

出國報告（出國類別：開會）

赴烏干達坎帕拉參加全球口蹄疫研究聯盟（GFRA）2023年科學會議

服務機關：農業部獸醫研究所
姓名職稱：副研究員 蔡國榮
助理研究員 潘成儒

派赴國家/地區：烏干達
出國期間：112年11月6日至12日
報告日期：113年1月10日

摘要

全球口蹄疫研究聯盟（Global Foot-and-Mouth Disease Research Alliance；GFRA）是在2003年由5個研究機構籌組發起之國際性聯盟，至今已有28個夥伴、14個合作者及16個利益關係者，農業部獸醫研究所於2019年8月加入該聯盟成為合作者，復於2023年3月簽署合作備忘錄成為該聯盟夥伴。該聯盟主要是透過建立全球研究夥伴關係，維繫五大洲口蹄疫主導研究機構的合作，增進口蹄疫診斷與防治知識與開發相關工具，進而能成功預防、控制與清除口蹄疫。本屆科學會議主要針對口蹄疫病毒流行現況、診斷技術、致病機轉、免疫研究、疫苗研發與非洲之口蹄疫研究等議題進行資訊交流，並採分組討論模式分析技術或知識缺口，以利聯盟執行委員會確立未來研究策略與優先順位。我國已獲世界動物衛生組織認可臺灣、澎湖、馬祖為不施打疫苗口蹄疫非疫區，為善盡夥伴關係義務，未來更應積極參與聯盟相關會議與活動，以利臺灣對於口蹄疫與其他豬隻水疱性疾病研究能與國際接軌，為全球口蹄疫控制與清除盡一份心力。

目錄

壹、	緣起與目的	4
貳、	會議過程	5
參、	會議情形與科學論文重點摘要	12
肆、	結論及建議事項	21

壹、緣起與目的

全球口蹄疫研究聯盟（Global Foot-and-Mouth Disease Research Alliance；GFRA）是在2003年由5個研究機構籌組發起之國際性聯盟，至今已有28個夥伴（partners）、14個合作者（collaborators）及16個利益關係者（stakeholders），GFRA期望匯集世界知名專家與研究機構資源，為研發新穎口蹄疫診斷與疫苗以及控制技術，推廣防疫知識與技術而努力，農業部獸醫研究所於2019年8月加入該聯盟成為合作者，復於本（2023）年3月簽署合作備忘錄（MOU）成為該聯盟夥伴，該聯盟主要目的在於提供新穎的口蹄疫疫苗、診斷技術、抗口蹄疫病毒物質及針對口蹄疫疫區及非疫區提供防控策略或工具，我國已獲世界動物衛生組織認可臺灣、澎湖、馬祖為「非施打疫苗的口蹄疫非疫區」，未來將透過持續參與GFRA聯盟活動，對全球口蹄疫研究及疫情控制貢獻一份心力。

貳、會議過程

2023年全球口蹄疫研究聯盟（Global Foot-and-Mouth Disease Research Alliance；GFRA）科學會議之行程，如表一。

表一、行程表

日期	行程				
112年11月6日 112年11月7日	搭機赴烏干達坎帕拉市並入住飯店				
112年11月8日	08:30	Opening Ceremony		Opening Session	
	08:40-10:15	Strengthening foot and mouth disease (FMD) research and development to enable disease control and boosting trade from endemic countries	Hon. F. K. Tumwebaze		
		GFRA accomplishments and impact after two decades – what next?	C.Gay		
		Trends of FMD reporting from Eastern Africa countries to WOAHA from 2018-2023	S.Wakhusama		
	08:40-10:15	Research networks and digital tools to support FMD surveillance and control, Opportunities and challenges	F.Rosso		
	10:15-11:15	Tea Break and Poster Session1			
	11:15-11:20	Introduction	S. Kerfua, T. Knight-Jones	Session 1	
		11:20-12:15	An on station evaluation of commercial foot-and mouth disease vaccines used in Uganda		S. Kerfua
			Efficacy of a foot-and-mouth disease vaccine against a heterologous SAT1 virus challenge in goats		D. Lazarus
		Foot-And-Mouth Disease SAT Specific Virus Peptide Phage Display Libraries For The Identification Of Epitopes	M. Chitray		
	Discussion				
12:30-	Lunch				

日期	行程				
	14:00				
112年11月8日	14:00-14:15	Epidemiology of foot-and-mouth disease in Uganda: A researcher's insights from the past decade	S. Ochwo	Session 2	
	14:15-14:20	Introduction	A. Sangula, S. Baluka		
	14:20-15:15	Optimising simple clinical and environmental approaches to sampling foot-and-mouth disease virus for next generation sequencing	M. Bronsvort		
		Molecular characterisation of foot-and-mouth disease virus using 'k-mer' clustering analysis	N. Singanallur		
		Molecular epidemiology of FMDV in Tanzania: implications for FMD control in East and Southern Africa	C. J. Kasanga		
		The role of small ruminants and the environment in the epidemiology and endemicity of FMDV: a longitudinal study in Northern Nigeria in 2021	G. Limon-Vega		
		Discussion			
	15:15-15:30	DISCUSSION			
15:30-16:00	Tea Break and Poster Viewing				
112年11月8日	16:15-16:30	Can new technologies bridge surveillance gaps for FMD?	D. King	Session 3	
	16:30-16:35	Introduction	W. Vosloo, D. King		
	16:35-17:30	Complete genome sequencing of FMDV using nanopore sequencing	A. Shaw		

日期	行程			
		Preliminary validation of multiplex lateral flow devices LFD1 and LFD2 for on-field identification and serotyping of foot-and-mouth disease viruses	E. Foglia	
		Revisiting an old classic: Using the IgG1 avidity ELISA to predict cross-protection in the Brehm et al. sample set	A. Capozzo	
	17:30-17:45	Discussion		
112年11月9日	08:30-08:35	Welcome Message		Session 4
	08:35-08:50	Stealthy, Steadfast, or Surprising? FMDV pathogenesis in different host species	C. Stenfeldt	
	08:50-08:55	Introduction	J. Arzt, T. Tuthill	
	08:55-09:50	Leaderless FMDV O is fully attenuated in cattle and does not establish persistent infections	M. Eschbaumer	
		Leaderless FMDV O does not establish a persistent infection in multilayered cells derived from bovine dorsal soft palate	S. Blaise-Boisseau	
		Incubation phase transmission of FMDV in cattle	J. Arzt	
	09:50-10:05	Discussion		
	10:05-11:15	Tea Time and Poster Viewing		
112年11月9日	11:15-11:20	Introduction	G. Limon-Vega, B. Byamukama	Session 5

日期	行程			
	11:20-12:15	Occurrence and Control Strategies for Foot and Mouth Disease in Uganda: Systematic Review and Meta-analysis	B. Byamukama	
		Sero-survey of foot-and-mouth disease virus serotypes O and A in selected livestock-wildlife interface areas in Tanzania	C. J. Kasanga	
		Detection And Characterization Of Foot And Mouth Disease Viruses In Small Ruminants In Nigeria	D. Ehizibolo	
	12:15-12:30	Discussion		
	12:30-14:00	Lunch		
112年11月9日	14:00-14:15	Molecular Interplays of FMDV with the type I IFN Response and Importance of the Model	S. Blaise-Boisseau	Session 6
	14:15-14:20	Introduction	G. Medina, M. Eschbaumer	
		Inter-serotypic recombination of foot-and-mouth disease virus following superinfection of carrier cattle	J. Arzt	
		Development of an FMDV minigenome, pKLS3, and its applications	P. Semkum	
		Mapping of FMDV antigenic sites recognized by single-domain antibodies reveals different 146S particle specific sites and particle flexibility	M. Harmsen	
	15:15-15:30	Discussion		
	15:30-16:15	Tea Break and Poster Viewing		

日期	行程			
	16:15-16:30	Status update on using serology to evaluate vaccine suitability	A. Ludi	Session 7
	16:30-16:35	Introduction	J. Zhu, E. Pérez-Martín	
	16:35-17:30	Heterologous cross-neutralization with different Foot and Mouth Disease vaccine schemes against serotype O strains	M. Pérez-Filgueira	
		Maternally derived antibodies to FMDV modulate the antigenic specificity of the antibody response in vaccinated cattle	J. Binti Senawi	
		Impact of Fasciola hepatica infection on the long-term immune response induced by Foot-and-Mouth disease vaccination	A. Capozzo	
		Optimising prime-boost interval to Enhance FMD Vaccination Efficacy in Cattle	R. Bommanna	
	17:30-17:45	Discussion		
112 年 11 月 10 日	08:30-08:35	Welcome Message		Session 8
	08:35-08:50	Advances on FMD Vaccines: Twenty-First Century Solutions To A Centuries-Old Problem	L. Rodriguez	
	08:50-08:55	Introduction	M. Chitray, M. Pérez-Filgueira	
		Potential live-attenuated FMDV serotype O IND R2/1975 vaccine candidate strain generated through genome re-	J. Kumar Biswal	

日期	行程			
		coding approach		
		Rethinking next-generation FMDV vaccines: use of codon deoptimization strategies	G. Medina	
		Tackling FMD in Eastern Africa using stabilized virus-like particles vaccines	E. Pérez-Martín	
09:50-10:05	Discussion			
10:05-10:30	Tea Break			
10:30-10:45	Incentivizing adoption of high-quality FMD vaccines in Eastern Africa: Lessons Learned from the AgResults Model	N. Henning	Session 9	
10:45-10:50	Introduction	F. Mwiine, A. Namatovu		
10:50-11:45	Foot-and-mouth disease situation in Nigeria	H. GulakUlaramu		
	Mutational Spectra of Foot and Mouth Disease Viruses Isolated from Egypt, 2020-2022	M. Fawzy		
11:45-13:00	Discussion			
13:00-14:30	LUNCH			
11:20	STAR-IDAZ FMD Roadmap Conference	J. Salt, L. Elhachimi		Session 10 Closure
11:20	From sample-to-sequence: practical FMDV field-based	L. González		

日期	行程				
		sampling for MinION sequencing			
		Discussion			
	11:20 12:50	A step-by-step guide to sequencing FMDV genomes using nanopore sequencing technology	A. Shaw		
		Discussion			
		Nanopore-based genome sequencing of Foot-and-Mouth Disease Virus	A. Shaw & Team		
112 年 11 月 11 日 112 年 11 月 12 日	從烏干達搭機返臺				

參、會議情形與科學論文重點摘要

農業部獸醫研究所於2023年11月8日至11月10日派遣2位研究同仁赴非洲烏干達坎帕拉市參加全球口蹄疫研究聯盟(GFRA)2023年科學會議，並發表壁報論文「臺灣豬場矽尼卡病毒感染橫斷面研究 (Cross-sectional study of Senecavirus A infection in pig farms in Taiwan)」，本屆會議期間重要心得摘要如後：



圖1、本次全球口蹄疫研究聯盟 (GFRA) 科學會議一隅。

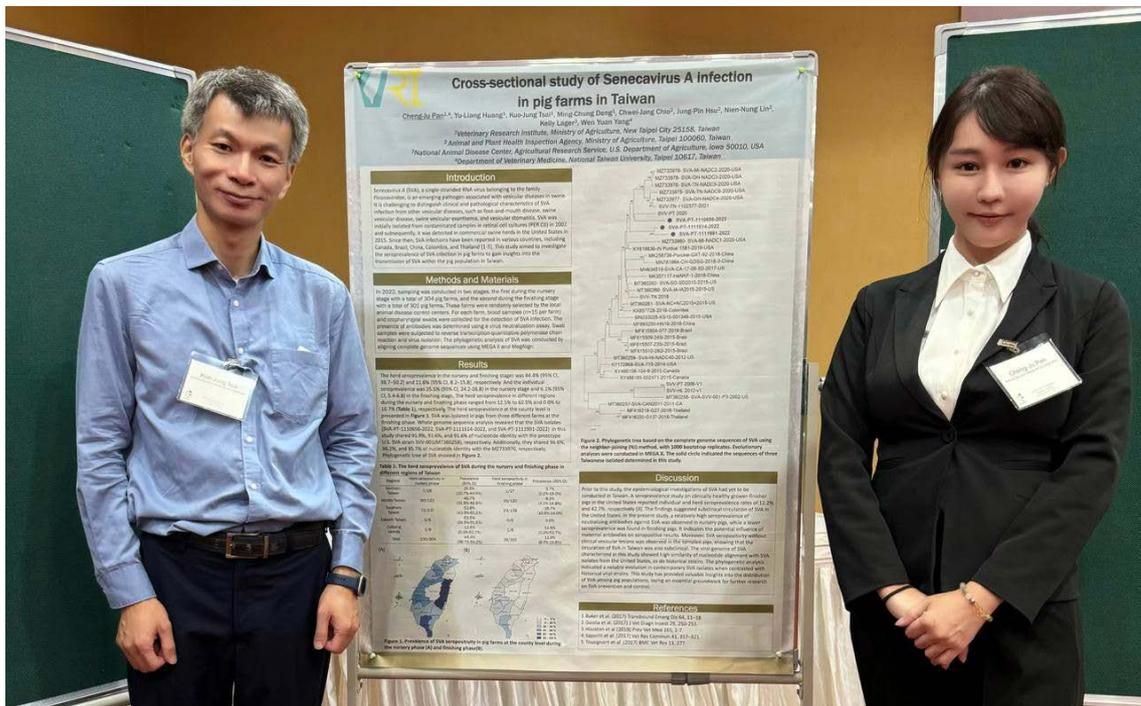


圖2、本次全球口蹄疫研究聯盟 (GFRA) 科學會議由潘成儒助理研究員與蔡國榮副研究員與會，並發表壁報論文。

一、病毒流行現況：

1. 在次世代定序、口蹄疫病毒臨床與環境優化採樣幫助下，野外調查或檢驗人員僅需將拭子浸於磷酸鹽緩衝生理鹽水 (Phosphate buffered saline ; PBS) 以及使用裂解緩衝液 (lysis buffer) 處理，搭配手提式定量聚合酶連鎖反應儀

- (quantitative polymerase chain reaction; qPCR) 和簡便的萃取盒，即可在缺乏良好檢驗設施下完成核酸定序，獸醫主管單位再依據驗出的病毒血清型，挑選合適疫苗株，或追蹤致病病毒源頭及進行感染族群隔離等疫情管控措施。
2. 雖然隨著核酸比對或演算等模型不同而影響親源關係樹建構，但口蹄疫病毒基因體資訊並未改變，其基因型、拓撲型或分支 (lineage) 仍舊不會變動。部分口蹄疫流行地區限於野外調查或國家資源，僅能取得少量病毒分離株，可透過基因演算技術彌補病毒株不足，協助釐清新病毒株的基因資料。
 3. 非洲地區農戶在乾季為尋找水源與青草常將自家牛隻牽到更遠野外或國家公園放牧，增加牛隻與野生水牛接觸機會，提高病毒被引入的風險，惟診斷機構常因經費不足無法有效監測病毒活動，也增加疫病控制難度。在坦尚尼亞，非洲牛隻與非洲水牛發現之口蹄疫野外病毒株，隨著時間與空間演化，血清型別與基因型更趨複雜，使得坦尚尼亞口蹄疫控制不易。
 4. 奈及利亞北部擁有全國數量最多的小型反芻動物，也是口蹄疫疫情爆發影響最嚴重的區域，針對當地783個血清檢體、424個口水拭子與458個環境檢體檢測結果發現，綿羊對於口蹄疫持續存在扮演重要角色，研究結果證實使用綿羊口水搭配環境拭子進行口蹄疫病毒偵測及序列分析，可當作當地口蹄疫感染的指標。

二、診斷技術：

1. The Pirbright Institute世界口蹄疫參考實驗室發展出資料平台，全世界可共享口蹄疫病毒基因序列、監測數據，平台甚至可協助野外工作者完成基因定序，以便可以在短時間，確認野外口蹄疫疫情或致病病毒血清型別資訊，以利及早進行管控措施。
2. 口蹄疫抗原快篩檢驗試劑結合側流原理與材料學及單株抗體可快速完成口蹄疫病毒診斷，經過標準病毒株O型、A型、Asia1型、SAT1型、SAT2型與臨床感染動物的樣本測試與評估，快篩檢驗試劑的檢測效果與參考實驗室先前研發的抗原ELISA法相當，甚至在SAT2型別還具有較佳檢驗結果。也有研究評估利用殘存在側流快篩裝置的樣本，嘗試進行病毒培養的可能性。
3. 新一代定序技術結合奈米科技與光電與雲端資料庫，短時間可完成口蹄疫病毒株基因定序，可應用於野外工作站，節省寄運樣本至診斷實驗室的時間。專家也建議在非洲地區設立區性型實驗室進行該項檢驗的可能性，此外；由於直接自臨床檢體讀取會遭遇宿主基因等非預期序列干擾，降低定序結果的成功率，若能先進行短片段基因或全基因體增幅反應，可彌補此一缺點提升口蹄疫病毒序列定序的成功率。非洲國家專家建議由國際組織資助採購該項檢驗設備與試劑以協助監控疫情。
4. 利用146 S沈降係數的病毒顆粒或蛋白研發具有IgG1親和力ELISA試劑應用於事先經A Iran96疫苗株或A Iran99疫苗株免疫的A 22 Iraq病毒攻毒牛隻，收集血清同時以病毒中和試驗、IgG1 ELISA、親和力ELISA作檢測，專家表示以血清中IgG1濃度 (OD值> 0.5)、IgG1親和指數 (>30%) 作為保護力判斷標準，結果顯示IgG1親和力ELISA檢測數據可取代現行動物攻毒試驗結果。

三、致病機轉：

1. 口蹄疫病毒病毒感染牛、羊、豬等動物隨動物種類不同，造成不同感染後果，病毒可輕易地透過牛隻上呼吸道或空氣感染，豬則不容易透過上呼吸道感染，而需藉由直接接觸方式形成感染，另外，牛、羊主要感染鼻咽喉黏膜(nasopharyngeal mucosa)或扁桃腺隱窩，可持續在前述部位複製，造成

持續性感染；而病毒進入豬隻後，主要在口咽喉扁桃(oropharyngeal tonsil)複製，但不形成持續性感染。採樣或監測時需考量不同動物在主要感染部位的差異挑選合適組織做採樣。

2. 口蹄疫病毒的leader基因產物與免疫系統調節有關，研究顯示口蹄疫O/FRA/2001病毒以基因操作去掉leader基因，進行牛隻攻毒，與野外O/FRA/2001毒株分別做牛隻攻毒試驗，結果攻野外毒的牛隻發病，可自其血清、分泌物與組織檢出所攻病毒核酸，部分牛隻至35天觀察結束，仍持續排毒，而攻leader缺損株(O/FRA/2001 Δ Lb)組，牛隻無臨床症狀，血清與分泌物與組織均無法檢出leader缺損株病毒核酸。專家建議可利用leader缺損口蹄疫病毒株進行病毒中和試驗，或發展出減毒疫苗毒株。此外，leader基因缺損病毒(O/FRA/2001 Δ Lb)，培養在軟顎細胞培養搭配曝露氣體培養系統(air-liquid interface)，不同於野外病毒組，48小時之後僅產生局部細胞病變。
3. 牛隻經口蹄疫病毒A24- Cruz株攻毒24小時，作為donor放入第1群健康牛隻(contact)，同居24小時，移入第2群牛，同居24小時再移入第3群牛，同居24小時後移入第4群牛，觀察7-14天，結果donor於第96小時出現口蹄疫症狀，第2群、3群、4群contact牛隨後在觀察期間出現症狀，證實Donor牛隻可造成臨床症狀前傳播，且隨著依序接觸，越晚接觸到Donor牛的contact牛出現症狀逐漸嚴重，其體內病毒達到高峰所需時間亦縮短。專家指出此種現象(口蹄疫感染動物的臨床前傳播)，對病例追蹤、移動管制、隔離檢疫、動物或牧場或族群流行病學等很有助益。
4. 在FMDV攜帶牛的連續感染中，無論感染FMDV血清型O型或A型順序何者為先，病毒會在感染牛的鼻咽發生病毒重組，並且在感染後2-7天內，可於咽喉液檢測到病毒重組。專家認為FMDV重組模式不同，取決於感染順序，機制與關連性有待進一步研究。

四、 免疫研究：

1. 以7種不同的口蹄疫疫苗方案(O型2種、A型3種與C型2種)免疫21頭牛(每組3頭)，結果發現施打二劑疫苗有效地增加多數不同疫苗對異源O型血清型的抗原涵蓋度，特別是含有O1/Campos病毒株的疫苗單獨或與其他血清型病毒株搭配更能誘發保護力。
2. 以多價口蹄疫疫苗(含O、A與Asia1)免疫48頭曾免疫過之母牛，母牛免疫112天後對51隻小牛進行免疫，再經過21天免疫其中26頭小牛，以病毒中和試驗進行血清學檢測，結果顯示定期接種疫苗的母牛對疫苗病毒產生了強烈的中和抗體反應，儘管抗原匹配率低，仍對田間病毒具有很高的保護可能性。
3. 36頭18~24月齡牛隻接種口蹄疫疫苗後，將實驗組以牛羊肝蛭(Fasciola hepatica)感染，結果發現牛羊肝蛭感染會導致口蹄疫疫苗免疫造成的口蹄疫特殊IgG 1抗體反應之品質與產量減少。專家表示肝蛭的分泌物可抑制宿主免疫反應，如研究顯示IgG1反應，進而影響宿主對口蹄疫的抵抗力，肝蛭寄生在牛白血病研究也證實有類似現象。
4. 以口蹄疫疫苗四價類病毒顆粒(virus-like particle; VLP)疫苗(含O型、A型、Asia1型、SAT2型)免疫牛隻，依照補強免疫間期分為3組，分別間隔1個月、3個月與6個月，結果顯示3個月的補強注射間期產生的病毒中和試驗反應比1個月補強注射間期更強烈且更長久，然而，最佳初次免疫到補強注射間隔仍待進一步研究決定。

五、 疫苗研發：

1. 利用基因體重新編碼方法生成具有潛力的口蹄疫減毒疫苗 O 型 IND R2/1975 疫苗候選株，O 型 IND R2/1975 疫苗候選株在單層 BHK-21 細胞，病毒複製能力比親源株慢 100 倍，對於 3 日齡 Balb/c 小鼠毒性也較親緣株弱。
2. 使用密碼子劣化 (deoptimization) 策略應用於口蹄疫疫苗，透過病毒 A24 株非結構區域改變，使病毒毒力減弱，拿來免疫牛隻以同源口蹄疫病毒攻毒，結果能提供牛隻保護力，且能引發強烈的中和抗體反應，及引發 CD4+/CD8+ 效應記憶細胞和 NK 細胞的 IFN γ 反應，協助宿主抵抗口蹄疫病毒。
3. 使用穩定的類病毒顆粒 (virus-like particle; VLP) 應用於東非口蹄疫控制，通過的標準為疫苗接種 21 天或補強免疫 10 天後，對於 3/4 的分離株，3/5 免疫動物血清中的抗體力價需 $>1.5 \log_{10}$ TCID₅₀。而疫苗候選株中除了 A/Ken 外，所有候選株都符合 AgResults 的免疫後 21 天標準，在補強免疫後所有疫苗都通過標準。
4. 利用 FMDV 迷你基因體 (minigenome) pKLS3 作為一種表現載體，包含 FMDV 的 5'UTR 與 3'UTR，以及 T7 啟動子 (promoter)，透過 T7 RNA 聚合酶 (polymerase) 在哺乳動物細胞細胞質中進行轉錄，以獲得蛋白質，具有作為疫苗研發平台的潛力。

六、非洲之口蹄疫研究

1. 於烏干達測試 2 種商業化四價口蹄疫疫苗，2 種疫苗各分為 4 組，包含施打 1 劑、施打 2 劑、疫苗換批控制組與未施打疫苗控制，以病毒中和試驗與 IZSLER 特定血清型別口蹄疫 ELISA 套組偵測抗體，結果顯示第一種疫苗力價較第二種疫苗高出 34%，且進行兩劑追加免疫的動物具有比僅施打 1 劑的動物能產生更持久之抗體力價。
2. 在 39 隻 6~12 月齡山羊以多價口蹄疫疫苗進行免疫，再以異源 SAT1 型口蹄疫病毒進行攻毒試驗，總共分為 4 組，包含打滿牛用劑量 1 劑 (2ml)、1/3 牛用劑量、1/6 牛用劑量、1/12 牛用劑量與對照組，在免役後 20 天有顯著的血清抗體陽轉率 (seroconversion)，並且 1/3 牛用免疫劑量比 1/6 與 1/12 牛用免疫劑量具有更好保護力。
3. SAT 型口蹄疫病毒特定噬菌體勝肽庫對於抗原決定位之鑑定，為第一個建立 SAT1、SAT2 與 SAT3 型口蹄疫病毒特定噬菌體勝肽庫的研究，並成功找到可能的抗原區。
4. 烏干達牛隻走道從烏干達西南延伸到東北，烏干達偶蹄類動物大部分飼養於此區，由於降雨量低且不穩定，畜牧業為逐水草之放牧型態。在缺乏良好生物安全政策與風險管理情況下，活體動物交易，容易造成疫情傳播。該區經歷口蹄疫、牛結節疹、小反芻獸疫與炭疽病等疫情爆發，都與動物移動相關。
5. 奈及利亞流行口蹄疫病毒為 O 型、A 型、SAT1 與 SAT2，其中 O 型與突尼西亞的病毒株具有 98.3% 核酸相似度。埃及爆發口蹄疫以 O 型與 A 型為主，最早案例分別為 1951 年與 1952 年。尚比亞與納米比亞口蹄疫流行株為 O 型/EA-2。

Epidemiology of FMD in Uganda: Spatial distribution

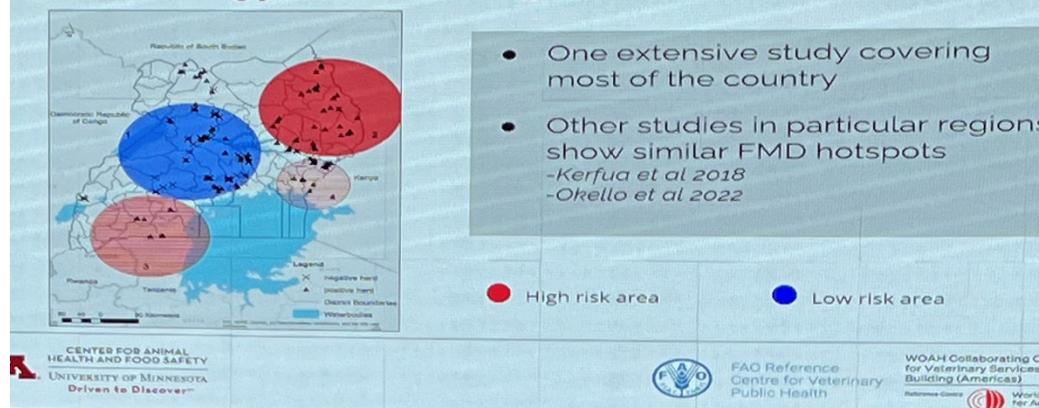


圖 3、非洲國家口蹄疫好發區與風險分析

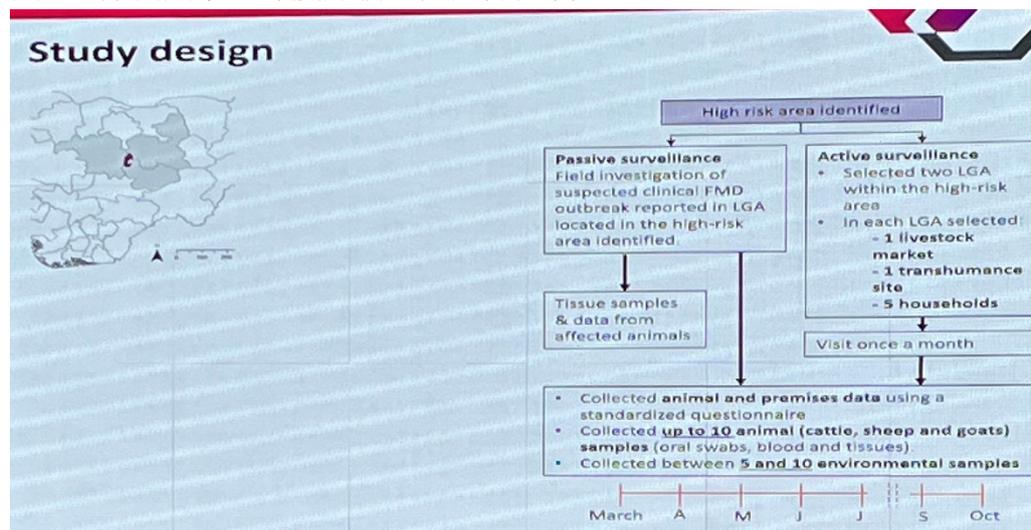


圖4、奈及利亞羊隻對口蹄疫擴散研究

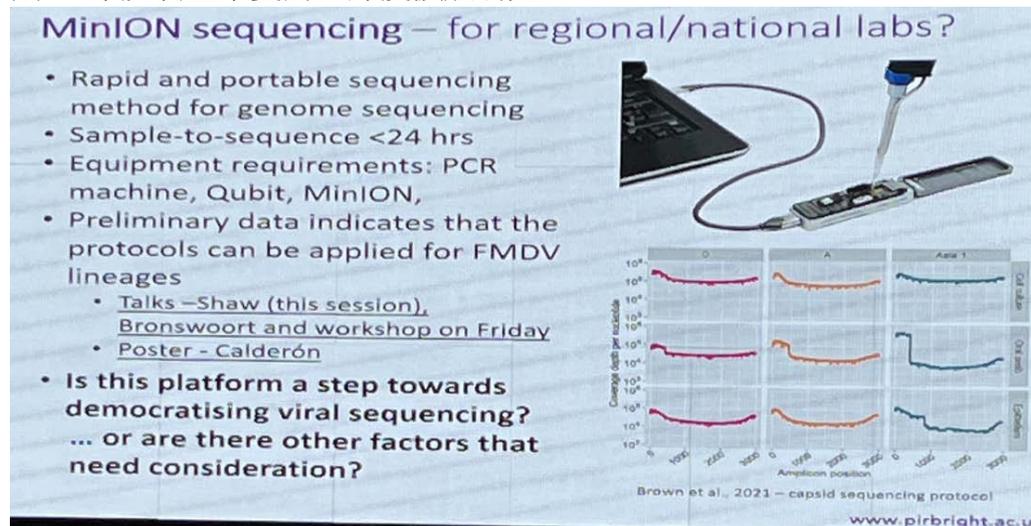


圖 5、奈米孔洞定序應用於口蹄疫疫區之研究

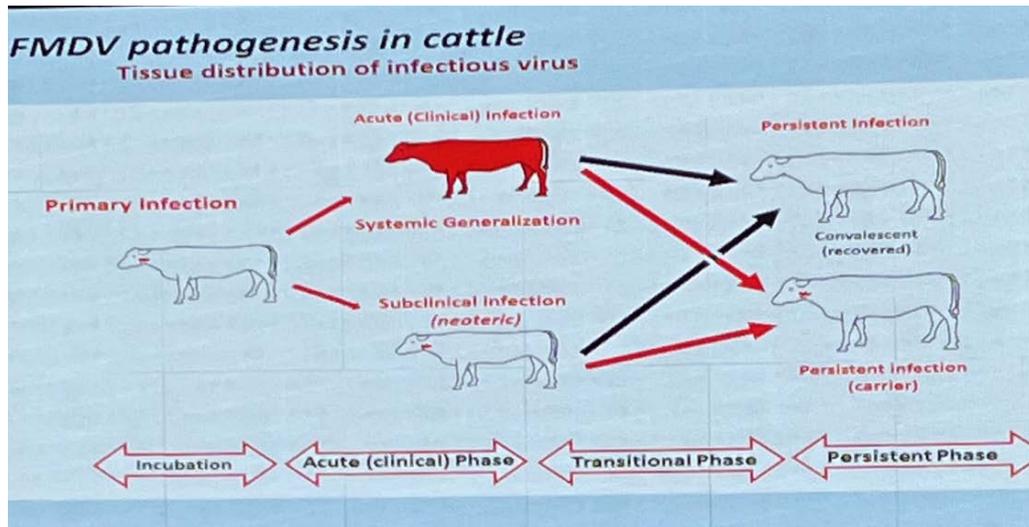


圖 6、牛隻接種口蹄病毒發展成持續感染

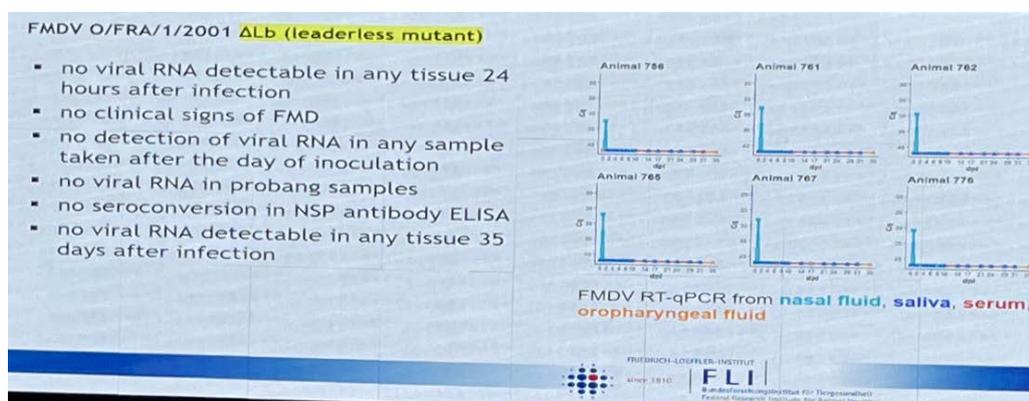


圖 7、牛接種 leader 缺損株(O/FRA/2001 Δ Lb)後體內分布

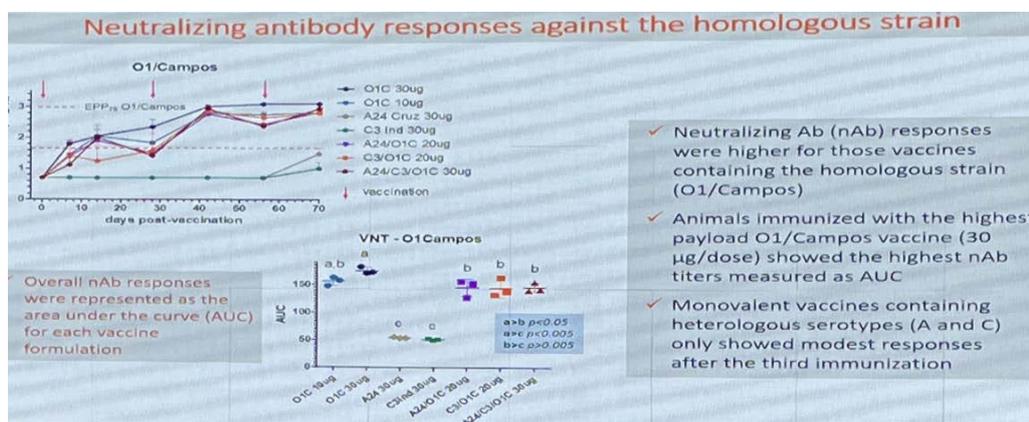


圖 8、O1/Campos 疫苗株擁有較佳抗體反應

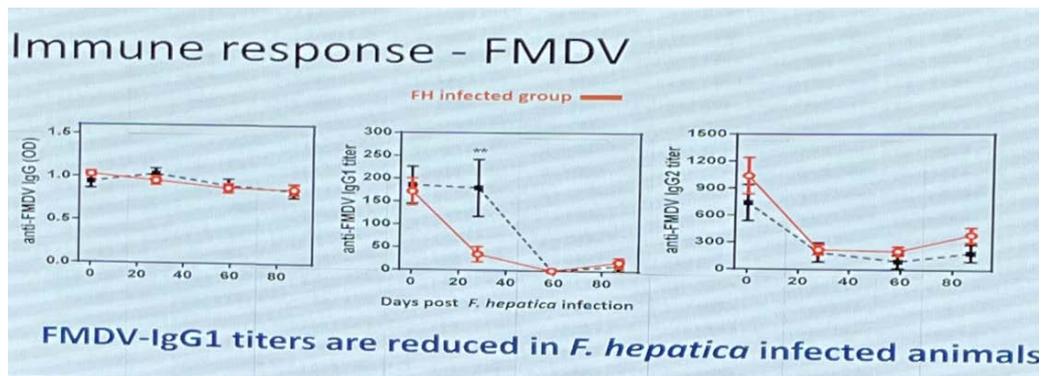


圖 9、牛肝蛭感染導致口蹄疫免疫後特殊 IgG 1 抗體下降

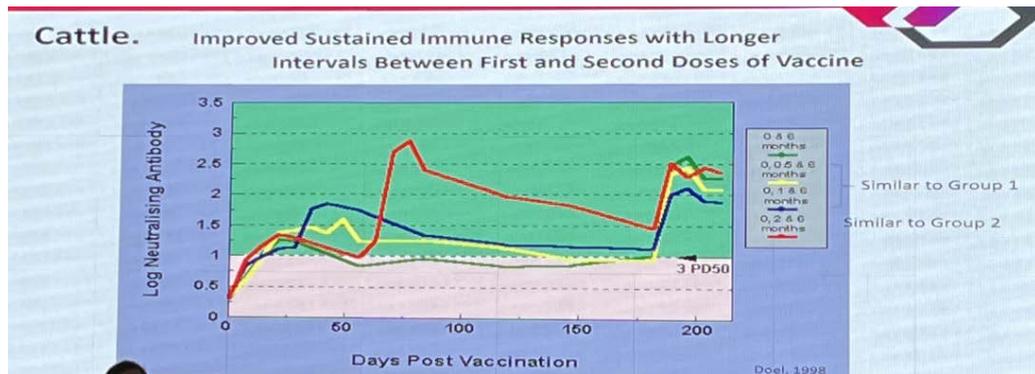


圖 10、3 個月的補強注射間期誘發較佳中和抗體反應

Discussion

Efficacy of a FMD vaccine against a heterologous SAT1 virus challenge in goats

- The vaccine induced significant seroconversion in three of the vaccinated groups by 20 dpv
- Goats receiving the 1/3rd dose had good protection relative to the 1/6th and 1/12th dose
- The full dose, 1/3rd and 1/6th vaccine groups had low viral shedding from clinical specimens
- There was no evidence of viral shedding in the nasal epithelium of the higher vaccine groups
- Furthermore, there was no evidence of viral RNA excreted in rectal swab for all the animals beyond 4 dpc
- A fractional dose of 1/3rd the full cattle dose of a high-potency DOE FMD vaccine containing SAT1 virus strain can confer protection in goats against a heterologous challenge with SAT1 virus pool

Lazarus D D., GFRA Scientific Meeting, Kampala Uganda 8th November 2023

圖 11、山羊施打口蹄疫苗對同源 SAT1 野外毒株具保護力

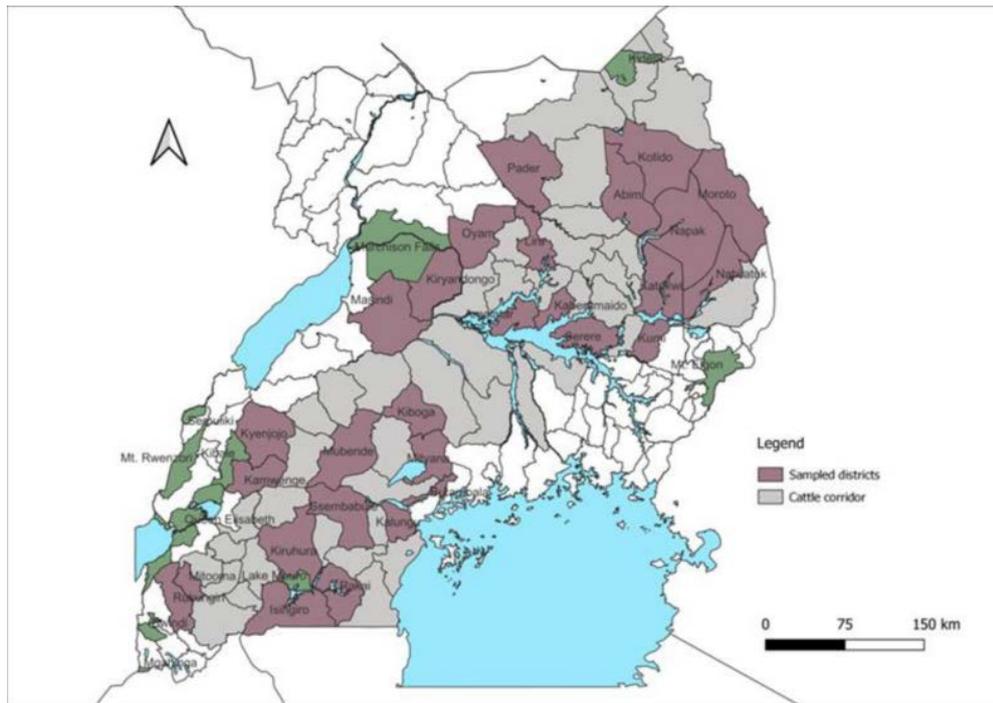


圖 12、烏干達牛隻走道從西南延伸到東北

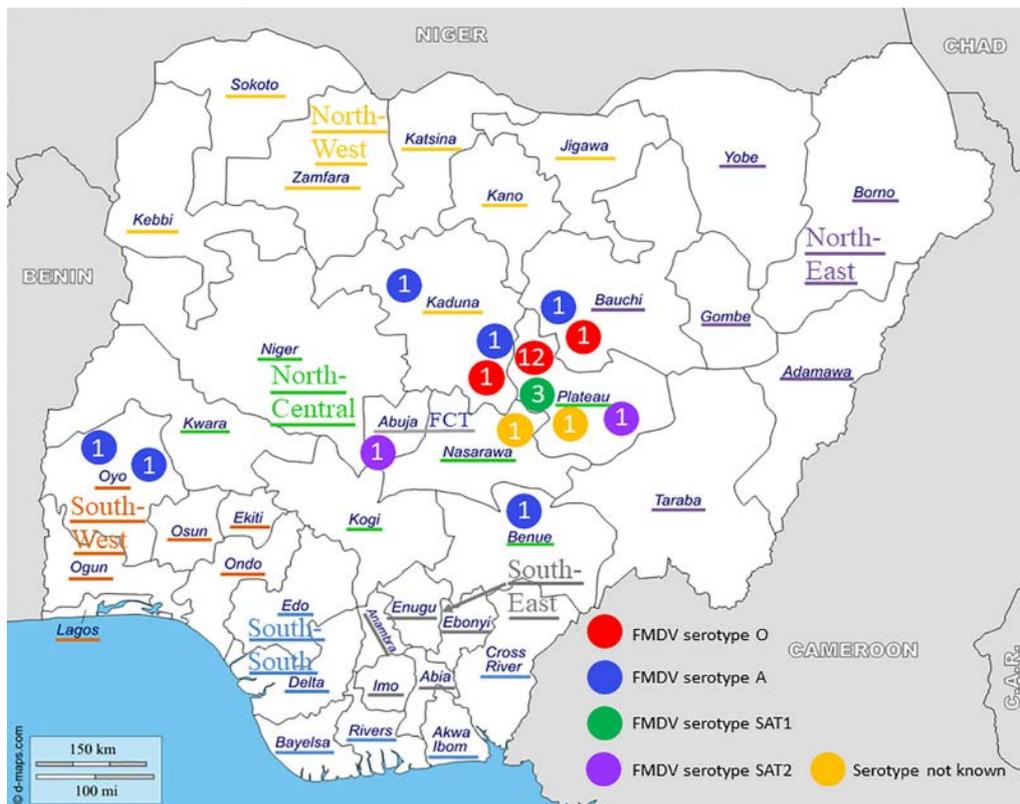


圖 13、奈及利亞口蹄疫流行株與分布

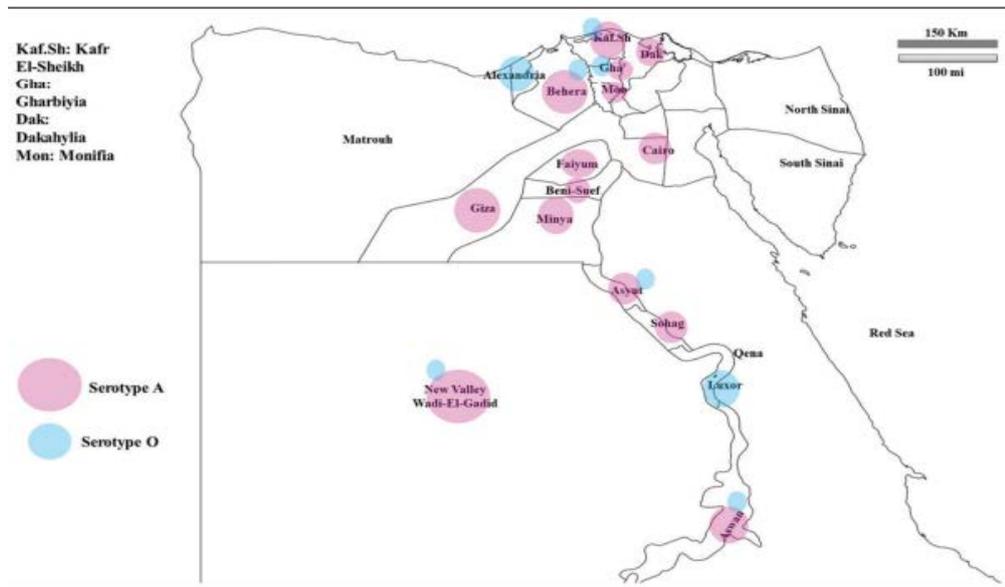


圖14、埃及口蹄疫爆發區域

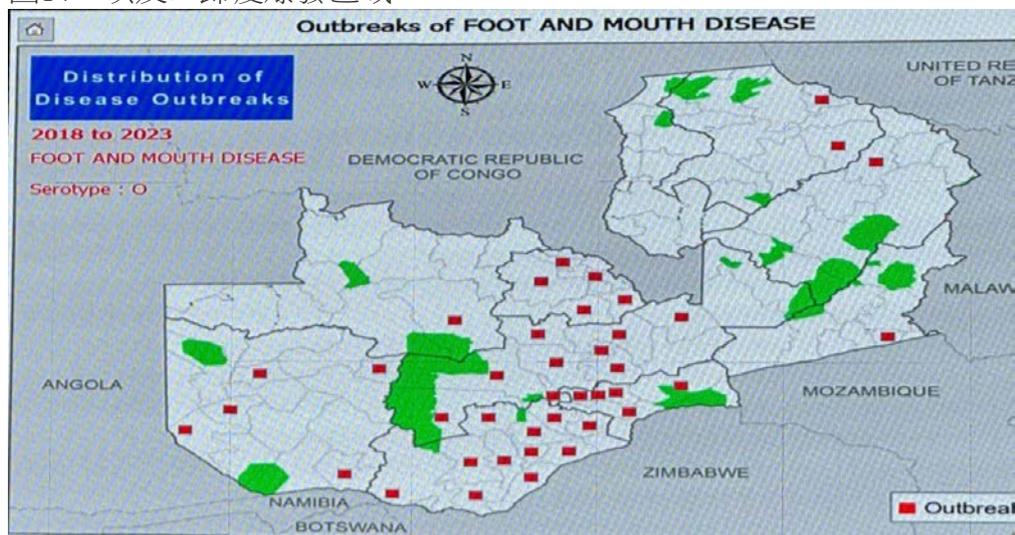


圖15、尚比亞口蹄疫流行株與分布

肆、結論及建議事項

- 一、GFRA的目標是促進全球研究合作，並作為全球FMD研究團體的聯絡窗口。該聯盟將進行戰略性研究，以對口蹄疫有更佳的瞭解，發展控制措施和應用策略，進而評估新世代口蹄疫控制對社會和經濟的影響，同時提供流行地區的動物和動物產品提供安全貿易政策制定的相關信息。接下來將著手於實施建議的優先性研究，促進聯盟內戰略性合作研究專案。同時將持續擴展和促進聯盟合作，並召集專家分析技術或知識缺口，確定未來研究策略與優先順位，並尋求更多資源。未來亦將更重視口蹄疫控制的技術轉移和對策整合。
- 二、The Pirbright Institute世界口蹄疫參考實驗室與WOAH/FAO著眼於，東非地區國家組成之東非共同體，若口蹄疫疫苗能取得授權便能於東非流通販售，因此開始發展東非抗原參考庫（reference antigen panel）以及口蹄疫疫苗挑戰專案，專案目的為確保製造商根據東非地區口蹄疫流行病學資訊選擇疫苗株，能向疫苗管理單位提供科學數據，佐證其疫苗能協助控制該區域疫情，期望能激勵疫苗廠商投入競賽專案，促進東非疫情相關多價口蹄疫疫苗開發，爭取更好的口蹄疫疫苗導入東非，以利東非口蹄疫控制。
- 三、由非洲國家專家簡報得知非洲地區限於經費與資源不容易進行常規監測活動，僅能在幾處國家公園局部區域作小規模監測，且限於經濟條件與教育程度，農民普遍缺乏口蹄疫與防疫意識，後院飼養牛羊場所生物防禦措施不足，且乾季時牛羊逐水草移動，導致家畜與野生動物接觸頻繁，加上國境不易管致動物運輸，導致非洲地區口蹄疫複雜難控制，因此主辦單位希望透過會議，增加其他國家學界對非洲口蹄疫現況與其困境的認識，並希望透過分組討論協助擬出未來非洲國家口蹄疫控制缺口與因應措施。
- 四、本所收集豬場豬瘟監測血清進行矽尼卡病毒血清學調查，發現第二次採樣時（肥育期豬隻）抗體陽性率較第一次採樣（保育期豬隻）下降，推測此階段母源抗體消失，血清學檢驗數據較能反映豬場內矽尼卡病毒感染情形；從3場二次採樣抗體轉陽樣本檢出矽尼卡病毒核酸並成功分離到病毒，全基因體序列分析顯示我國病毒株核酸序列與美國病毒株相近。本研究結果以壁報於本次會議展出，據悉英國養豬場2022年發生嚴重矽尼卡病毒感染疫情，本所研究成果吸引英國，澳洲與德國等專家前來詢問，交流中專家亦問及我國在非洲豬瘟防疫與監控現況。
- 五、透過會議中與各國與會專家交流，展出矽尼卡病毒研究成果，並為有興趣之歐洲專家介紹我國在矽尼卡病毒研究成果。另亦分別洽詢The Pirbright Institute負責口蹄疫能力試驗及澳洲參考實驗室的專家，關於我國今年參加口蹄疫國際能力試驗案的處理進度與赴The Pirbright Institute進行合作試驗可行性，以及赴澳洲參考實驗室參訪合作議案。本次會議透過實際參與口蹄疫研究與防控推展活動，不僅提升臺灣獸醫研究的曝光度，也盡到我國身為聯盟夥伴責任。
- 六、臺灣自2019年8月以合作者身分加入GFRA，經我國農業部與外交部通力合作，現已成功成為該聯盟夥伴，為達成口蹄疫有效防疫與本於夥伴關係義務，未來更因積極參與相關會議與活動，以利臺灣對於口蹄疫與其他豬隻水疱性疾病研究能與國際接軌，為全球口蹄疫控制與清除盡一份心力。



圖16、口蹄疫藍圖會議，針對非洲口蹄疫研究技術缺口優先性議題，各國與會人員踴躍討論。



圖17、奈米孔定序技術操作。



圖18、本所蔡國榮副研究員、潘成儒助理研究員與美國農業部農業研究署（Agricultural Research Service；ARS）動物生產及保健國家型計畫主持人Dr. Cyril Gay於會場合影。

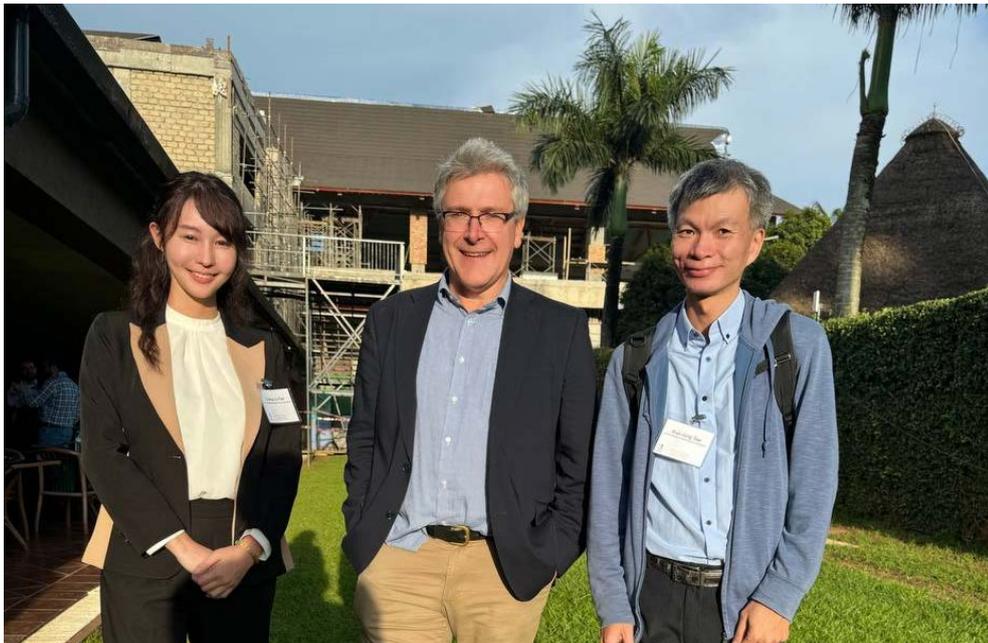


圖19、本所蔡國榮副研究員、潘成儒助理研究員與聯合國糧食及農業組織（Food and Agriculture Organization of the United Nations；FAO）口蹄疫世界參考實驗室主任Dr. Donald King於會場合影。



圖20、本所蔡國榮副研究員、潘成儒助理研究員與澳洲動物疾病準備中心（Australian Centre for Disease Preparedness；ACDP）研究團隊領導者Dr. WilnaVosloo於會場合影。