

美国《Emerging Infectious Diseases》2018 年第 10 期 有关人兽共患病论文摘译

P1795 中国甲型流感病毒(H7N9)的分子进化、多样性和适应性//Jing Lu, Jayna Raghvani, Rhys Pryce, 等

2016—2017 年,抗原性差异或高致病性甲型流感(H7N9)病毒的出现和流行的大幅上升,引起了人们对这些病毒可能引起人兽共患病的关注。通过分析现有资料和广东省 2015—2017 年分离到的新发 H7N9 病毒序列,我们研究了 H7N9 病毒的进化和适应性。系统发育分析表明,流行的 H7N9 病毒隶属空间分布不同的多个谱系。通过血凝抑制试验从感染这些病毒的患者血清标本中检测出 3 类 16 种病毒株。采用遗传序列重建来识别多个不同谱系的平行氨基酸变化。推测血凝素的突变主要发生在与受体识别或抗原性有关的部位。研究结果表明,高致病性病毒株可能源自 2016 年 3 月间广东省东部流行病毒株,并且与高适应分子进化率有关。

P1806 美国加利福尼亚州 5 个医疗区通过视频直接监测结核病治疗// Richard S. Garfein, Lin Liu, Jazmine Cuevas-Mota, 等

通过对美国加利福尼亚州 5 个医疗区的视频直接观察治疗(VDOT)监测结核病治疗效果进行评价,我们比较了 174 例视频直接观察治疗患者与 159 例直接观察治疗(DOT)患者的依从性。多变量线性回归分析发现了参与者的依从性与其社会人口统计记录、危险行为及治疗经验相关。参与者的中位年龄为 44 岁(范围 18—87 岁),其中 61%为男性。观察到的视频直接观察治疗患者预期中位剂量(FEDO)[93.0%(四分间距 IQR)83.4%~97.1%]高于直接观察治疗患者[66.4%(IQR 55.1%~89.3%)。大多数参与者(96%)会向其他人推荐视频直接观察治疗;90%的人更喜欢视频直接观察治疗而不是直接观察治疗。低预期中位剂量的独立相关因素包括美国或墨西哥出生、视频直接观察治疗持续时间较短、不会使用视频直接观察治疗、经常不在家服药以及录像故障有关($P < 0.05$)。视频直接观察治疗的成本比直接观察治疗低 32%(范围 6%

~46%)。视频直接观察治疗可行、可接受,依从性高,而且费用低于直接观察治疗。

P1825 1996—2012 年中国香港流感疫苗株与季节性流行株之间基因错配频繁// Martin C.W. Chan, Maggie H. Wang, Zigui Chen, 等

世界卫生组织每半年调整一次流感疫苗组分来应对温带地区的流感发病高峰。在热带和亚热带地区,流感病毒呈季节性变化,流感流行全年均可发生,因此疫苗组分难以抉择。17 年的分子流行病学调查显示,大多数甲型流感(H3N2)(9/11)和乙型(6/7)疫苗株被纳入疫苗前已经在东亚流行了一年多。在 34 个季节中,北半球疫苗株和东亚流行株有 7 个(20.6%)甲型流感(H3N2)和 5 个(14.7%)乙型流感(B)匹配。南半球疫苗的匹配概率也很低(H3N2,14.7%;B,11.1%)。季节间病毒变异普遍(H3N2,41.2%;B,35.3%),半年接种策略(11 月北半球疫苗,5 月南半球疫苗)没有改善匹配性。东亚对流感监测贡献很大,但同时期的流感疫苗和流行株经常匹配性欠佳。

P1840 2014—2015 年期间北美 A 型高致病性禽流感病毒(H5Nx)进化枝 2.3.4.4 的传播动力学// Dong-Hun Lee, 1 Mia Kim Torchetti, Joseph Hicks, 等

2014 年底北美发现欧亚高致病性禽流感病毒(HPAIV)H5 进化枝 2.3.4.4,在美国的暴发流行直到 2015 年 6 月才结束,影响的家禽超过 5 000 万只。我们通过对 268 个全基因组序列和疫情调查数据进行基因组比对,研究了与该病毒传播相关的潜在生态和流行病学过程。波及家禽养殖场的多起流感暴发之前,重组高致病性禽流感病毒 H5N2 已经在太平洋迁徙路线的野生鸟类中传播。分析表明,在 2015 年 3 月至 6 月期间,在中西部各州发生了超过 3 次的重组高致病性禽流感病毒 H5N2 输入;太平洋野生鸟类向中西部家禽养殖场的传播发生后 1.7—2.4 个月才检出。该病毒一旦感染家禽,就会在邻近州的火鸡和肉鸡养殖场之间迅速传播。应加

强生物安保,以防止重组高致病性禽流感病毒在整个家禽行业的输入和传播。

P1850 2013—2016年法属波利尼西亚妊娠期寨卡病毒感染及其对幼儿发育的影响// Lorenzo Subissi, Timothée Dub, Marianne Besnard,等

先天性寨卡病毒综合征包括婴儿宫内感染寨卡病毒后出现的一系列神经异常。但有些儿童宫内感染寨卡病毒后未出现出生缺陷,我们对他们神经认知发育所受影响知之甚少。我们对一系列先天性缺陷与寨卡病毒感染的时间关联进行了病例对照研究。原研究中对照组的儿童出生时未发现出生缺陷,我们在嵌套研究中对这些儿童的早期发育情况也进行了评估。发现先天性缺陷与孕妇寨卡病毒血清阳性率(感染时间未知)和孕期症状性寨卡病毒感染有关。尽管儿童早期发育评估未发现因母亲的寨卡病毒感染引起的发育延迟,但还需要进行更多、更长期的研究。

P1859 基于社区的干预措施对布基纳法索瓦加杜古市登革热病毒媒介的控制效果评估//Samiratou Ouédraogo, Tarik Benmarhnia, Emmanuel Bonnet,等

我们评估了布基纳法索首都瓦加杜古市基于社区的干预措施对登革热病毒媒介的控制效果。我们随机抽取了干预区 287 户和对照区 289 户家庭,收集了干预前(2015 年 10 月)和干预后(2016 年 10 月)的调查结果。干预措施减少了居民被登革热媒介叮咬的几率(媒介唾液中生物标志物差异 -0.08 , [95%CI 0.11-0.04])。干预区蛹指数(pupae index)从 162.14 下降到 99.03,而对照区蛹指数 Ouédraogo,从 218.72 上升到 255.67。干预社区居民不太可能混淆登革热与疟疾(风险比 0.70[95%CI 0.58-0.84]) (风险比 0.70[95%CI 0.58-0.84]),已经提高了对登革热症状的认识(风险比 1.44[95%CI 1.22-1.69])。我们的研究表明,在资源有限的非洲城市,控制登革热媒介暴露的有计划、有证据的/基于社区的干预措施是可行和有效的。

P1898 2002—2016年日本肺炎支原体多位点序列分型//Mariko Ando, Miyuki Morozumi, Yoko Adachi,等

在日本,肺炎支原体对大环内酯的耐药性很高。为了比较敏感和耐药菌株的序列类型,我们对 2002

—2016 年日本的 417 个分离株进行了多位点序列分型(ST)。最普遍的序列类型是 ST3,ST 19 对大环内酯耐药,ST 14 和 ST7 对大环内酯敏感。

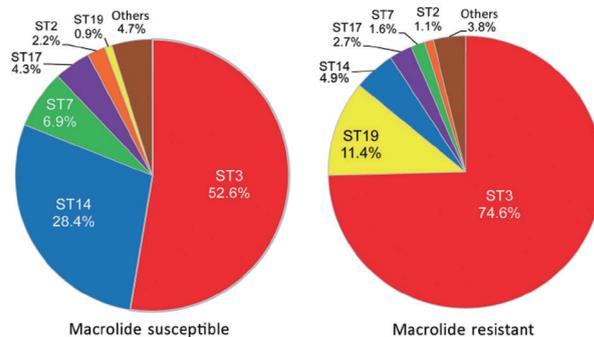


图 1 2002—2016 年日本 232 个大环内酯敏感株和 185 个大环内酯耐药肺炎支原体的多位点序列分型结果发现:10 种大环内酯易感的序列类型和 12 种为大环内酯耐药肺炎分枝杆菌序列类型。

P1910 灭活低致病性甲型流感(H7N9)疫苗对抗原变异的高致病性 H7N9 病毒的防控效果// Masato Hatta, Gongxun Zhong, Shiho Chiba,等

近期发现的高致病性甲型流感(H7N9)病毒变异给人类带来了巨大的风险。我们发现接种了低致病性 H7N9 病毒疫苗的雪貂在感染抗原变异的高致病性 H7N9 病毒后未出现严重的症状。这些结果证明了 H7N9 疫苗的保护作用。

P1926 2016—2018 年美国从患呼吸道疾病的家牛中检出丙型流感病毒// Hewei Zhang, Elizabeth Porter, Molly Lohman,等

我们通过实时 PCR 检测和测序,对美国国家牛呼吸道疾病样本中的丙型流感病毒(ICV)进行了鉴定。牛丙型流感病毒分离株具有较高的核苷酸同源性($\approx 98\%$),与人丙型流感病毒株($\approx 95\%$)密切相关。需要进一步的研究,以确定牛丙型流感病毒导致人兽共患病的可能性。

P1930 2011—2015 年美国潜伏性结核感染局部流行的简单评估// Maryam B. Haddad, Kala M. Raz, Timothy L. Lash,等

根据结核病基因分型的结果,我们评估了美国潜伏性结核病感染的流行情况。估计美国 1 981 个县的患病率低于 1%,785 个县的患病率为 1%~3%,377 个县的患病率不低于 3%。这种流行率的估计方法可适用于任何有结核病监测系统的管辖区。

(福建省疾病预防控制中心 林春芳译,黄丰校)