	3.3		18	JQ619903
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18			

图5 ORFV 分离毒株与参考毒株 B2L 基因序列同源性比较

Figure 5 Alignment of B2L gene nucleotide sequences homology among ORFV isolates and the reference strains

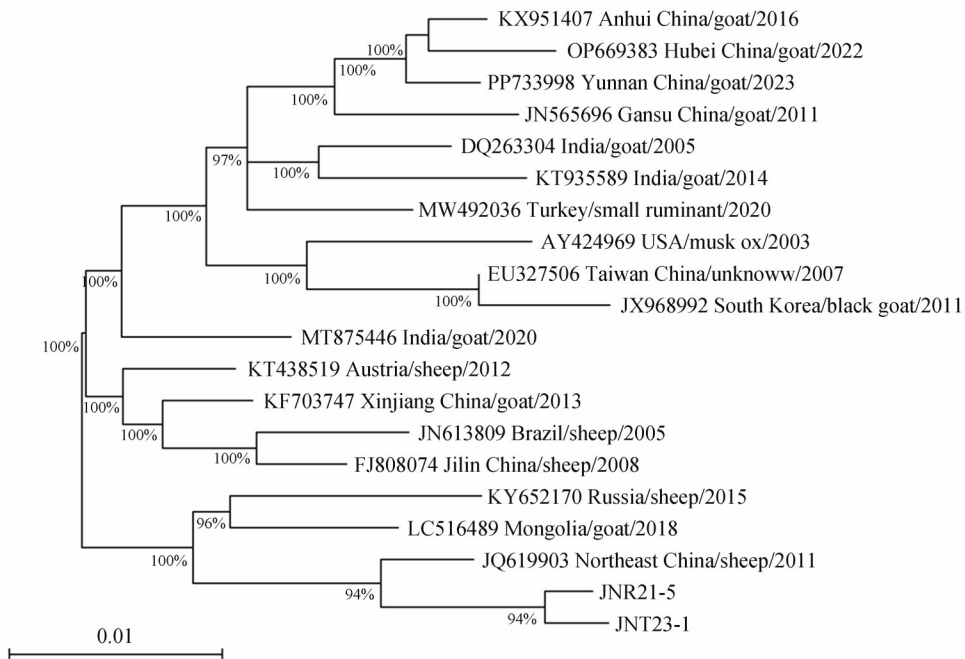


图6 基于 B2L 基因的 ORFV 系统进化树

Figure 6 Phylogenetic tree of ORFV based on the B2L gene sequence

*giae radix*)煎剂拌入饲料中供其自由采食。针对孕期或哺乳期感染动物,实施单独隔离,并在中药方剂中酌减寒凉药物,增加黄芪(*Astragali radix*)、茯苓(*Poria*)等,以健脾益气、扶正固本。

经上述综合治疗后,患病动物病情均得到有效

控制,结痂逐渐脱落,创口愈合良好,未见继发感染。本次治疗实践表明,基于中医辨证与西医对症支持相结合的治疗方法对于管理动物园反刍动物的 ORFV 感染具有积极的临床应用价值。

### 3 讨论与结论

ORFV 具有反复感染、跨地理和跨物种传播能力<sup>[11-12]</sup>,自 1955 年在我国首次报告以来,已在各地的山羊、绵羊及多种野生反刍动物中广泛流行<sup>[13]</sup>,山东<sup>[2]</sup>、云南<sup>[14]</sup>和江西<sup>[15]</sup>等多个省份均有病例报道。本研究中,2021 年岩羊种群感染是该病毒在济南当地动物园中的首次暴发,2023 年塔尔羊种群再次感染,但其他反刍动物尚未发现临床症状。两次感染均呈现由成年雄性先发病,且症状最重,预后时间最长,继而向同群雌性及幼龄动物传播的模式。

*FIL* 和 *B2L* 基因作为 ORFV 的高度保守区域,是病毒分子流行病学和进化分析中最常用的基因之一<sup>[16-17]</sup>。研究显示,岩羊源毒株 JNR21-5 与塔尔羊源毒株 JNT23-1 的 *FIL* 和 *B2L* 基因相似性分别高达 98.7% 和 99.2%,进化树分析进一步证实两者亲缘关系最近,并分别与中国东北地区绵羊源毒株 JQ619904 (*FIL*) 和 JQ619903 (*B2L*) 处于同一进化分支。该东北毒株由 Li *et al.*<sup>[18]</sup> 于 2011 年从中国东北农安县农场的绵羊中分离获得,提示本次动物园疫情毒株与我国东北地区早期流行毒株存在密切的遗传关联。

ORFV 主要通过引入患病或带毒动物个体,或接触污染的笼舍、饲料和饮水等途径传播。在本次疫情发生前,园区未引进新动物,也未调换笼舍,且岩羊与塔尔羊馆舍不相邻,因此病毒通过直接动物接触传入的可能性较低。ORFV 在环境中抵抗力强,可通过污染的饲料、带刺植物等间接传播<sup>[19-20]</sup>。结合进化分析结果,病毒来源存在与输入性饲料(如牧草)相关的可能性,但尚需进一步流行病学调查证实。此外,本研究中与分离株亲缘关系最近的参考毒株宿主为绵羊,而岩羊的形态介于绵羊和山羊之间,塔尔羊则属山羊。这一发现为进一步探讨 ORFV 在不同羊种间的宿主适应性与跨种传播潜力提供了新的实例。Zhou *et al.*<sup>[21]</sup> 的研究也提示 ORFV 可能在绵羊和山羊中存在宿主适应性差异,未来的研究需结合更多宿主来源的毒株进行综合分析。

ORFV 感染后常无法诱导持久免疫,康复动物可能长期带毒或反复感染<sup>[22-23]</sup>,因此对圈养野生动物种群实施持续监测至关重要。在本次疫情处置中,我们采取了隔离、中西医结合治疗及严格消毒的

综合措施。对患病动物,使用清热解毒中药(如连翘、金银花和蒲公英)煎剂冲洗创面并涂抹碘甘油,对严重病例辅以抗生素防止继发感染,同时避免强行剥离痂皮;对于群体防控,将扶正祛邪的中药方剂混于饲料中投喂。这些措施有效控制了病情,促进了动物康复,也为动物园环境下处理类似传染病提供了实践经验。

综上所述,本研究从分子层面揭示了圈养岩羊和塔尔羊 ORFV 感染株的遗传特征,确认其与我国东北早期流行毒株密切相关。结果为 ORFV 的分子流行病学研究补充了重要数据,并强调在野生动物圈养管理中,需建立以主动监测、风险防范(如管控饲料来源)和综合干预为核心的防控策略,以最大限度降低此类病毒在敏感种群中的传播风险。

#### 参考文献:

- [1] CHEN H Q, LI W, KUANG Z Z, *et al.* The whole genomic analysis of Orf virus strain HN<sub>3</sub>/12 isolated from Henan Province, Central China[J]. BMC Veterinary Research, 2017, 13(1): 260.
- [2] ZHANG K Z, XIAO Y H, YU M, *et al.* Phylogenetic analysis of three Orf virus strains isolated from different districts in Shandong Province, east China[J]. The Journal of Veterinary Medical Science, 2016, 77(12): 1639-1645.
- [3] CHI X L, ZENG X C, LI W, *et al.* Genome analysis of Orf virus isolates from goats in the Fujian Province of southern China[J]. Frontiers in Microbiology, 2015, 6: 1135.
- [4] TRYLAND M, JOSEFSEN T D, OKSANEN A, *et al.* Parapoxvirus infection in Norwegian semi-domesticated reindeer (*Rangifer tarandus tarandus*) [J]. The Veterinary Record, 2001, 149(13): 394-395.
- [5] VIKØREN T, LILLEHAUG A, ÅKERSTEDT J, *et al.* A severe outbreak of contagious ecthyma (orf) in a free-ranging musk ox (*Ovibos moschatus*) population in Norway[J]. Veterinary Microbiology, 2008, 127(1/2): 10-20.
- [6] GUO J, RASMUSSEN J, WÜNSCHMANN A, *et al.* Genetic characterization of Orf viruses isolated from various ruminant species of a zoo[J]. Veterinary Microbiology, 2004, 99(2): 81-92.
- [7] TRYLAND M, BECKMEN K B, BUREK-HUNTINGTON K A, *et al.* Orf virus infection in Alaskan mountain goats, Dall's sheep, muskoxen, caribou and Sitka black-tailed deer[J]. Acta Veterinaria Scandinavica, 2018, 60(1): 12.
- [8] BEXIGA R, GUYOT H, SAEGERMAN C, *et al.* Clinical differentiation of malignant catarrhal fever, mucosal disease and blue-tongue[J]. The Veterinary Record, 2007, 161(25): 858-859.
- [9] 刘媛, 冯将, 鲜思美, 等. 羊口疮病毒 *FIL* 和 *B2L* 基因真核表达质粒构建及其在 MDBK 细胞中的表达[J]. 中国人兽共患病学报, 2015, 31(12): 1124-1128.
- [10] LIU A, FENG J, XIAN S M, *et al.* Construction and expression

- of recombinant plasmids of OrfV *FIL* and *B2L* genes in MDBK cells [J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2015, 31 (12): 1124–1128.
- [10] SANTIAGO L, OLIVEIRA D, CARDOSO J C, *et al.* Human orf: An under-recognized entity [J]. Acta Dermatovenereologica Croatica, 2019, 27(4): 280–281.
- [11] ŞEVİK M. Orf virus circulation in cattle in Turkey [J]. Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases, 2019, 65: 1–6.
- [12] SHIMIZU K, TAKAIWA A, TAKESHIMA S N, *et al.* Genetic variability of 3'-proximal region of genomes of Orf viruses isolated from sheep and wild Japanese serows (*Capricornis crispus*) in Japan [J]. Frontiers in Veterinary Science, 2020, 7: 188.
- [13] ZHANG K S, LIU Y J, KONG H J, *et al.* Comparison and phylogenetic analysis based on the *B2L* gene of Orf virus from goats and sheep in China during 2009–2011 [J]. Archives of Virology, 2014, 159(6): 1475–1479.
- [14] XIE J R, KOU M L, WANG Y N, *et al.* Retrospective research: Identifying and conducting phylogenetic analyses on four Orf virus strains isolated in Yunnan Province between 2021 and 2023: Revealing their significance and characteristic features [J]. Frontiers in Veterinary Science, 2024, 11: 1481809.
- [15] ZHANG Z B, ZHANG X Y, MENG P, *et al.* Molecular detection and phylogenetic analysis of Orf viruses from goats in Jiangxi Province, China [J]. Frontiers in Veterinary Science, 2024, 11: 1389185.
- [16] YU Y Z, DUAN X Y, LIU Y Y, *et al.* Laboratory diagnosis of a NZ7-like Orf virus infection and pathogen genetic characterization, particularly in the *VEGF* gene [J]. Frontiers in Veterinary Science, 2020, 7: 538.
- [17] SULLIVAN J T, MERCER A A, FLEMING S B, *et al.* Identification and characterization of an Orf virus homologue of the vaccinia virus gene encoding the major envelope antigen p37K [J]. Virology, 1994, 202(2): 968–973.
- [18] LI W, NING Z Y, HAO W B, *et al.* Isolation and phylogenetic analysis of Orf virus from the sheep herd outbreak in northeast China [J]. BMC Veterinary Research, 2012, 8: 229.
- [19] BALA J A, BALAKRISHNAN K N, ABDULLAH A A, *et al.* An association of Orf virus infection among sheep and goats with herd health programme in Terengganu state, eastern region of the peninsular Malaysia [J]. BMC Veterinary Research, 2019, 15 (1): 250.
- [20] LOJKIC I, CAC Z, BECK A, *et al.* Phylogenetic analysis of Croatian Orf viruses isolated from sheep and goats [J]. Virology Journal, 2010, 7: 314.
- [21] ZHOU Y L, GUAN J Y, LV L J, *et al.* Complete genomic sequences and comparative analysis of two Orf virus isolates from Guizhou Province and Jilin Province, China [J]. Virus Genes, 2022, 58(5): 403–413.
- [22] BORA M, BORA D P, BARMAN N N, *et al.* Seroprevalence of contagious ecthyma in goats of Assam: An analysis by indirect enzyme-linked immunosorbent assay [J]. Veterinary World, 2016, 9(9): 1028–1033.
- [23] CHENG H Y, LI W J, LI X M, *et al.* Pathogenicity of blood Orf virus isolates in the development of dairy goat contagious pustular dermatitis [J]. Veterinary Microbiology, 2018, 219: 178–182.