

# 新西兰首次发现C105型肠道病毒

Angela Todd<sup>a</sup>, Susan Taylor<sup>b</sup>和Q Sue Huang<sup>a</sup>

通讯作者: Angela Todd (e-mail: angela.todd@esr.cri.nz)。

我们在此报告一例新西兰首例C105型肠道病毒感染, 该病例为一名具有轻微呼吸道症状的52岁男性住院病例。对肠道病毒基因组VP1区进行部分测序开展了肠道病毒基因分型。提示开展肠道病毒监测对于发现EV-C105等新基因型的输入非常重要, 有助于加强对疾病本身的了解。

**作**为新西兰肠道病毒监测网络的成员单位, 新西兰国家生物安全和传染病中心环境科学研究所(ESR)下属的国家脊灰病毒和肠道病毒诊断参比实验室, 从全国四家主要医院(分别位于奥克兰、怀卡托、惠灵顿和基督城)常规收检未分型肠道病毒的临床标本及细胞培养分离株。该监测网络于上世纪八十年代开始运行, 平均每年收集标本约150份。监测网络的主要目的是(1)了解肠道病毒基因型的流行模式和主要毒株; (2)描述当前流行基因型所导致的临床疾病的主要特征; (3)发现肠道病毒暴发, 开展公共卫生干预; 以及(4)填补国家脊灰病毒监测项目的空白。这四家实验室和ESR国家实验室为新西兰全国提供相关实验室服务。肠道病毒监测全年开展, 数据来源于患者的常规诊断服务报告。ESR每周收集肠道病毒检测报告, 进行全国数据汇总和发布<sup>[1]</sup>。此外, 未分型肠道病毒还需送至ESR进行进一步检测分析。

C105型肠道病毒(EV-C105)属于人肠道病毒C群, 2010年底首次发现于刚果(金), 从一起脊灰暴发疫情中的一例急性迟缓性麻痹死亡病例的粪便标本中检出<sup>[2]</sup>。由于缺乏这种病毒的基础序列数据, 最初被检测为109型肠道病毒(EV-109)<sup>[3]</sup>。2012年, 进一步的序列测定发现该病毒只有74.7%的核苷酸和82.5%的氨基酸与EV-109一致, 因此将其划分为新的肠道病毒血清型<sup>[4]</sup>。随后, 秘鲁和塞浦路斯分别从呼吸道病例中分离出EV-C105<sup>[5,6]</sup>。说明虽然总体发病率很低, 但该病毒在全球范围内均有分布。加强对EV-C105的认识可有助于该病毒的发现, 了解该病毒基因型在病原学和临床上的特征。

我们在此报告一例新西兰首例C105型肠道病毒感染, 该病例为一名具有轻微呼吸道症状的52岁男性病例, 在奥克兰医院住院治疗, 通过国家肠道病毒监测网络发现和报告。

## 病例报告

该病例为52岁毛利族男性, 2013年10月在奥克兰一家医院住院治疗。与当时的入院原因不同的是, 该病例在入院后第二天出现了咳嗽和喘息症状, 采集了鼻咽拭子标本进行呼吸道病毒检测。病例无发热症状。鼻咽拭子标本经流感病毒、腺病毒、呼吸道合胞病毒、人偏肺病毒、副流感病毒1-3型与鼻病毒检测均阴性<sup>[7]</sup>。Real-time PCR检出肠道病毒RNA<sup>[8]</sup>。对375bp长短的区域进行基因扩增后获得部分VP1序列<sup>[9]</sup>。采用tblastx技术, 将其与GenBank中VP1序列进行比较<sup>[10]</sup>, 发现该病毒序列与2012年塞浦路斯的EV-C105毒株的氨基酸99%一致, 序列节段100%一致(GenBank编码AFG25720)。与此相似的下一个基因型为EV-109, 与GenBank中编码ADK22861的氨基酸序列89%一致。

## 讨论

本文报告的52岁呼吸道感染男性病例为亚太地区发现的首例EV-C105感染。之前仅有刚果(金)、秘鲁和塞浦路斯等极少国家报告过EV-C105。在报告该EV-C105病例前, 新西兰曾由一例急性迟缓性麻痹的粪便标本和数例儿科患者呼吸道标本中检出过EV-C105病毒。EV-C105新型肠道病毒的发现与确认再次说明了持续开展肠道病毒监测对于发现新发和再发的肠道病毒基因型具有重要意义, 为开展公共卫生干预提供了重要信息。提高对EV-C105的认识可以加强病毒的发现和检出。为了解这种少见病毒的病原学特征、与临床疾病的关联、传播模式以及公共卫生意义, 仍需开展进一步研究。

## 利益冲突

无。

<sup>a</sup> 新西兰国家生物安全和传染病中心, 环境科学研究所, 新西兰华莱士威尔。

<sup>b</sup> Middlemore医院, 新西兰奥克兰。

投稿日期: 2014年10月23日; 发表日期: 2015年2月10日

doi: 10.5365/wpsar.2014.5.4.003

## 资金来源

国家脊灰/肠道病毒监测由新西兰卫生部提供资金支持，并获数据发表许可。

## 致谢

感谢美国CDC细核酸病毒实验室的W Allan Nix在肠道病毒分型工作和论文修改中提供的帮助。

## 引用本文地址：

Todd A et al. Identification of Enterovirus C105 for the first time in New Zealand. *Western Pacific Surveillance and Response Journal*, 2015, 6(1):60–61. doi:10.5365/wpsar.2014.5.4.003

## 参考文献：

1. *Public Health Surveillance: Information for New Zealand Public Health Action* [Internet]. Wellington, Institute of Environmental Science and Research Limited, 2014 ([https://surv.esr.cri.nz/virology/virology\\_weekly\\_report.php](https://surv.esr.cri.nz/virology/virology_weekly_report.php), accessed 20 November 2014).
2. Grard G et al. Type 1 wild poliovirus and putative enterovirus 109 in an outbreak of acute flaccid paralysis in Congo, October–November 2010. *Eurosurveillance: European Communicable Disease Bulletin*, 2010, 15(47):pii:19723. pmid:21144443
3. Lukashev AN et al. Novel serotypes 105 and 116 are members of distinct subgroups of human enterovirus C. *The Journal of General Virology*, 2012, 93:2357–2362. doi:10.1099/vir.0.043216-0 pmid:22894922
4. Oberste MS et al. Molecular evolution of the human enteroviruses: correlation of serotype with VP1 sequence and application to picornavirus classification. *Journal of Virology*, 1999, 73:1941–1948. pmid:9971773
5. Richter J et al. Newly emerging C group enteroviruses may elude diagnosis due to a divergent 5'-UTR. *International Journal of Infectious Diseases*, 2013, 17:e1245–1248. doi:10.1016/j.ijid.2013.07.010 pmid:24080070
6. Tokarz R et al. Genomic analysis of two novel human enterovirus C genotypes found in respiratory samples from Peru. *The Journal of General Virology*, 2013, 94:120–127. doi:10.1099/vir.0.046250-0 pmid:23034595
7. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). CDC Real-Time RT-PCR Assays for Non-Influenza Respiratory Viruses. Atlanta, Centers for Disease Control and Prevention, 2010.
8. Oberste MS et al. Comparative evaluation of Taqman real-time PCR and semi-nested VP1 PCR for detection of enteroviruses in clinical specimens. *Journal of Clinical Virology*, 2010, 49:73–74. doi:10.1016/j.jcv.2010.06.022 pmid:20667767
9. Nix WA, Oberste MS, Pallansch MA. Sensitive, seminested PCR amplification of VP1 sequences for direct identification of all enterovirus serotypes from original clinical specimens. *Journal of Clinical Microbiology*, 2006, 44:2698–2704. doi:10.1128/JCM.00542-06 pmid:16891480
10. Altschul SF et al. Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 1990, 215:403–410. doi:10.1016/S0022-2836(05)80360-2 pmid:2231712