

# 美国《Emerging Infectious Diseases》2018 年第 7 期 有关人兽共患病论文摘译

P1221 与南韩士兵发热性呼吸性疾病相关人类腺病毒的分子流行病学//Jung Yeon Heo, Ji Yun Noh, Hye Won Jeong, 等

在 2013 年 1 月—2014 年 4 月期间,我们从一所军队医院的急性发热性呼吸性疾病患者中采集鼻咽拭子标本,采用 PCR 方法,检测 12 种呼吸道病毒,并对人类腺病毒(HAdV)分子分型的部分六聚体基因进行测序。我们分析了人类腺病毒感染的流行病学特征,并比较了不同分型的临床特征。在 305 名急性发热性呼吸道疾病患者中,139 例(45.6%)被检测出呼吸道病毒,其中人类腺病毒是最主要的病毒(69 例)。在根据类型确定的 40 种腺病毒中,HAdV-55 型最为普遍(29 例),其次是 HAdV-4 型(9 例)。HAdV-55 型感染在肺炎患者和住院患者中较常见。肺炎患者中,HAdV-55 型的感染风险是 2.7 倍(95%CI 为 0.48—9.86);住院患者中,HAdV-55 型的感染风险是 5.21 倍(95%CI 为 1.06—25.50)。在感染人类腺病毒的南韩士兵中,HAdV-55 型是最主要的感染类型,HAdV-55 感染还可能与严重的临床结局(重症肺炎或急性呼吸窘迫综合征)有关。

P1228 2004—2010 年越南北部人群甲型流感病毒(H5N1)感染多样性研究//Hirota Imai, Jorge M. Dinis, Gongxun Zhong, 等

流感病毒存在于每个宿主中,作为遗传多变量体的集合,这可能增强病毒的适应潜力。为了评估高致病性禽流感 A(H5N1)病毒在受感染人群中的基因和功能多态性,我们采用深度测序方法,对 2004—2010 年间越南北部受感染患者在感染后不同时期、不同组织学部位获得的标本进行病毒的特征分析。我们发现了影响受体结合、聚合酶活性或干扰素拮抗的病毒基因变化,这些因素可能在病毒对人类的适应过程中发挥作用。然而,大多数这些突变的频率在测试样本中是较低的,意味着它们在这些宿主中没有被有效地选择。我们的数据表明,甲型流感病毒的适应过程很可能是逐步的,并且依赖于突变的积累,这些突变在保持适应性的同时改变了功能。

P1257 1990—2015 年加拿大安大略湖芽生菌病、组织胞浆菌病和球孢子菌病的流行病学和地理分布特征//Elizabeth M. Brown, Lisa R. McTaggart, Deirdre Dunn, 等

在北美洲,地方性真菌病日益成为一个公共卫生挑战。我们描述了 1990—2015 年间安大略省 1392 例经微生物学实验室确认的芽生菌病、组织胞浆菌病和球孢子菌病的流行病学情况。其中牙生菌病最常见(1092 例,发病率 0.41/10 万),其次是组织胞浆菌病(211 例)和球孢子菌病(89 例)。从 1995 年到 2001 年,牙生菌病的发病率上升,且保持着升高趋势,尤其是在西北地区,当地几个重灾区的合计发病率为 10.9/10 万,是该省任何其他地区的 12.6 倍。这项回顾性研究大幅度地增加了已报告的加拿大已知地方性真菌感染的数量,证实了安大略湖是牙生菌病和组织胞浆菌病的一个重要地方病区,并为今后疾病监测提供了基线资料。临床医生应考虑将芽生菌病和组织胞浆菌病作为对去过或在安大略湖地区的耐抗生素肺炎患者的特异诊断。

P1285 2015 年菲律宾食蟹猴中再现雷斯顿埃博拉病毒//Catalino Demetria, Ina Smith, Titus Tan, 等

2015 年 8 月,菲律宾马尼拉南部的一家非人灵长类动物机构发现,6 只食蟹猴(食蟹猴猴属)异常死亡,表现为全身皮疹、食欲不振或猝死。通过血清学检测和分子分析,我们确认猴子感染了雷斯顿埃博拉病毒。我们从被感染的猴子组织中分离出病毒,并确定病毒基因组序列。2015 年暴发中发现的雷斯顿埃博拉病毒与 4 株导致 2008 年猪群埃博拉病毒暴发的其中一株在基因上更为接近。8 只猕猴呈麻疹阳性,其中 2 只还感染了雷斯顿埃博拉病毒。同时期,麻疹病毒正在菲律宾各地传播,表明猕猴的感染可能是反向的人兽共患病(reverse zoonosis)。改进生物安全措施将最大限度地减少公共卫生风险,并限制疾病和病媒的传入。

P1292 人类原生细小病毒的全球分布//Elina Väisänen, Ushanandini Mohanraj, Paula M. Kinnunen, 等

二代测序技术和宏基因组学的发展带动了新型病毒检测的革命性变化。这些病毒中有 3 种人类原生细小病毒(Human Protoparvoviruses): bufa 病毒、tusa 病毒和 cuta 病毒。这些病毒已在腹泻儿童的粪便中被发现。此外,在法国皮肤 T 细胞淋巴瘤

患者和丹麦 1 例黑色素瘤患者的皮肤活检标本中也检测到 cuta 病毒。研究调查了 840 例不同人群中上述 3 种病毒的 IgG 血清阳性率,发现 bufa 病毒 IgG 阳性率存在着显著的地域差异。虽然在芬兰(1.9%)和美国(3.6%)的成年人中,bufa 病毒 IgG 阳性率较低,但在伊拉克(84.8%)、伊朗(56.1%)和肯尼亚(72.3%)人群中却非常普遍。相反,cuta 病毒 IgG 阳性率在所有组别中都表现出了较低水平(0—5.6%),而 tusa 病毒 IgG 没有被检测出。这些结果提供了对原生细小病毒的全球分布和流行区域的新认识。

**P1300 美国国内流感病毒监测地图**//Barbara Jester, Joy Schwerzmann, Desiree Mustaquim, 等

流感病毒监测在每个季节都是至关重要的,用于追踪流感的传播,跟踪抗病毒药物耐药性的趋势,检测人类新发的流感感染,以及选择在每年季节性疫苗生产中使用的病毒。我们开发了一个框架和过程图,将美国流感病毒监测的情况描述为 5 级流感检测:门诊(1 级)、住院和商业实验室(2 级)、国家公共卫生实验室(3 级)、国家流感参比中心实验室(4 级)和国家疾病预防控制中心实验室(5 级)。在 2015—2016 年期间,直接影响病毒监测的流感检测数量分别为 1 级和 2 级 804,000 次;3 级 78,000 次;4 级 2,800 次;5 级 3,400 次。随着 2017 年美国大流行性流感计划的发布,该框架将为公共卫生官员在建模、监测、大流行规划和应急响应提供支持。

**P1315 斯洛文尼亚蜱传脑炎病毒 RNA 载量研究**//Ana Saksida, Nina Jakopin, Mateja Jelovšek, 等

我们测定了斯洛文尼亚蜱传脑炎(TBE)初期患者血清学标本中蜱传脑炎病毒(TBEV) RNA 的载量。大多数标本的病毒载量范围是 3—6 log<sub>10</sub> 拷贝 RNA/mL。女性患者的水平高于男性患者,但我们发现病毒载量与实验室和临床参数(包括的蜱传脑炎严重程度)之间没有关联。然而,较弱的体液免疫应答与更严重的病程相关,表明病毒清除效率低下导致更严重的疾病。为了确定蜱传脑炎病毒的某个遗传谱系是否具有更高的毒性潜力,我们从患者临床样本中直接测序逆转录 PCR 产物,获得 56 个部分包膜蛋白基因序列。该方法提供了大量的病人源性的蜱传脑炎病毒序列。我们观察到系统发育演化分支与病毒载量或疾病严重程度之间没有联系。

**P1324 通过数据和利益的共享加强全球公共卫生监测**//Michael Edelstein, Lisa M. Lee, Asha Herten-Crabb, 等

公平共享公共卫生监测数据有助于预防或减轻传染病的影响。公平的数据共享包括致力于更公平地共享数据共享所带来的公共卫生利益,并要求提供数据的人、解释和使用他人数据的人、促进数据共

享过程的人、以及产生和贡献利益的人参与其中。查塔姆研究所进行的专家咨询概述了鼓励公平数据共享过程的 7 项原则:1)建立信任,2)明确数据共享的价值,3)规划数据共享,4)实现高质量数据,5)理解法律背景,6)创建数据共享协议,7)监测与评价。公共卫生监测数据共享最好考虑到这些原则,这将有助于确保数据以最佳和合乎道德地被共享,同时满足利益相关者的期望,促进利益的公平分配。

**P1345 2015 年一艘商船在澳大利亚印度洋暴发军团病**//Timothy J. Inglis, Chantal Spittle, Hilary Carmichael, 等

一艘在澳大利亚海岸作业的商船船员中发生了 2 例军团病和 1 例庞蒂亚克热(又称非肺炎型军团菌病)。PCR 检测确定了船舱的潜在来源。因此,需要针对非载客商船修订《商船军团病防治海事条例》(图 1)。



图 1 2015 年,澳大利亚,从非载客商船上拆卸的淋浴喷头显示了多个内部部件,其中包括 7 个 O 形环,它们都与通过的淋浴水相接触

**P1355 使用尿素洗脱酶联免疫吸附试验鉴别诊断寨卡病毒和登革热病毒感染**//Wen-Yang Tsai, Han Ha Youn, Jasmine Tyson, 等

血清学检测对寨卡病毒的诊断仍然至关重要。我们发现,尿素洗脱在寨卡病毒非结构蛋白 1 IgG 酶联免疫吸附试验中,可鉴别继发性登革热病毒感染与有过登革热病毒感染史的寨卡病毒感染(灵敏度 87.5%,特异度 93.8%)。这项试验将有助于在登革热流行地区对寨卡病毒并发症进行血清学诊断、血清学监测以及控制。

**P1360 在南非特定高危人群中的克里米亚—刚果出血热病毒血清流行病学调查**//Sabeehah Vawda, Dominique Goedhals, Phillip Armand Bester, 等

克里米亚—刚果出血热病毒(CCHFV)是南非的地方病,但不确定是否发生了轻微未确诊的病例。在一项血清流行病学调查中,387 名因职业或娱乐活动而被认为有感染风险的成人中,只有 2 人有证据显示曾被感染。南非的调查人群中,出血热病毒血清阳性率仍然很低。

(福建省疾病预防控制中心 李晓庆译,夏品苍校)