

美国《Emerging Infectious Diseases》2016年第8期 有关人兽共患病论文摘译

P1353 1960—2012年澳大利亚西尼罗病毒的毒力演变 \ Natalie A. Prow, Judith H. Edmond, David T. Williams, 等

在全球范围内,西尼罗病毒引起人、马及禽类的脑炎。西尼罗病毒 Kunjin 株(WNV_{KUN})是澳大利亚北部特有的西尼罗病毒流行株,但其感染通常是无症状的。2011 年,在澳大利亚东南部地区发生了前所未有的马脑炎暴发,在约 900 例的报告病例中,绝大部分可归因于一个新出现的西尼罗病毒 Kunjin 株。为追溯该病毒株的起源,我们对 1960—2012 年间从澳大利亚不同地区收集的 13 株西尼罗病毒 Kunjin 株进行了遗传分析,对其在体内和体外进行研究。虽然在 1984,2000 及 2012 年均无病例记录,但从这几个年份收集的分离株(分别来自维多利亚州、昆士兰州和新南威尔士州)在小鼠中呈现了与 2011 年暴发株相似的毒力水平。WNV_{KUN} 毒株在澳大利亚的散发传播已经超过 30 年,而在澳大利亚首次大规模暴发的马脑炎可能是特定的生态和流行病学条件组合的结果。

P1363 2011—2013 年,中国云南省的边境疟疾在消除阶段的微地理分布异质性 \ Xin Xu, Guofa Zhou, Ying Wang, 等

为了确认中国云南省沿国际边境地区疟疾传播的乡镇级高风险点,我们对 2011—2013 年在 4 个地市 58 个乡镇的医院及诊所收集的资料进行回顾性分析。我们使用地理信息系统以及 Getis—Ord Gi * (d) 聚类分析方法进行了时空分布分析,尤其是确诊疟疾的热点分布。2011—2013 年,疟疾发病率,传播的季节性以及间日疟:恶性疟比率几乎保持不变,但分布的异质性增加。在这 3 年里,有确诊疟疾病例的乡镇数显著下降,发病越来越显著集中在

少数的几个乡镇中。每年恶性疟的高/低发病聚集区在位置和大小上均有变动,而间日疟的高发病率乡镇保持不变。所有高发病率聚集区均位于中—缅边境。由于疟疾分布异质性的增加,在疟疾消除阶段,疟疾传播热点的微地理分析为设计疟疾针对性干预提供了有用的信息。

P1373 马来西亚 2 个不同基因来源的人兽共患寄生虫诺氏疟原虫的系统地理学证据 \ Ruhani Yusof, Md Atique Ahmed, Jenarun Jelip, 等

人兽共患性猴疟原虫诺氏疟原虫的人感染病例遍布于东南亚,而大部分病例主要发生在马来西亚,诺氏疟原虫是当前马来西亚的疟原虫优势种。这种明显的偏态分布,推动了在马来西亚半岛和马来西亚婆罗洲进行该疟原虫的系统地理学调查,这两个地区在地理位置上分离。我们调查了在这两个地区采集的人及猕猴标本。A 型小亚基核糖体 18S RNA 以及细胞色素氧化酶亚基 I 基因序列的单倍型网络分析结果显示,2 个诺氏疟原虫位于 2 个不同的遗传分枝簇,分别来源于马来西亚的两个区域中的一个。我们提出,这些疟原虫代表了 2 个不同的独立进化的人兽共患性诺氏疟原虫型别。这些型别进化可能在最后一次冰河时代结束时,海平面上升,马来西亚婆罗洲从马来西亚半岛分离后发生。

P1403 塞拉利昂受埃博拉影响的家庭中埃博拉病毒病的暴露特异性和年龄别罹患率 \ Hilary Bower, Sembia Johnson, Mohamed S. Bangura, 等

使用塞拉利昂埃博拉病毒病(EVD)幸存者的家庭成员的历史性资料,在调整了混杂和聚集后,我们计算了埃博拉病毒病的年龄别和暴露水平的风险,评估了其相对危险度。在 94 个家庭的 937 名家

庭成员中,448人(48%)是埃博拉病毒病患者。与暴露高度相关,埃博拉病毒病风险介于83%的接触尸体到8%的最小接触之间,且各年龄组间不同:2岁以下儿童为43%,5—14岁为30%,30岁及以上成人为大于60%。与20—29岁年龄组的暴露风险相比,5—9岁(0.70),10—14岁(0.64)以及15—19岁(0.71)的暴露调整相对风险较低,而2岁以下(0.92)或2—4岁(0.97)儿童无差别。在校正暴露因素后,5—19岁的风险较低,表明该人群易感性的下降。

P1431 2015年塞拉利昂基于社区事件的埃博拉病毒病的监测评估 \ Ruwan Ratnayake, Samuel J. Crowe, Joseph Jasperse, 等

2015年,塞拉利昂执行了基于事件的社区监测(CEBS)以帮助发现埃博拉病毒病病例(EVD)。我们评估了在7个月内,基于事件的社区监测发现埃博拉病毒病例的灵敏度,并在6周的亚组分析中评估了无流行病学关联的报告病例检测时间的及时性。在12 126例基于事件的社区监测的报告事件中,287例(2%)符合疑似病例的定义,16例确诊阳性。基于事件的社区监测检出了研究期间确认的30%(16/53)的埃博拉病毒病病例。在亚组分析期间,CEBS工作人员发现了6例无流行病学关联病例中的4例。这些基于事件的社区监测系统发现的病例比国家监测系统发现的病例得到更迅速的确认,然而,太少的检测例数不足以确定系统的及时性。虽然基于事件的社区监测系统发现了埃博拉病毒病病例,但发生了大量的误报。通过增加工作人员培训以及社区参与,在进一步基于社区的监测中病例检出将得以提高。

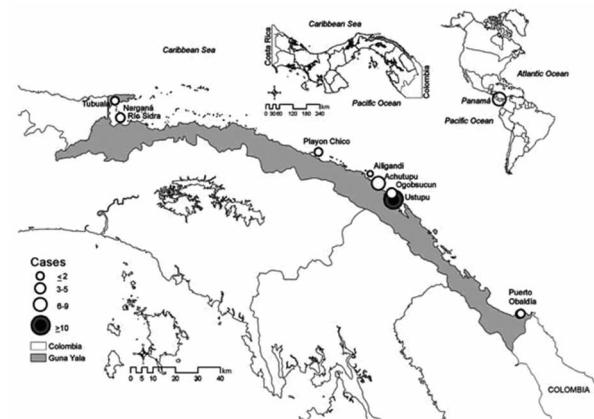
P1438 巴西萨尔瓦多归因于寨卡病毒的出疹性疾病,格林巴利综合征以及小头畸形间的时间间隔 \ Igor A. D. Paploski, Ana Paula P. B. Prates, Cris-tiane W. Cardoso, 等

在越来越多的证据表明寨卡病毒感染与神经功能障碍及先天畸形间的关联性后,其已成为公共卫

生应急事件。2015年,巴西萨尔瓦多暴发了寨卡病毒引起的急性出疹性疾病(AEI),格里巴利综合征(GBS)以及小头畸形。我们用流行病学曲线以及时序相关分析,探讨了这些疾病暴发的时间相关性和时间间隔,以确定它们间的共同联系。急性出疹性疾病病例达峰5~9周后,出现格里巴利综合征病例数峰值。急性出疹性疾病病例数达峰30~33周后,出现小头畸形的疑似病例数峰值,与孕早期孕妇潜在感染的时间相关。这些发现支持格里巴利综合征及小头畸形与寨卡病毒感染间的相关性,同时也为孕早期妇女虫媒感染时间与妊娠结局间的时间关系提供了证据。

P1515 巴拿马发热或出疹性疾病与寨卡、登革热及基孔肯雅病毒间的关联 \ Dimelza Araúz, Luis De Urriola, José Jones, 等

寨卡病毒感染临床病例最早报道于2015年,南美洲大陆,此后该病毒在整个美洲大陆迅速蔓延。我们在此描述了一个可能与寨卡、登革热或基孔肯雅病毒相关的发热或出疹性疾病的调查,这些疾病发生在与哥伦比亚北部接壤的巴拿马东部库纳雅拉特地区(图1)。



地图显示了库纳雅拉特地区在巴拿马的位置以及巴拿马在美洲的位置。

图1 2015年11月27日至2016年1月22日巴拿马东部库纳雅拉特地区确诊寨卡病毒的位置