# 美国《Emerging Infectious Diseases》2022年第6期有关人兽共患病论文摘译

**P1101　美国俄勒冈州某社区，病例检测前通过废水监测检测SARS-CoV-2 B.1.351(β)变体//Melissa Sutton，Tyler S. Radniecki，Devrim Kaya，等**

基因组监测已成为SARS-CoV-2大流行期间的关键监测方法。废水监测有可能识别和跟踪社区中的SARSCoV-2变体，包括新出现的变体。我们利用多位点序列分型来识别废水中SARS-CoV-2变体的新方法，在个别临床标本发现该变体之前12 d观察到在美国俄勒冈州林恩县的废水中出现B.1.351(β)变体。研究期间，我们鉴定了42个B.1.351临床标本，分为3个系统发育分支。林恩县19个临床标本中的18个和所有废水B.1.351标本均聚集在第1类。研究结果进一步提供了废水监测报告当地SARS-CoV-2序列信息可靠性的证据。

**P1110　2017－2020年美国加利福尼亚州圣地亚哥耐抗生素志贺菌//Thaidra Gaufn，Jill Blumenthal，Claudia Ramirez-Sanchez，等**

每年，志贺氏菌引起全球约1.88亿腹泻病例，其中50万例发生在美国，抗菌药物耐药率逐年上升。为了确定美国加利福尼亚州圣地亚哥的抗菌药物耐药性及风险因素，我们回顾性分析了2017—2020年间由福氏志贺菌和宋内氏志贺菌引起的腹泻病例。128例病例中，福氏志贺菌比福氏志贺菌略为常见；大多数病例发生在同性恋或双性恋男性、艾滋病毒携带者、无住所或使用甲基苯丙胺者。阿奇霉素、氟喹诺酮、氨苄西林和甲氧苄啶/磺胺甲恶唑(TMP/SMX)的耐药率与疾病预防控制中心报告的最新国家数据一致；55%的分离株对阿奇霉素耐药，23%对氟喹诺酮耐药，70%对氨苄西林耐药，83%对二氯甲烷/三氯甲烷耐药。我们发现TMP/SMX的比值略高于国家公布数据。

**P1117　2009－2018年美国国家监测报告的食源性疾病疫情//Alice E. White，Alexandra R. Tillman，Craig Hedberg，等**

国家监测系统报告的食源性疫情仅为美国所有疫情的一部分；并非所有疫情都有检测、调查和报告。我们描述了2009－2018年报告的疫情的形成因素和疫情特征。根据每1 000万人口报告的疫情数量，我们将各州(加上DC)分为高(最高1/5)、中(中间3/5)或低(最低1/5)报告者。分析表明，各州报告的食源性疫情数量和类型存在很大差异。高报告州的疫情是低报告州的4倍。低报告者比高报告者更有可能报告更严重的疫情，较少涉及到环境或食物载体；报告的食物载体类型存在统计学差异。人均收入与报告的多少密切相关。公共卫生规划的投入对疫情报告有着重要的影响。

**P1128　2015－2019年加拿大成年人感染医疗相关和社区相关艰难梭菌的特征//Tim Du，Kelly B. Choi，Anada Silva，等**

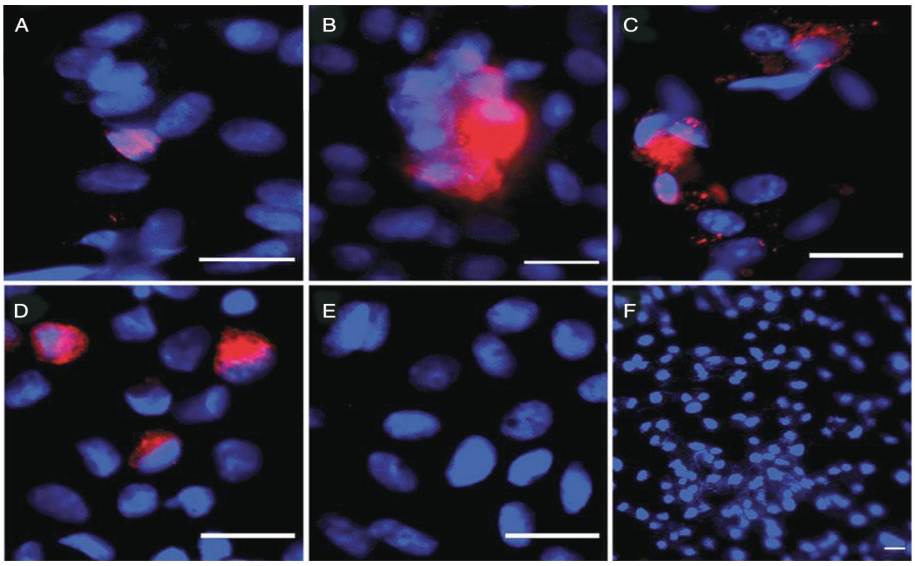
我们调查了2015—2019年间加拿大医院感染监测的成年患者，分析医疗保健相关(HA)和社区相关(CA)艰难梭菌感染(CDI)的流行病学和分子特征。共分析18 455例CDI病例，13 735例(74.4%)HA和4 720例(25.6%)CA。2015—2019年期间，HA的CDI率下降了23.8%，而CA下降了18.8%。与CA-CDI相比，HA-CDI与30 d全因死亡率增加显著相关($P<0.01$)。分析的2 506个分离株中，最常见的核糖型(RTs)为RT027、RT106、RT014和RT020。无论采集类型如何，与非RT027相比，RT027与CDI归因死亡密切相关。除莫西沙星外，所有受试药物的总耐药率一致。成人HA和CA的CDI发病率下降，与RT027和RT106的患病率变化一致。预防和控制感染及持续的国家监测是CDI流行病学、调查和控制的有力保障。

**P1137　美国新墨西哥州2只灰狐中携带的蝙蝠相关变异狂犬病病毒//Rene E. Condori，Adam Aragon，Mike Breckenridge，等**

西半球，蝙蝠相关狂犬病病毒(RABV)在多个哺乳动物宿主中建立了传播路径，形成了遗传上不同的谱系。美国新墨西哥州，臭鼬、蝙蝠和灰狐是狂犬病宿主，因与人类接触而造成公共健康风险。2015—2019年，新墨西哥州林肯县的2只灰狐(Urocyon cinereoargenteus)中检测到两种以前未识别的RABV。核蛋白基因的系统发育分析表明，分离株是一种新的RABV变体。这可能表明了从未知蝙蝠宿主到灰狐的重复溢出。新墨西哥州狂犬病病例的分子流行病学分析表明，其他跨物种传播事件是已知对新墨西哥州有致病菌作用的病毒变异的结果。尽管美国有健全的狂犬病公共卫生监测系统，但随着检测和监测技术的进步，仍会发现以前未识别的人兽共患病病原体。

**P1146　急性登革热感染对男性精子和体液病毒清除的影响//Joffrey Mons，Dominique Mahé-Poiron，Jean-Michel Mansuy，等**

我们收集了 Réunion 岛的 10 名感染者在症状出现后 7、15、30、60 和 90 d 的样本，研究了登革热病毒(DENV)对精液的影响。我们评估了精液和生殖激素的特征，并从精液中分离出活动精子。研究采用逆转录 PCR 检测精液中的 DENV，并通过病毒分离在 Vero E6 细胞培养中寻找 DENV RNA。4 名感染者的 DENV RNA 阳性精液样本＞1 份；2 名志愿者在第 15 d 和第 30 d 的精液中有 DENV RNA 阳性。没有活动精子呈 DENV 阳性。暴露于阳性精液后，少数 Vero E6 细胞对 DENV 抗原呈阳性染色，表明复制病毒水平较低。我们发现 DENV 在精液中的持续时间比在血液中的持续时间短。这些结果提示了登革热病毒在急性登革热疾病后短期内，可能通过性传播导致精子可逆性改变(图 1)。




A) 精浆(患者 6)；B) 全精细胞(患者 3)；C) 精液制备后获得的 40%组分的细胞(患者 6)；D) DENV-1 感染的 Vero E6 细胞(阳性对照)(感染倍数为 0.01，持续 3 d)；E) 未感染的 Vero E6 细胞；F) 用未感染的精液接种 Vero E6 细胞(阴性对照)。用登革病毒感染(A、B、C)或未感染患者(E)的精液部分接种 VeroE6 细胞，并培养 7 d(第一代)。在第一次传代后收集的培养上清液的 VeroE6 上检测到第二次传代的 DENV 包膜蛋白(DENV-E)后拍摄图像。红色表示 DENV-E 蓝色表示 DAPI 染色。比例尺指示 20 μm。

**图 1　研究病毒清除和对生殖功能的影响，来自 Réunion 岛的登革热病毒感染志愿者在症状出现后第 7 d 获得的暴露于精液样本的 Vero E6 细胞的免疫荧光图像**

**P1154　猫和狗中 SARS-CoV-2 感染和疾病的危险因素//Dorothee Bienzle，Joyce Rousseau，David Marom，等**

我们通过定量 PCR 检测了加拿大安大略省家庭宠物的拭子样本中的 SARS-CoV-2，并调查了宠物主人与感染和血清阳性相关的风险因素。我们测试了家养宠物以及庇护所和低成本阉割诊所动物的血清样本中的棘突蛋白 IgG 和 IgM。在家养宠物中，2%(1/49)的狗拭子样本和 7.7%(5/65)的猫拭子样本为 PCR 阳性，但 41%的狗血清样本和 52%的猫血清样本为 SARS-CoV-2 IgG 或 IgM 阳性。宠物样本中 SARS-CoV-2 血清阳性的可能性较高的是猫，而不是睡在主人床上的狗，以及感染新疾病的狗和猫。绝育诊所样本的血清阳性率为 16%(35/221)；在避难所样本中，9.3%(7/75)。检测结果表明，COVID-19 感染者家庭中的宠物血清转化和患病的可能性很高。

**P1198　西非布基纳法索 2017 年登革热病毒暴发的回顾性基因特征分析//Andrew G. Letizia，Catherine B. Pratt，Michael R. Wiley，等**

为了进一步了解非洲登革热病毒(DENV)的当代基因组成，本研究通过对西非布基纳法索 2017 年登革热疫情样本的下一代测序，分离出 29 个登革热基因组(5 个血清型 1，16 个血清型 2[DENV-2]和 8 个血清型 3)。系统发育分析证明了登革病毒-2 在布基纳法索的流行性特征。研究发现，不一致的诊断结果可能与这些基因组和三重 PCR 之间的遗传差异有关。正向和反向 1 引物在映射到 DENV-2 基因组时存在单个错配，这可能解释了分子测试的不敏感性。虽然与这些基因组相比，登瓦夏和四联疫苗株以及 B 细胞表位之间具有相当大的同质性，但应注意到了独特的差异。因此，需要对非洲的登革热病毒进行持续监测，理清新型循环病毒种群进化动态，为制定有效的诊断、治疗和预防对策提供依据。

(福建省疾病预防控制中心　王晓欢 译)

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