

张振东, 吴承月, 陈月, 等. 我国猪轮状病毒的流行与展望 [J]. 畜牧与兽医, 2024, 56 (12): 131-138.

ZHANG Z D, WU C Y, CHEN Y, et al. Epidemic status of and prospect of research on porcine rotavirus [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2024, 56 (12): 131-138.

我国猪轮状病毒的流行与展望

张振东^{1,2}, 吴承月², 陈月¹, 文威¹, 王文强¹, 朱振邦¹, 李向东^{1*}

(1. 扬州大学兽医学院, 江苏 扬州 225009;

2. 江苏科技大学生物技术学院, 江苏 镇江 212018)

摘要: 猪轮状病毒 (porcine rotavirus, PoRV) 是引起仔猪消化系统疾病的主要病原之一, 感染后会引发以腹泻、呕吐、脱水和体重减轻为特点的急性肠道传染病。近年来, PoRV 的检出率、流行率及发病率均呈明显上升趋势, 且毒株多样性日趋复杂, 给我国养猪生产带来了新挑战。PoRV 的发生与流行不仅给养猪业造成巨大的经济损失, 也对公共安全卫生构成严重威胁。本文综述了 PoRV 的基因组特征、病毒分离与流行情况、诊断与防控策略以及未来的研究方向, 以期对 PoRV 的进一步研究与防控提供参考。

关键词: 猪轮状病毒; 病毒分离; 流行病学特征; 诊断; 防控

中图分类号: S828 文献标志码: A 文章编号: 0529-5130(2024)12-0131-08

Epidemic status of and prospect of research on porcine rotavirus

ZHANG Zhendong^{1,2}, WU Chengyue², CHEN Yue¹, WEN Wei¹, WANG Wenqiang¹,

ZHU Zhenbang¹, LI Xiangdong^{1*}

(1. College of Veterinary Medicine, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China;

2. School of Biotechnology, Jiangsu University of Science and Technology, Zhenjiang 212018, China)

Abstract: Porcine rotavirus (PoRV) is one of the main pathogens causing digestive system diseases in piglets, often leading to acute intestinal infections characterized by diarrhea, vomiting, dehydration, and weight loss. In recent years, the detection rate, prevalence, and incidence of PoRV have shown a significant upward trend, and the diversity of strains has become increasingly complex, posing new challenges to the swine industry in China. The outbreak and prevalence of PoRV has not only caused huge economic losses to the swine industry but has also posed a major threat to human life safety. This paper presents a review of the genomic characteristics, virus isolation and epidemiology of, diagnosis of, preventive strategies for, and directions of future research on PoRV, aiming to provide reference for further research on and prevention of PoRV.

Keywords: porcine rotavirus; virus isolation; epidemiological characteristics; diagnosis; prevention strategies

猪轮状病毒 (porcine rotavirus, PoRV) 自 1975 年首次发现以来, 已在全球范围内普遍存在和广泛传播, 对养猪业构成了严重威胁。PoRV 主要侵害哺乳和保育阶段的仔猪, 导致以腹泻、脱水、呕吐、厌食等为主要症状的消化系统疾病。尽管 PoRV 引起的死亡率相对较低, 但其高发病率会导致发病猪生长缓慢和体重减轻, 在饲养条件不佳、管理不当或与其他病原混合感染时可造成病情加重甚至引发大比例死

亡^[1-3], 从而严重影响养殖效益。此外, 研究发现 PoRV 还可感染支气管上皮细胞, 临床和试验条件下均可在肺组织样本中检测到病毒核酸, 表明其在呼吸系统疾病中可能扮演重要角色^[4-5]。然而, 目前尚无特效药物针对性治疗猪轮状病毒病, 疫苗免疫的临床效果也较为有限^[6]。2018 年非洲猪瘟的传入使得我国生猪产业发生了前所未有的变化, 值得注意的是, 在此背景下 PoRV 的检出率、流行率及发病率均呈现明显上升趋势, PoRV 在我国的流行与演化日趋复杂, 防控形势愈加严峻。本文针对 PoRV 的基因组特征、病毒分离与流行情况、诊断与防控策略等进行综述, 阐明我国 PoRV 的流行与防控现状, 为进一步深入研究 PoRV 的遗传演化、生物制品开发及综合防控提供参考。

收稿日期: 2024-04-30; 修回日期: 2024-10-25

基金项目: 江苏省自然科学基金青年基金项目 (BK20201005); 江苏省双创计划双创团队项目 (JSSCTD202224); 江苏高校优势学科建设工程资助项目和高等学校学科创新引智计划资助项目 (D18007)

第一作者: 张振东, 男, 博士, 副教授

* 通信作者: 李向东, 博士, 教授, 研究方向为猪病防控, E-mail: 007352@yzu.edu.cn。

1 轮状病毒的分子生物学特征

1.1 轮状病毒的病原学与基因组

PoRV 属于呼肠孤病毒目、光滑呼长孤病毒科、轮状病毒属。PoRV 是一种分节段的双链 RNA 病毒, 其全长基因组约 18.5 kb, 由 11 个双链 RNA 片段组成, 这些片段分别编码 VP1、VP2、VP3、VP4、nsp1、VP6、nsp3、nsp2、VP7、nsp4、nsp5 与 nsp6, 共 6 个结构蛋白和 6 个非结构蛋白, 其中 VP4 与宿主细胞相互作用后, 可被蛋白酶水解成 C 端的 VP5 和 N 端的 VP8。成熟的病毒粒子直径为 60~80 nm, 无囊膜, 由 VP2 及少量 VP1 和 VP3 组成的内层、VP6 中间层及 VP7 和 VP4 组成的外层共 3 层衣壳蛋白及其包裹的双链 RNA 核酸组成^[3,7]。

1.2 轮状病毒的分群与分型

中间层衣壳蛋白 VP6 是 PoRV 中含量最丰富的结构蛋白, 基于 VP6 蛋白的抗原特性, 轮状病毒 VP6 基因的氨基酸同源性大于 53%, 则被划分为同一种群^[8]。目前, 全球范围内已发现的轮状病毒共分为 A 至 J 10 个种群, 其中 A、B、C、E、H 这 5 种轮状病毒能够感染猪。猪 A 群轮状病毒 (PoRVA) 是最早被发现的 PoRV, 自 1975 年从澳大利亚的腹泻样品中分离后, 便在全球多个养猪国家中流行, 目前世界范围内也以 PoRVA 的流行为主^[2,9-10]; 猪 C 群轮状病毒 (PoRVC) 与 B 群轮状病毒 (PoRVB) 均于上世纪八十年代从美国俄亥俄州的腹泻猪群中发现^[11-12]。与 PoRVA 类似, PoRVC 在世界范围内广泛流行, 而 PoRVB 的流行则相对较为局限, 但巴西地区最新的调查发现 PoRVB 的检出率高于 PoRVA 与 PoRVC^[13], 提示 PoRVB 的流行情况可能正在发生变化; 猪 H 群轮状病毒 (PoRVH) 主要在日本、巴西、美国与欧洲地区流行^[14], 而非典型的猪 E 群轮状病毒 (PoRVE) 的抗体仅在英国大于 10 周龄猪只中检测到, 还未分离到病毒^[15]。

外层衣壳蛋白 VP7 与 VP4 具有诱导中和抗体的能力, 基于两者的免疫学特性, 通过血清交叉中和试验将轮状病毒分为 VP7 型 (G 型) 与 VP4 型 (P 型)。随着测序技术的普及和进步, 基于序列同源性分析的轮状病毒双重分型系统得到了广泛应用^[16]。VP7 与 VP4 核苷酸同源性大于 80% 的毒株定义为同一 G 型和 P 型, 截至目前, 轮状病毒分类工作组已经鉴定出 42 个 G 型与 58 个 P 型。从全球范围看, PoRVA 中共发现了 12 个 G 型 (G1-G6, G8-G12, G26) 与 16 种 P 型 (P [1]-P [8]、P [11]、P [13]、P [19]、P [23]、P [26]、P [27]、P [32]、P [34]), 而其中 G3、G4、G5、G9、G11

与 P [5]、P [6]、P [7]、P [13]、P [28] 最为常见^[2]; PoRVC 中共发现了 12 种 G 型 (G1-G9、G10、G12、G13) 与 7 种 P 型 (P [1]-P [7])^[2], 对于区域流行的 PoRVB 与 PoRVH, 文章及序列相对较少^[14,17]。为了更好地对越来越多的轮状病毒进行分型, 轮状病毒分类工作组在 2008 年建立了基于核苷酸同源性分析的全长基因组分型系统, 按照同源性 80%、80%、85%、83%、84%、81%、79%、85%、85%、85%、91% 将 VP7、VP4、VP6、VP1、VP2、VP3、nsp1、nsp2、nsp3、nsp4、nsp5 和 nsp6 划分为 Gx-P [x]-Ix-Rx-Cx-Mx-Ax-Nx-Tx-Ex-Hx^[18]。根据该系统, 截至目前轮状病毒的不同片段均存在超过 20 种以上的基因型。

1.3 轮状病毒的重排与重组

轮状病毒变异与演化频繁, 不同毒株间容易发生片段间的重排现象^[19]。轮状病毒全长基因组分类系统的建立推动了轮状病毒全长序列的遗传演化分析, 为分析不同毒株间片段的重组现象及潜在的跨种传播提供了有利工具。例如, 人源轮状病毒 B4106 与兔源轮状病毒 30/96 具有相同的 G3-P [14]-I2-R2-C2-M3-A9-N2-T6-E5-H3 基因型, 马源轮状病毒 H-1 与猪源轮状病毒部分片段存在 G5-P [7]-I5-A8-E1 相同的基因型, Matthijssens 等^[16]利用该方法发现人、牛、猪源等多个物种轮状病毒存在广泛的重排现象。最近, Pathak 等^[20]利用该方法发现了两株蝙蝠来源的马 A 群轮状病毒 ERV4 与 ERV6。Joshi 等^[21]对人源与猪源 C 群轮状病毒 11 个片段的分析发现猪可能是轮状病毒的中间宿主, 其在轮状病毒的演化与跨种传播可能扮演了重要角色, 而 Wu 等^[22]也发现猪是人源 A 群轮状病毒重要的储存器。Anastasia 等^[2]汇总了不同国家地区猪源轮状病毒在人群中的流行情况。除了不同物种之间, 轮状病毒在试验室条件及同种间也会发生重排现象。Small 等^[23]对实验室常用的猴源轮状病毒 SA11 及其衍生毒株进行分析发现基因组存在明显的差异性, 且发生了重排活动。猪 A 群轮状病毒在野猪与家猪之间的传播及其重排事件也屡见不鲜^[24-25]。此外, 基因间重组也是轮状病毒不断变异与演化的重要机制。Suzuki 等^[26]首次报导了轮状病毒的重组现象, Parra 等^[27]发现了同基因型不同谱系轮状病毒的重组事件。随后, 轮状病毒不同片段的重组活动被不断报道, Woods 等^[28]对 797 个 A 群轮状病毒的重组情况进行了分析, 指出重组并不是轮状病毒演化及其多样性的重要机制, 这可能与当时的毒株数量及分析技术有关。Hoxie 等^[29]对 NCBI 中 23 627 条 A 群轮状病毒的全基因组序列进行了分析, 结果证实了除 nsp3 与 nsp5 外, 其余 9 段均可发生明

显的重组活动。同样, 轮状病毒研究者均已发现并报道了C群、B群及H群轮状病毒的重组活动^[30-32]。

2 我国PoRV流行现状与病毒分离

2.1 我国PoRV的流行现状

我国对PoRV的研究最早可追溯到上世纪八十年代, 1983年, 廖德惠等^[33]发现乐山地区108例仔猪黄白痢中有46例是由轮状病毒感染所致, 而丁再棣等^[34]、何家惠等^[35]对同时期江苏、浙江、上海、安徽、山东等地区哺乳仔猪腹泻样品的调查发现轮状病毒感染率极高, 且在未吃初乳的仔猪身上成功复制出了该病, 揭示了PoRV在我国猪群中的存在和流行情况。通过在中国知网上以“猪轮状病毒”为关键词进行搜索, 发现, 相比于其他主要的猪病毒性病原, 我国对PoRV的研究并不多, 且多集中在2010年以后(图1)。目前, 我国将PoRV划为三类动物疫病, A、B、C、H群PoRV在我国均有检出, 但与世界范围内一致, 主要以PoRVA的流行为主。近年来, 尤其是非洲猪瘟传入我国以后, 全国范围内整体上看PoRV的检出率、流行率及发病率均呈明显上升趋势, 引起了科研人员及临床生产者广泛密切的关注。

非洲猪瘟进入我国以前, 国内关于PoRV的流行病学调查及其相关文章并不多见。Wu等^[22]首次对临床健康且无任何腹泻症状猪只的轮状病毒感染带毒情况进行了检测与分析, 其收集了2014—2017年覆盖整个台湾地区153个猪场的4588份粪便样品, 发现PoRVA的PCR阳性率为6.3%, 流行毒株主要为G3P[19](台湾中部地区)与G9P[19](台湾南部地区), 表明PoRVA在健康猪群中普遍存在且具有非常复杂的毒株多样性。Xue等^[36]对山东地区2013—2014年间10个猪场226份腹泻仔猪的粪便样品进行了检测, 发现6个猪场(60%)存在PoRVA的感染, 样品阳性率为28.76%, G5与G9为主要的基因型。Tao等^[37]使用RT-PCR方法对2017—2019年我国东部地区35个猪场594个样品(包括健康和发病猪)进行检测, 其中100份样品(16.83%)为PoRVA阳性, 常新见等^[38]、徐丽华等^[39]对华东、浙江地区PoRVA的调查结果与此相符; Tao等^[37]进一步分析发现安徽地区PoRVA检出率高达82.4%, 而浙江地区检出率仅为1.5%, 表现出了PoRVA区域流行性的特点; 然而, 徐丽华等^[39]发现浙江地区PoRVA感染在2015年上半年阳性率高达60.9%, 其

余年份均稳定在20%左右, 这可能与两者的调查年份与样品来源及数量有关。张可^[40]发现辽宁地区PoRVA检出率逐年上升, 由2017年的7.89%上升至2022年的24.00%; 而周洪瑾^[41]发现广西地区腹泻样品中PoRVA的阳性率高达42.09%。周群等^[42]对2017—2019年四川省14个地区40个猪场303份仔猪腹泻样本检测发现PoRVA猪场阳性率为62.5%, 样品阳性率为32.34%, G9与P[13]为优势基因型, G9P[23]为优势组合基因型。何晓明等^[43]对2021—2022年来自广东、广西、江西、湖南、云南、贵州6个省份6472份腹泻样品进行检测, 发现PoRVA猪场阳性率为65.12%, 样品阳性率为27.89%, G9与P[13]为优势基因型, 这与周群等的结果极为相似, 但何晓明等的分析发现G9P[13]为优势组合基因型, 这可能与区域流行性及毒株发生新的演化有关。Qiao等^[44]在2022年从全国范围23个省230个猪场收集了25768份哺乳仔猪腹泻样品, 对我国当前PoRVA的流行情况进行了系统分析, 结果显示, 猪场阳性率高达86.52%, 样品阳性率高达51.15%, 最流行的优势基因型依然为G9与P[13], 分别在G型与P型中占比56.55%与42.22%, 从两者组合上看G9P[23]、G9P[13]、G5P[13]、G9P[7]为主要的优势组合基因型; 从区域上看, 我国中部地区PoRVA阳性率最高, 东部地区阳性率低于其他区域。

除PoRVH外, 我国猪群同样存在PoRVC、PoRVB、PoRVAH的感染, 尽管相关研究报道较少。在周洪瑾^[41]的研究中, 对广西地区1447份猪腹泻样本进行调查发现, PoRVA、PoRVB、PoRVC和PoRVH的阳性率分别为42.09%、27.50%、44.23%和13.13%, 而且混合感染比单一病毒感染更为普遍。乔成鹏^[45]对东北三省多个规模化猪场采集的108份仔猪腹泻病料和15份健康仔猪粪便样品进行分析, 结果显示黑龙江省PoRVA阳性率为47.4%, 未检测到PoRVB, 而PoRVC阳性率为5.3%; 辽宁省与吉林省这3种轮状病毒的阳性率分别为51.5%、3.03%、6.1%与21.1%、7.1%、7.1%, 并发现存在PoRVA与PoRVC混合感染的情况。此外, 临床上我国PoRVA与其他病原混合感染的情况较为常见, 尤其与腹泻相关的猪流行性腹泻病毒(PEDV)混合感染严重^[39,46]。

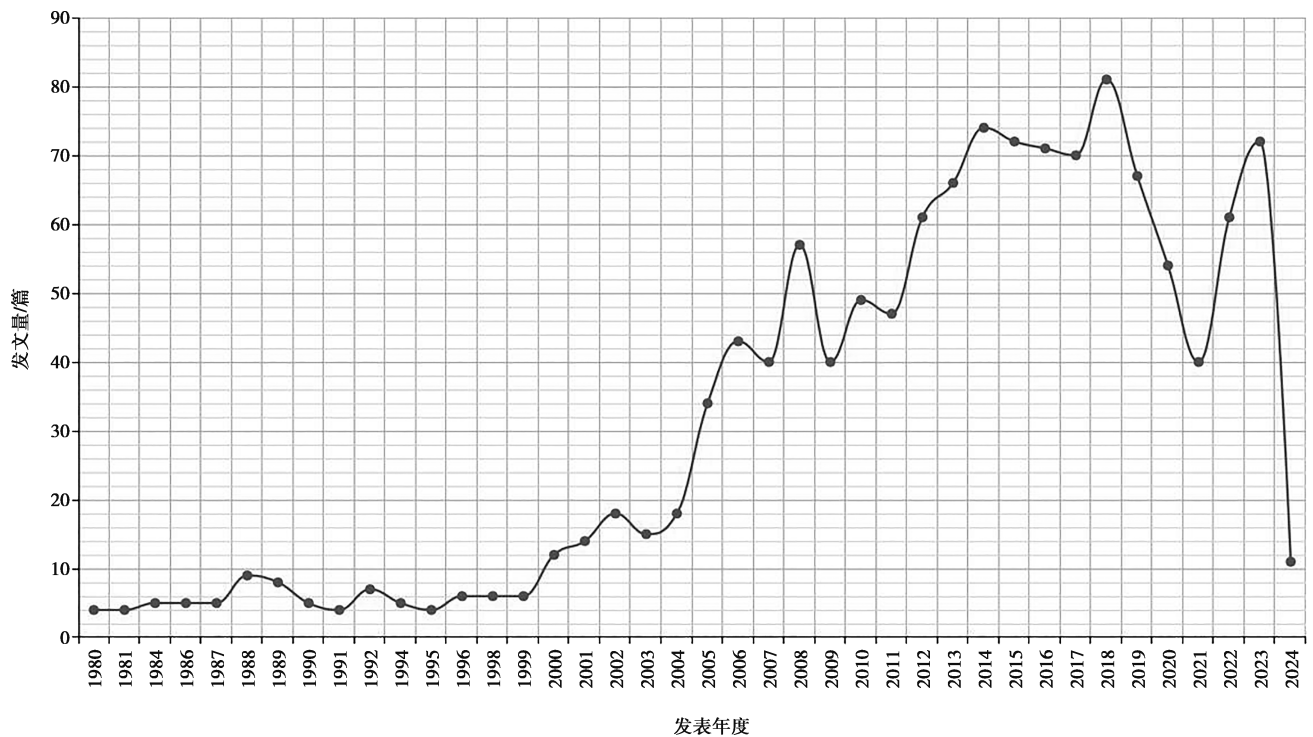


图 1 我国 PoRV 历年发表论文数量

2.2 我国 PoRV 的分离及致病性

病毒的分离与体外培养是病毒研究的关键环节，轮状病毒的分离曾一度困难，1977 年 Theil 等^[47]用猪肾原代细胞成功分离并培养了轮状病毒，随后，Bohl 等^[48]则利用非洲绿猴肾细胞 MA104 成功分离了轮状病毒，使得轮状病毒的分离更加高效和可靠。我国的丁再棣等^[34]参照以上方法，在 1985 年首次成功分离了 4 株 PoRV。然而，直至 2010 年前，国内关于 PoRV 的病毒分离与全基因组分析的文章仍然较少。我们对国内外期刊及博硕士学位论文发表的有关 PoRV 的文献进行了分析，共发现 33 项相关研究成功共分离了 37 株 PoRVA、1 株 PoRVB 与 1 株 PoRVC。值得注

意的是，超过三分之二的分离株均产生于 2018 年以后，由此可见我国 PoRV 近年来的流行程度和活跃度。在分离毒株的分型方面，主要的 G 型为 G9 (16 株)、G5 (9 株)、G4 (5 株)，而主要的 P 型为 P [23] (11 株)、P [13] (5 株)、P [6] (5 株)、P [7] (5 株)，G9P [23] 为最主要的优势组合型。有趣的是，36 个 PoRVA 分离株中仅有 1 株 (AY01) 的基因组未发生任何重排活动，而其余毒株的片段来源于 2~4 个物种，其中猪源与人源占比最高，这提示需要加大对 PoRV 潜在的公共卫生卫生风险的关注。此外，除了 PoRVA，我们也应加大对其他群轮状病毒的监测。各分离株详细信息见表 1。

表 1 我国 33 项研究中 PoRV 的分离情况

年份 ^a	省/市	分离株	基因型	片段来源	单位	参考文献
2008	哈尔滨	NMTL	G9P [23]	猪、人	哈尔滨兽医研究所	[49]
2008	卢龙	LLP48	G9P [6]	猪、人	宁夏医科大学	[50]
2012	武汉	TM-a	G9P [23]	猪、人	华中农业大学	[51]
2013	北京	L1 ^b	G5	/	中国兽药药品监察所	[52]
2013	辽宁	LN-01	G9P [7]	猪、人	华威特 (北京) 生物科技有限公司	[53]
2015	北京	BJ	G4P [6]	猪、人	中国农业大学	[54]
2015	广东	GD-01-2015	G5 [P7]	猪、牛	扬州大学	[55]
2015	河南	HN03 ^b	G9P [23]	猪、人	国家兽用药品工程技术研究中心	[56]
2016	哈尔滨	LNCY	G3P [13]	猪、人	哈尔滨兽医研究所	[57]

续表1

年份 ^a	省/市	分离株	基因型	片段来源	单位	参考文献
2016	黑龙江	HJ ^b	G5P [7]	猪、牛	黑龙江八一农垦大学	[58]
2017	四川	SC11	G9P [23]	猪、人	四川大学	[59]
2017	四川	SCJY-13 ^b	G9P [23]	猪、人	华南农业大学	[60]
2018	江苏	PoRVC/JS02	G6P [6]	猪	哈尔滨兽医研究所	[61]
2018	四川	SCLS-R3	G3P [13]	猪、人	西南民族大学	[62]
2018	四川	SWU-1C	G9P [13]	猪、人、鼠	西南民族大学	[63]
2018	贵港	18GXGG	G9P [7]	猪、人	广西大学	[64]
2019	武汉	HB-1	G9P [8]	猪、人	华中农业大学	[65]
2019	武汉	HB-7	G9P [8]	猪、人	华中农业大学	[65]
2019	河南	HN2019-01	/	猪、人	南阳师范学院	[66]
2020	武汉	HuB2020	G9P [X]	猪、人	湖北省畜牧兽医研究所	[67]
2020	安顺	GZAS2020	G5P [13]	猪、人、熊猫	贵州大学	[68]
2020	山东	CN127 ^b	G12P [7]	猪、人	哈尔滨兽医研究所	[69]
2020	南阳	HNNY202001	/	猪、人	南阳师范学院	[70]
2020	绵阳	SCMY-1	G3P [13]	猪、人、熊猫	西南民族大学	[71]
2021	福建	FJSH01	G26P [23]	猪、人	龙岩学院	[72]
2022	洛阳	PoRVB/HNLY	G6P [6]	猪、牛、羊、马	吉林大学	[73]
2022	江门	GDJM1	G9P [19]	猪、人	佛山科学技术学院	[74]
2022	广东	GD2022	G9P [23]	猪、人、犬	佛山科学技术学院	[75]
2022	四川	JC-3	G4P [X]	猪、人	成都农业科技职业学院	[76]
2022	阜阳	AHfy2022 ^b	G9P [23]	猪、人	江苏省农业科学院兽医研究所	[77]
2022	南昌	AY01 ^b	G5P [23]	猪	江西农业大学	[78]
2022	山东	LYXH2	G4P [6]	猪、人	南京农业大学	[44]
2023	江苏	JS ^b	G5P [23]	猪、人	华南农业大学	[79]
2023	广西	GX9579 ^b	G9P [23]	猪、人	华中农业大学	[80]
2023	湖北	PoRV-9	G4	猪、人	华中农业大学	[81]
2023	湖北	PoRV-32	G5	猪、人	华中农业大学	[81]
2023	湖北	PoRV-97	G26	猪、人	华中农业大学	[81]
2023	湖北	PoRV-12	G5	猪、人	华中农业大学	[81]
2023	湖北	PoRV-38	G4	猪、人	华中农业大学	[81]

注：a 代表样品收集年份；b 代表表明该毒株开展过动物致病试验；/代表无有效信息。

我国 PoRV 致病性的研究相对较少。Wang 等^[56] 使用毒价为 $10^{7.6}$ TCID₅₀/mL 的第 6 代 HN03 毒株以 2 mL/头对 3 日龄仔猪进行攻毒，结果显示，24 h 后攻毒组猪只均表现出明显的腹泻症状，但在 72 h 后逐渐康复；Wang 等^[77] 使用毒价为 $10^{6.5}$ TCID₅₀/mL 的第 10 代 AHFY2022 毒株以 2 mL/头分别对 5 日龄和 27 日龄仔猪进行致病性试验，5 日龄和 27 日龄仔猪均出现腹泻症状，分别持续 1 d 或 3 d，但未有死亡病例，并逐渐康复；林正丹^[80] 对 1 日龄的仔猪进行致病性试验，发现感染 120 h 后死亡率为 66.67%；陈小飞等^[60] 的攻毒试验结果显示发病率 100%，病死率

28.57%。Gao 等^[79] 对 15 日龄仔猪攻毒 1 mL G5P [23] 型毒株 JS (10^6 TCID₅₀/mL)，感染猪的死亡率为 37.5%。这些表明 PoRVA 可导致哺乳仔猪 100% 发病与排毒，以水样腹泻、脱水、呕吐为典型症状，严重影响猪只的生长，然而致死率的差异可能由猪只日龄、攻毒剂量及毒株类型等因素造成。

3 PoRV 的诊断

PoRV 的诊断需从流行病学、临床症状、剖检病变、实验室检测等多个方面进行综合判断。PoRV 主要引起 1~8 周龄的仔猪发病，而中大猪及母猪多呈

隐性感染状态。张子微^[82]发现 0~28、29~60、61~100 日龄猪只及母猪的拭子样品中 PoRVA 的阳性率分别为 21.57%、27.98%、14.31%、5.10%。谢秀艳等^[83]对规模化猪场粪便样品进行 PoRVA 检测,结果显示断奶仔猪的阳性率最高为 42.09%, 24~35 日龄仔猪的阳性率高达 60% 以上,而母猪阳性率仅为 1.5%。因此,从流行病学诊断上看, PoRVA 主要感染断奶前后的仔猪,这可能与母源抗体的不断衰减有关。从临床症状与剖检病变上,感染 PoRV 发病猪与感染其他常见的可引起腹泻的病原,如温和型猪流行性腹泻病毒、猪德尔塔冠状病毒、大肠杆菌、仔猪球虫等,症状与病变极其相似,无特异性的显著差异。总体而言, PoRV 感染后的发病率与死亡率明显低于猪流行性腹泻病毒强毒株引起的仔猪腹泻,多呈一过性,但叠加仔猪日龄、生产管理、营养、气温季节、混合感染等因素后,也可引发高发病率与高死亡率。目前常用的 PoRV 检测与鉴定方法主要为电镜观察、病毒分离、RT-PCR、qPCR、胶体金、免疫组织化学染色及间接免疫荧光等,其中 qPCR 因其灵敏度高、操作便利等优点被广泛应用于临床诊断,然而谢秀艳等^[83]发现无腹泻症状仔猪 PoRVA 的阳性率 (55.08%) 高于有腹泻症状的仔猪 (36%), 作为一种环境常在病原, PoRVA 的检出阳性率与临床感染发病之间可能无明显相关性,但检测 Ct 值 (病毒载量) 高低可能是判断轮状病毒是否有影响的重要指标。

4 展望

PoRV 作为一种老病新发的病原,其导致的临床案例日益增多,病毒多样性也变得愈加复杂。这不仅给我国养猪生产带来了严重困扰,而且由于其潜在的人畜共患风险,对公共卫生安全构成了严重威胁。虽然近年来高校科研院所及临床生产者对 PoRV 的关注度逐渐升高,但对该病毒的认识仍然相当匮乏,许多关键性问题亟待解决。首先,应加强对 PoRV 的分子流行病学调查,深入了解不同地区、不同猪群病毒传播与流行的规律,探究分析疾病发生的致病因素及暴发后的经济损失,及时准确把握病毒的流行趋势及现状,为制定有效的防控策略提供科学依据。其次,通过研究 PoRV 的病毒基因组序列,分析病毒遗传变异、演化及重排、重组情况,探究病毒与宿主之间的相互作用,深入研究病毒的致病与免疫逃逸机制,为研发安全、高效且广谱的疫苗及特定靶点的药物提供理论依据。在检测技术方面,不断优化和改进现有的检测方法,以满足临床生产中快速、准确检测的需求。面对 PoRV 带来的新挑战,相信通过不断加强科

研攻关,深化对该病毒的认识,不断完善技术手段和防控策略,一定能够有效地控制 PoRV 的传播和流行,保障猪群的健康安全生产,维护公共卫生安全。

参考文献:

- [1] MCNULTY M S. Rotaviruses [J]. *J Gen Virol*, 1978, 40 (1): 1-18.
- [2] THEUNS S, DESMARETS L M, HEYLEN E, et al. Porcine group A rotaviruses with heterogeneous VP7 and VP4 genotype combinations can be found together with enteric bacteria on Belgian swine farms [J]. *Vet Microbiol*, 2014, 172 (1/2): 23-34.
- [3] VLASOVA A N, AMIMO J O, SAIF L J. Porcine rotaviruses: epidemiology, immune responses and control strategies [J]. *Viruses*, 2017, 9 (3): 48.
- [4] NELSEN A, LAGER K M, STASKO J, et al. Identification of pulmonary infections with porcine rotavirus A in pigs with respiratory disease [J]. *Front Vet Sci*, 2022, 9: 918736.
- [5] ZHOU X, NIU J W, ZHANG J F, et al. Commentary: identification of pulmonary infections with porcine rotavirus A in pigs with respiratory disease [J]. *Front Vet Sci*, 2023, 10: 1102602.
- [6] 陈建飞, 石达, 时洪艳, 等. 猪主要病毒性腹泻防控技术与应用 [J]. *中国科学: 生命科学*, 2023, 53 (12): 1754-1766.
- [7] SADIQ A, BOSTAN N, YINDA K C, et al. Rotavirus: genetics, pathogenesis and vaccine advances [J]. *Rev Med Virol*, 2018, 28 (6): e2003.
- [8] MATTHIJNSSENS J, OTTO P H, CIARLET M, et al. VP6-sequence-based cutoff values as a criterion for rotavirus species demarcation [J]. *Arch Virol*, 2012, 157 (6): 1177-1182.
- [9] BRIDGER J C, WOODS G N. Neonatal calf diarrhoea: identification of a reovirus-like (rotavirus) agent in faeces by immunofluorescence and immune electron microscopy [J]. *Br Vet J*, 1975, 131 (5): 528-535.
- [10] WENSKE O, RÜCKNER A, PIEHLER D, et al. Epidemiological analysis of porcine rotavirus A genotypes in Germany [J]. *Vet Microbiol*, 2018, 214: 93-98.
- [11] SAIF L J, BOHL E H, THEIL K W, et al. Rotavirus-like, calicivirus-like, and 23-nm virus-like particles associated with diarrhea in young pigs [J]. *J Clin Microbiol*, 1980, 12 (1): 105-111.
- [12] THEIL K W, SAIF L J, MOORHEAD P D, et al. Porcine rotavirus-like virus (group B rotavirus): characterization and pathogenicity for gnotobiotic pigs [J]. *J Clin Microbiol*, 1985, 21 (3): 340-345.
- [13] DALL AGNOL A M, GUIMARÃES N S, LEME R A, et al. The vaccination changed the profile of rotavirus infection with the increase of non-rotavirus A species diagnosis in one-week-old diarrheic piglets [J]. *Braz J Microbiol*, 2024, 55 (1): 991-996.
- [14] PUENTE H, CORTEY M, DE NOVA P J G, et al. First identification and characterization of rotavirus H in swine in Spain [J]. *Transbound Emerg Dis*, 2021, 68 (6): 3055-3069.
- [15] CHASEY D, DAVIES P. Atypical rotaviruses in pigs and cattle [J]. *Vet Rec*, 1984, 114 (1): 16-17.
- [16] MATTHIJNSSENS J, CIARLET M, HEIMAN E, et al. Full genome-based classification of rotaviruses reveals a common origin between

- human Wa-like and porcine rotavirus strains and human DS-1-like and bovine rotavirus strains [J]. *J Virol*, 2008, 82 (7): 3204-3219.
- [17] GENZ B, GERSZON J, POLLOCK Y, et al. Detection and genetic diversity of porcine rotavirus A, B and C in eastern Australian piggeries [J]. *Aust Vet J*, 2023, 101 (4): 153-163.
- [18] MATTHIJNSSENS J, CIARLET M, RAHMAN M, et al. Recommendations for the classification of group A rotaviruses using all 11 genomic RNA segments [J]. *Arch Virol*, 2008, 153 (8): 1621-1629.
- [19] GHOSH S, KOBAYASHI N. Whole-genomic analysis of rotavirus strains: current status and future prospects [J]. *Future Microbiol*, 2011, 6 (9): 1049-1065.
- [20] PATHAK A, GULATI B R, MAAN S, et al. Complete genome sequencing reveals unusual equine rotavirus A of bat origin from India [J]. *J Virol*, 2022, 96 (20): e0140822.
- [21] JOSHI M S, WALIMBE A M, ARYA S A, et al. Evolutionary analysis of all eleven genes of species C rotaviruses circulating in humans and domestic animals [J]. *Mol Phylogenet Evol*, 2023, 186: 107854.
- [22] WU F T, LIU L T, JIANG B, et al. Prevalence and diversity of rotavirus A in pigs: evidence for a possible reservoir in human infection [J]. *Infect Genet Evol*, 2022, 98: 105198.
- [23] SMALL C, BARRO M, BROWN T L, et al. Genome heterogeneity of SA11 rotavirus due to reassortment with "O" agent [J]. *Virology*, 2007, 359 (2): 415-424.
- [24] BRNIĆ D, ČOLIĆ D, KUNIĆ V, et al. Rotavirus A in domestic pigs and wild boars: high genetic diversity and interspecies transmission [J]. *Viruses*, 2022, 14 (9): 2028.
- [25] OKADERA K, ABE M, ITO N, et al. Evidence of natural transmission of group A rotavirus between domestic pigs and wild boars (*Sus scrofa*) in Japan [J]. *Infect Genet Evol*, 2013, 20: 54-60.
- [26] SUZUKI Y, GOJOBORI T, NAKAGOMI O. Intragenic recombinations in rotaviruses [J]. *FEBS Lett*, 1998, 427 (2): 183-187.
- [27] PARRA G I, BOK K, MARTÍNEZ M, et al. Evidence of rotavirus intragenic recombination between two sublineages of the same genotype [J]. *J Gen Virol*, 2004, 85 (Pt 6): 1713-1716.
- [28] WOODS R J. Intrasegmental recombination does not contribute to the long-term evolution of group A rotavirus [J]. *Infect Genet Evol*, 2015, 32: 354-360.
- [29] HOXIE I, DENNEHY J J. Intragenic recombination influences rotavirus diversity and evolution [J]. *Virus Evol*, 2020, 6 (1): vez059.
- [30] MARTHALER D, SUZUKI T, ROSSOW K, et al. VP6 genetic diversity, reassortment, intragenic recombination and classification of rotavirus B in American and Japanese pigs [J]. *Vet Microbiol*, 2014, 172 (3/4): 359-366.
- [31] OKI H, MASUDA T, HAYASHI-MIYAMOTO M, et al. Genomic diversity and intragenic recombination of species C rotaviruses [J]. *J Gen Virol*, 2022, 103 (2). DOI: 10.1099/jgv.0.001703.
- [32] SUZUKI T, INOUE D. Full genome-based genotyping system for rotavirus H and detection of potential gene recombination in nonstructural protein 3 between porcine rotavirus H and rotavirus C [J]. *J Gen Virol*, 2018, 99 (12): 1582-1589.
- [33] 廖德惠, 谢镜怀, 张敏, 等. 仔猪轮状病毒性腹泻的研究 [J]. *家畜传染病*, 1985 (2): 14-17.
- [34] 丁再棣, 林继煌, 何家惠, 等. 猪轮状病毒的分离鉴定及致病性的研究 [J]. *中国人兽共患病杂志*, 1985 (2): 1-5.
- [35] 何家惠, 林继煌, 丁再棣, 等. 仔猪轮状病毒感染的流行病学调查 [J]. *江苏农业科学*, 1986 (2): 34-35.
- [36] XUE R, TIAN Y, ZHANG Y, et al. Diversity of group A rotavirus of porcine rotavirus in Shandong province China [J]. *Acta Virol*, 2018, 62 (3): 229-234.
- [37] TAO R, CHANG X, ZHOU J, et al. Molecular epidemiological investigation of group A porcine rotavirus in East China [J]. *Front Vet Sci*, 2023, 10: 1138419.
- [38] 常新见, 周金柱, 鲁天弈, 等. 华东地区猪 A 群轮状病毒的 VP7 和 VP4 基因序列分析 [J]. *中国兽医杂志*, 2019, 55 (10): 3-7.
- [39] 徐丽华, 李军星, 苏菲, 等. 2011—2017 年浙江省猪病毒性腹泻病的流行病学调查 [J]. *中国兽医科学*, 2018, 48 (5): 625-630.
- [40] 张可. 辽宁地区哺乳仔猪病毒性腹泻流行病学调查及轮状病毒 VP7 基因扩增和序列分析 [D]. 沈阳: 沈阳农业大学, 2023.
- [41] 周洪權. 猪重要腹泻病毒多重 qRT-PCR 鉴别检测方法 & PEDV、PDCoV 分子流行病学研究 [D]. 南宁: 广西大学, 2023.
- [42] 周群, 陈小飞, 阚蕊慈, 等. 2017—2019 年四川地区猪 A 群轮状病毒的分子流行病学调查 [J]. *中国农业科学*, 2021, 54 (5): 1063-1072.
- [43] 何晓明, 田小艳, 王东东, 等. 2021—2022 年我国部分地区猪轮状病毒分子流行病学调查 [J]. *畜牧与兽医*, 2024, 56 (3): 77-85.
- [44] QIAO M, LI M, LI Y, et al. Recent molecular characterization of porcine rotaviruses detected in China and their phylogenetic relationships with human rotaviruses [J]. *Viruses*, 2024, 16 (3): 453.
- [45] 乔成鹏. 2015—2016 年中国部分地区猪轮状病毒感染检测及病毒分离与鉴定 [D]. 大庆: 黑龙江八一农垦大学, 2019.
- [46] 祁松, 张哲玮, 朱晶, 等. 哺乳仔猪轮状病毒和肠产毒性大肠杆菌混合感染病例的诊治 [J]. *黑龙江畜牧兽医*, 2023 (22): 76-82.
- [47] THEIL K W, BOHL E H, AGNES A G. Cell culture propagation of porcine rotavirus (reovirus-like agent) [J]. *Am J Vet Res*, 1977, 38 (11): 1765-1768.
- [48] BOHL E H, THEIL K W, SAIF L J. Isolation and serotyping of porcine rotaviruses and antigenic comparison with other rotaviruses [J]. *J Clin Microbiol*, 1984, 19 (2): 105-111.
- [49] SHI H, CHEN J, LI H, et al. Molecular characterization of a rare G9P [23] porcine rotavirus isolate from China [J]. *Arch Virol*, 2012, 157 (10): 1897-1903.
- [50] 马鑫, 李丹地, 郭延青, 等. 河北省卢龙地区猪与人 G9 型 A 组轮状病毒进化关系研究 [J]. *中华实验和临床病毒学杂志*, 2014, 28 (4): 252-254.
- [51] 库旭刚, 张坤, 刘羽茜, 等. 猪 A 群轮状病毒的分离与鉴定 [J]. *畜牧兽医学报*, 2012, 43 (2): 275-281.
- [52] 陈晓春, 吴华伟, 张广川, 等. 猪轮状病毒的分离与鉴定 [J]. *中国兽药杂志*, 2013, 47 (9): 4-8.
- [53] 张贺伟, 王鑫, 夏铭崎, 等. 猪 A 群轮状病毒 LN-01-2013 株的分离与鉴定 [J]. *中国兽医科学*, 2014, 44 (5): 470-475.
- [54] 原霖, 韩焘, 倪建强, 等. 猪 A 群轮状病毒 BJ 株的分离与鉴

- 定 [J]. 中国畜牧兽医, 2016, 43 (12): 3306-3313.
- [55] 杨娟, 赵振鹏, 杨振, 等. 一株猪轮状病毒的分离与鉴定 [J]. 畜牧与兽医, 2016, 48 (9): 32-37.
- [56] WANG Z, LV C, XU X, et al. The dynamics of a Chinese porcine G9P [23] rotavirus production in MA-104 cells and intestines of 3-day-old piglets [J]. J Vet Med Sci, 2018, 80 (5): 790-797.
- [57] JING Z, ZHANG X, SHI H, et al. A G3P [13] porcine group A rotavirus emerging in China is a reassortant and a natural recombinant in the VP4 gene [J]. Transbound Emerg Dis, 2018, 65 (2): e317-e328.
- [58] 乔成鹏, 翟军军, 邢宇昕, 等. 2015—2016年我国东北三省地区猪A、B、C群轮状病毒流行情况调查 [J]. 黑龙江八一农垦大学学报, 2019, 31 (2): 33-39.
- [59] CHEN D, ZHOU L, TIAN Y, et al. Genetic characterization of a novel G9P [23] rotavirus A strain identified in southwestern China with evidence of a reassortment event between human and porcine strains [J]. Arch Virol, 2019, 164 (4): 1229-1232.
- [60] 陈小飞, 张斌, 张春红, 等. 猪A群轮状病毒SCJY-13株的分离鉴定及致病性分析 [J]. 中国畜牧兽医, 2022, 49 (2): 660-668.
- [61] JIAO R, JI Z, ZHU X, et al. Genome analysis of the G6P6 genotype of porcine group C rotavirus in China [J]. Animals (Basel), 2022, 12 (21): 2951.
- [62] YAN N, YUE H, WANG Y, et al. Genomic analysis reveals G3P [13] porcine rotavirus A interspecific transmission to human from pigs in a swine farm with diarrhoea outbreak [J]. J Gen Virol, 2021, 102 (2). DOI: 10.1099/jgv. 0.001532.
- [63] 李玉, 穷达, 张敏, 等. 猪A群轮状病毒RVA/Pig-tc/CHN/SWU-1C/2018/G9P [13]株的分离与鉴定 [J]. 中国预防兽医学报, 2019, 41 (11): 1170-1173.
- [64] 米雪, 陈荣琳, 张胜斌, 等. 广西猪A群轮状病毒G9P [7]型的分离与初步鉴定 [J]. 中国兽医学报, 2021, 41 (9): 1722-1728.
- [65] 杨立君. 湖北部分地区不同宿主源轮状病毒的分离及其基因组的遗传变异研究 [D]. 武汉: 华中农业大学, 2021.
- [66] 黄正阳, 陈宇婧, 黄克, 等. 猪A组轮状病毒HN2019-01株的分离鉴定及VP6基因序列分析 [J]. 河南农业科学, 2021, 50 (6): 125-133.
- [67] 耿超, 赵红梅, 梁婉, 等. 猪A群轮状病毒HuB2020株的分离与基因型分析 [J]. 中国动物传染病学报, 2023, 31 (4): 139-143.
- [68] 张婧旭, 梁海英, 曾智勇, 等. 猪A群轮状病毒GZAS2020株与NX疫苗株的差异性分析 [J]. 动物医学进展, 2023, 44 (5): 7-11.
- [69] MIAO Q, PAN Y, GONG L, et al. Full genome characterization of a human-porcine reassortment G12P [7] rotavirus and its pathogenicity in piglets [J]. Transbound Emerg Dis, 2022, 69 (6): 3506-3517.
- [70] 张艺艺. 豫西南地区猪轮状病毒的分离鉴定及单克隆抗体的制备 [D]. 南阳: 南阳师范学院, 2023.
- [71] 王一丹, 向华, 张斌, 等. 重组G3P [13]型A群猪轮状病毒全基因组测序分析 [J]. 动物医学进展, 2022, 43 (4): 1-7.
- [72] 魏春华, 李佳睿, 杨圆, 等. 1株G26P [23]型猪A群轮状病毒的基因组特征 [J]. 中国人兽共患病学报, 2023, 39 (5): 426-432.
- [73] LI Q, WANG Z, JIANG J, et al. Outbreak of piglet diarrhea associated with a new reassortant porcine rotavirus B [J]. Vet Microbiol, 2024, 288: 109947.
- [74] LUO S, CHEN X, YAN G, et al. Emergence of human-porcine reassortment G9P [19] porcine rotavirus A strain in Guangdong Province, China [J]. Front Vet Sci, 2022, 9: 1111919.
- [75] 樊高, 申翰钦, 王连想, 等. 猪轮状病毒的分离鉴定和全基因组序列分析 [J]. 中国兽医杂志, 2023, 59 (6): 47-54.
- [76] 傅安静, 黄名英, 张斌. 一株G4P [X]型猪A群轮状病毒的分离与鉴定 [J]. 山东农业大学学报 (自然科学版), 2022, 53 (4): 629-633.
- [77] WANG J, ZHOU J, ZHU X, et al. Isolation and characterization of a G9P [23] porcine rotavirus strain AHFY2022 in China [J]. Microb Pathogenesis, 2024, 190: 106612.
- [78] 刘小兰, 刘昌锦, 余文洋, 等. 猪轮状病毒江西株AY01的分离鉴定 [J]. 中国畜牧兽医, 2022, 49 (8): 3151-3162.
- [79] GAO L, SHEN H, ZHAO S, et al. Isolation and pathogenicity analysis of a G5P [23] porcine rotavirus strain [J]. Viruses, 2023, 16 (1): 21.
- [80] 林正丹. 猪轮状病毒TaqMan荧光定量RT-PCR方法的建立及病毒分离鉴定 [D]. 武汉: 华中农业大学, 2023.
- [81] 崔蕾. 猪轮状病毒抗体间接ELISA与分型qRT-PCR检测方法的建立 [D]. 武汉: 华中农业大学, 2023.
- [82] 张子微. 湖北地区猪A群轮状病毒的流行病学调查与VP7基因的遗传分析 [D]. 武汉: 长江大学, 2023.
- [83] 谢秀艳, 李润成, 秦乐娟, 等. 规模猪场猪轮状病毒优势毒株及感染情况调查 [J]. 湖南畜牧兽医, 2024 (1): 12-15.