美国《Emerging Infectious Diseases》2020 年第 2 期有关人兽共患病论文摘译

P212　2015－2018，美国急性迟缓性脊髓炎患者的特征// Nilay McLaren，Adriana Lopez，Sarah Kidd，等

自 2014 年，美国每两年可观察到一次急性迟缓性脊髓炎（AFM）病例的发病高峰。考虑到 AFM 临床特性因病毒病原而异，本研究旨在确定 AFM 病因在高峰期与非高峰期是否存在差异。我们将高峰期（2016 年和 2018 年，$n=366$）与非高峰期（2015 年和 2017 年，$n=50$）发生的 AFM 病例的临床及实验室特征进行比较。发现高峰期 AFM 患者的平均年龄（5.2 岁）低于非高峰期患者的平均年龄（8.3 岁）；相对于非高峰期，高峰期患者的脑脊液细胞增多（86% *vs* 60%）、上肢受累（33% *vs* 16%）、肢体无力前患有疾病（90% *vs* 62%）以及肠道或轮状病毒 RNA 阳性比例更高（38% *vs* 16%）；肠道病毒 D68 感染仅在高峰期与 AFM 有相关性。研究表明 AFM 病因在高峰期与非高峰期有所不同。

P220　2010－2017 年，西班牙基于病毒型别及其亚型分类的住院流感患者的疾病严重程度// Concepción Delgado-Sanz，Clara Mazagatos-Ateca，Jesús Oliva，等

研究通过一项回顾性队列研究，来评估流感病毒型别和亚型对西班牙住院流感患者疾病严重程度的影响。收集 2010－2017 年国家监测系统的数据，分析 8 985 例实验室确诊的重症流感住院病例。同甲型流感（H3N2）或 B 型流感患者相比，住院的甲型（H1N1）pdm09 流感病毒患者更为年轻，更常见Ⅲ级肥胖且患肺炎或急性呼吸窘迫综合征的风险更高（$P<0.05$）。独立于其他因素，甲型流感（H1N1）pdm09 住院患者进入重症监护室、死亡或两者都发生的风险均高于甲型流感（H3N2）或乙型流感患者。确定流感相关疾病严重程度模式及该模式在不同流感病毒型别及亚型间的差异，有助于指导流感流行期间预防和控制措施的规划和实施（图 1）。

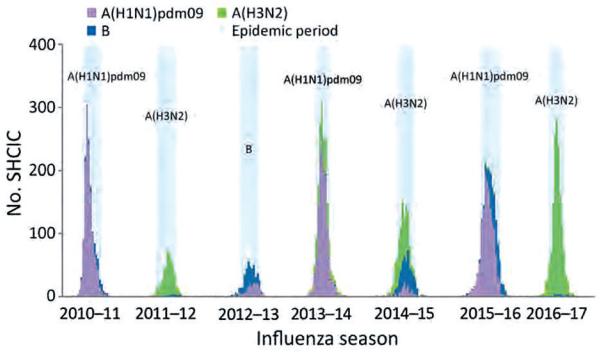


图 1　2010－2011 年至 2016－2017 年西班牙流感季，根据流感病毒型别或亚型及入院周分布的实验室确诊重症流感住院病例数。季节性流行期以该期主要流行病毒标记

P229　加蓬农村地区埃博拉病毒暴露与疟原虫感染之间的风险// Jessica L. Abbate，Pierre Becquart，Eric Leroy，等

埃博拉病毒感染患者中疟疾与死亡风险的相关性，表明恶性疟原虫与埃博拉病毒存在宿主内相互作用。为了确定该种作用是否影响感染其中任一种病毒的可能性，我们对加蓬农村地区运用大型快照监测研究，以验证既往接触埃博拉病毒是否与当前疟原虫感染存在关联。在人群及个体水平，均发现埃博拉病毒血清抗体阳性率与血中存在疟原虫之间有强正相关性。基于纳入其他关键变量的多元回归模型，个体层面上，埃博拉病毒抗体阳性可视为疟原虫感染的最强危险因素。研究结果表明疟原虫与埃博拉病毒在宿主体内的相互作用可能是其流行病学关联的基础。

P255　美国猪德尔塔冠状病毒在家禽中的感染和传播// Patricia A. Boley，Moyasar A. Alhamo，Geoffrey Lossie，等

冠状病毒可引起多种宿主的呼吸道和胃肠道疾病。在中国的各类鸣禽和豹猫中都鉴定出了德尔塔冠状病毒（DCoVs）。2009 年，在亚洲猪粪便标本中

检测出了猪德尔塔冠状病毒（PDCoV），但直至2014年，在美国暴发大规模的猪腹泻才确定了其病原学作用。研究表明，PDCoV利用氨肽酶N蛋白的保守区感染源自多物种的细胞系，包括人类、猪和鸡。由于PDCoV是一种潜在的人兽共患病病原体，因此仍需继续调查其在人群中的流行及对人类的影响。我们报告了PDCoV实验性感染及其在家禽间的继发传播。在接种PDCoV的雏鸡和小火鸡中，我们观察到腹泻、泄殖腔和气管样本中持续存在的病毒RNA滴度、PDCoV特异性血清IgY抗体以及肠道中的抗原阳性细胞。

P273　含有H1N1pdm09和H1N2基因的重配猪甲型流病感毒的种间传播// Helen E. Everett, Bethany Nash, Brandon Z. Londt,等

H1N1pdm09（pH1N1）已经在英国猪群中定植，目前和之前地方性流行的猪甲型流感病毒（IAV）病毒株形成共循环，包栝有类禽的H1N1和类人的H1N2病毒。2010年，分离到一种能引起英国猪群轻度临床症状的甲型流感重配病毒，H1N2r。这种重配病毒具有新的基因排列，整合了来自pH1N1病毒的内部基因盒以及来自猪IAV H1N2的血凝素和神经氨酸酶基因。我们研究了H1N2r分离株在猪（自然宿主）和雪貂（人感染模型）中的发病机制和感染动力学。在两个物种中，临床和病毒学参数均较轻，且不论最初感染的是猪或是雪貂，都可观察到种内与种间传播。同pH1N1病毒相比，该新型重配病毒具有人兽共患和逆向人兽共患的潜力，但毒力或传播力没有明显增强。

P298　手足口病患者中和抗体的抗肠道病毒作用// Lam Anh Nguyet, Tran Tan Thanh, Le Nguyen Thanh Nhan,等

手足口病（HFMD）是一种可引起大流行的新发传染病。了解其病原体之间的抗体中和反应对疫苗开发和流行病学研究至关重要。我们利用120个感染肠病毒A71（EV-A71）、柯萨奇病毒A（CVA）6、CVA10和CVA16的手足口病患者入组时及＞7天的配对血浆样本进行交叉中和作用的研究。对于同型病毒，血清阳性率从入组时不足60%上升到随访时的97%～100%，对应的血清转化率为57%～93%。而只有3%～23%的病人有对非同型病毒的血清转化。所有感染EV-A71 B5亚型的患者血浆均可中和新发的EV-A71 C4亚型。我们的研究结果支持EV-A71疫苗潜在效益的研究，同时也强调了多价疫苗对控制手足口病的必要性。

P336　利用ProMED-Mail中未诊断的疾病报告及时发现国际关注的突发公共卫生事件// Camille Rolland, Clément Lazarus, Coralie Giese,等

我们对2007－2018年ProMED-mail中所有最初归类为未诊断疾病的报告进行了回顾性分析。在ProMED-mail报告中鉴定了371起未诊断疾病，其中的34%后来被确诊。ProMED-mail可作为全球其他未诊断疾病监测系统的补充。

P345　2017－2019年，暴发监测应对管理和分析系统在尼日利亚人猴痘暴发时的应用// Bernard C. Silenou, Daniel Tom-Aba, Olawunmi Adeoye,等

2017年11月，为应对猴痘暴发，尼日利亚在30个地区部署了移动数字暴发监测应对管理和分析系统。系统的适应和激活耗时14 d，应用该系统提高了应对的及时性、完整性和整体能力。

P350　泰国犬中的人诺如病毒感染// Kamonpan Charoenkul, Chanakarn Nasamran, Taveesak Janetanakit,等

2018年7月，在泰国患有腹泻的犬只中以及同一场所的儿童身上检测到重组的诺如病毒GII.Pe-GII.4悉尼株。全基因组测序及4株泰国诺如病毒株的进化树分析表明犬诺如病毒与人诺如病毒GII.Pe-GII.4悉尼株密切相关，提示人与犬之间存在传播。

P358　应用于炭疽应急准备的快速纳米微孔全基因组测序技术// Heather P. McLaughlin, Julia V. Bugrysheva, Andrew B. Conley,等

人炭疽病例需要快速应对。我们在收到一株人炭疽分离株数小时后即在高级别隔离实验室完成了炭疽芽孢杆菌的纳米孔全基因组测序。该重组基因组未含有已知的抗菌素耐药基因或导入质粒。即日的基因组特性分析可增强公共卫生应急响应。

（福建省疾病预防控制中心　何文祥译）

ISSN 1002-2694　CN 35-1284/R　邮发代号：34-46　国内定价：30.00元