

何艺, 张明, 李霞, 等. 新疆北疆区域羊肠道病毒分子流行病学调查及遗传进化分析 [J]. 畜牧与兽医, 2025, 57 (10): 94-100.

HE Y, ZHANG M, LI X, et al. Molecular epidemiological survey and genetic evolutionary analysis of caprine enteroviruses in northern Xinjiang [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2025, 57 (10): 94-100.

新疆北疆区域羊肠道病毒分子流行病学调查及遗传进化分析

何艺^{1,2#}, 张明^{3#}, 李霞¹, 蔡旭航¹, 毛立^{1*}, 李彬^{1*}

(1. 江苏省农业科学院兽医研究所/农业农村部兽用生物制品工程技术重点实验室, 江苏 南京 210014;

2. 阜康市城关镇农业发展服务中心, 新疆 阜康 831500;

3. 新疆维吾尔自治区动物疫病预防控制中心, 新疆 乌鲁木齐 830000)

摘要: 羊肠道病毒 (CEV) 主要感染山羊或绵羊消化系统、呼吸系统及神经系统, 本研究旨在了解该病毒在新疆北疆区域的流行情况。采用逆转录 PCR (RT-PCR) 对新疆北疆 5 个地州 213 份绵羊粪便样品进行 CEV 病原学检测, 分析 CEV 感染情况及不同因素对其阳性率的影响, 对部分阳性样品 CEV 5'-UTR 序列测序并进行遗传进化分析。结果: 北疆区域绵羊 CEV 总阳性率为 39.4% (84/213), 5 个地州 CEV 阳性率在 15.0%~69.0%; 圈养模式比散养模式的 CEV 阳性率高 22.8 个百分点, 腹泻比非腹泻羊群 CEV 阳性率高 19.2 个百分点; CEV 与星状病毒、腺病毒混合感染率达 33.8%。同源性遗传进化显示, 鉴定的 7 株 CEV 5'-UTR 基因均属于 EV-G 种, 同源性介于 81.2%~97.1%, 且在进化树上聚为一支。综上, 北疆区域绵羊存在 CEV 感染, 并从分子水平上证实其流行毒株为 EV-G 种, CEV 可能是导致绵羊腹泻的重要病原, 其阳性率高低与养殖模式相关。

关键词: 羊肠道病毒; 绵羊; 新疆; 分子流行病学; 遗传进化

中图分类号: S855.3 文献标志码: A 文章编号: 0529-5130(2025)10-0094-07

Molecular epidemiological survey and genetic evolutionary analysis of caprine enteroviruses in northern Xinjiang

HE Yi^{1,2#}, ZHANG Ming^{3#}, LI Xia¹, CAI Xuhang¹, MAO Li^{1*}, LI Bin^{1*}

(1. Institute of Veterinary Medicine, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences/Key Laboratory of Engineering and Technology for Veterinary Biological Products, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Nanjing 210014, China;

2. Chengguan Agriculture Development Service Center of Fukang, Fukang 831500, China;

3. Animal Disease Prevention and Control Center of Xinjiang Uygur Autonomous Region, Urumqi 830000, China)

Abstract: Caprine enterovirus (CEV) is a pathogen infecting goats or sheep, inducing digestive, respiratory and nervous diseases. However, the prevalence the enterovirus in Xinjiang is still unknown. In this study, 213 fecal samples were collected from sheep in five regions in northern Xinjiang and were tested for CEV by RT-PCR, in order to understand the infection of CEV in the northern Xinjiang area and to assess the influence of different factors on CEV prevalence. Then, the 5'-UTR sequences of the positive samples were analyzed for genetic evolution. The results showed that the total positive rate of CEV in sheep of northern Xinjiang was 39.4% (84/213), and the positive rates in the five regions were distributed from 15.0% to 69.0%. The CEV positive rate was 22.8 percentage points higher in the captive mode of sheep raising than in the free-ranging mode; and the CEV positive rate was 19.2 percentage points higher in diarrhea inflicted sheep than in normal flocks. In addition, the mixed infections of CEV with OAsV and OAdV reached 33.8%. The results of homology and genetic evolution showed that the obtained seven CEV 5'-UTR genes were clustered in the same branch, and belonged to EV-G species, with homology being

收稿日期: 2024-12-23; 修回日期: 2025-07-17

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2023YFD1801302); 江苏省重点研发项目 (BE2022330); 兽医生物技术国家重点实验室开放基金项目 (SKLVBF202106)

第一作者: 何艺, 女, 硕士, 高级畜牧师; 张明, 男, 学士, 兽医师。*共同第一作者

*通信作者: 毛立, 博士, 副研究员, 主要从事预防兽医学方面的研究, E-mail: mao-li@live.cn; 李彬, 博士, 研究员, 主要从事预防兽医学方面的研究, E-mail: libinana@126.com。

81.2%–97.1% between these viruses. The present study indicated that CEV was circulated in the northern Xinjiang area, and belonged to EV-G species. CEV might be an important pathogen causing diarrhea in sheep, and its positive rate was related to the breeding mode.

Keywords: caprine enterovirus; sheep; northern Xinjiang; molecular epidemiology; genetic evolution

羊肠道病毒 (caprine enterovirus, CEV) 属于微 RNA 病毒科 (Picornaviridae) 肠道病毒属 (*Enterovirus*), 是一种无囊膜、单股正链 RNA 病毒。该病毒是近年来新发现引起羊腹泻病的病原之一, 可引起消化系统、呼吸系统及神经系统疾病, 临床表现为严重腹泻、发热、呼吸困难、精神萎靡等。CEV 对各品种、各日龄的羊均易感, 具有较高的发病率和死亡率^[1]。

根据国际病毒分类委员会最新分类标准, 肠道病毒属被划分为 12 个肠道病毒种 (A~L) 和 3 个鼻病毒种 (A~C)。在 12 个肠道病毒种中, E 种 (EV-E)、F 种 (EV-F) 主要感染牛, G 种 (EV-G) 主要感染猪, 近年来也有 EV-G 种感染绵羊和山羊的报道。5'-UTR 基因是肠道病毒的分类和遗传性分析的首选基因^[2], 在 EV-G 种的 23 个亚型中, 仅有 3 个亚型来源于羊, 其中 EV-G5、EV-G7 亚型来自绵羊, EV-G20 亚型来自山羊^[3]。2012 年匈牙利学者 Boros 等^[4]从健康绵羊的粪便中首次分离出 TB4-OEV 毒株, 日本、泰国、奥地利等国家相继出现 CEV 感染的报道^[5-7]。2014 年王明月等^[8]从吉林省患有严重腹泻及呼吸困难症的山羊体内分离出 CEV-JL14, 该毒株被国际病毒分类委员会列为 EV-G20 参考株。目前 CEV 已在我国吉林、内蒙古、河南、河北、山东、青海、四川、重庆、云南、甘肃、宁夏、江苏等 12 个省区报道, 感染率差异较大, 从 3.1%~100% 不等^[9-15]。此外, 有研究表明 CEV 与其他致病原混合感染时, 更易导致动物死亡^[16]。

新疆作为我国养羊业的重要区域之一, 截止 2023 年全疆羊存栏 45 243 600 只, 羊肉产量 62.78 万 t, 均位居全国第二位^[17]。北疆区域以绵羊为主, 且养殖方式多样, 随着养羊业迅猛发展, 肉羊疾病也随之增多, 其中腹泻性疾病发病率最高^[18]。目前新疆地区有关细菌、寄生虫导致羊腹泻病的报道较多, 而关于病毒导致的腹泻报道较少。CEV 已在国内多个省市有所报道, 但其在新疆的感染及流行情况尚未明确。因此本研究以 5'-UTR 为目的基因, 在新疆北疆区域 5 个地州开展 CEV 病原学检测, 探讨不同因素对其感染阳性率的影响, 并对部分阳性样品 CEV 5'-UTR 序列进行测序和遗传进化分析。通过对新疆北疆区域进行的 CEV 流行病学调查与分析, 确定该区域 CEV 的感染情况及流行病学特点, 为丰富国内 CEV 流行病学资料、科学有效防控羊腹泻病提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 样品来源与采集

2023 年在北疆区域昌吉、阿勒泰、博州、塔城、哈密 5 个地州, 分别随机选择 1 个圈养模式的养殖场和若干散养户进行样品采集, 其中圈养模式收集样品 57 份, 散养模式收集样品 156 份。在样品采集过程中以腹泻样品为主, 同时各采样点采集 3~4 份非腹泻样品作为对照, 共收集腹泻样品 175 份, 非腹泻样品 38 份 (表 1)。根据流行病学调查要求, 详细记录样本采集区域、养殖模式、健康状态等信息。每个地州的粪便样品采集完毕后, 立即将样品放置于 -20 °C 冷冻保存, 并尽快送往实验室。

表 1 北疆区域样品采集信息

采集地点	样品总数/份	养殖模式		健康状态	
		圈养/份	散养/份	腹泻/份	非腹泻/份
昌吉	53	11	42	47	6
阿勒泰	43	6	37	36	7
博州	40	6	34	33	7
塔城	42	24	18	33	9
哈密	35	10	25	26	9
合计	213	57	156	175	38

1.2 主要试剂

病毒 RNA 提取试剂盒、反转录酶 (5×HiScript II qPCR SuperMix II a 试剂) 和 PCR 扩增 (Green Taq Mix 试剂) 购于南京诺唯赞生物科技有限公司; DL2000 DNA Marker 购于擎科生物 (南京) 有限公司。

1.3 引物设计

参照相关文献设计 CEV^[19]、羊腺病毒 (OAdV)^[20]、羊星状病毒 (OAsV)^[21] 特异性引物 (表 2), 引物由擎科生物 (南京) 有限公司合成。

表 2 引物信息

引物名称	引物序列 (5'→3')	产物长度/bp
CEV-5' UTR	F: CTTTGCACGCCTGTTTTCC	497
	R: CACACGCTCGGAGGTTGGGAT	
OAdV-pV III	F: TCAGGACCGCCTGGATCATA	796
	R: TCAGCCACGCAAAGCCATT	
OAsV-DP	F: GAYTGGACBCGHTWTGATGG	418
	R: KYTTRACCCACATNCCAA	

1.4 病毒 RNA 提取及逆转录 PCR (RT-PCR) 扩增

取肛拭子或捣碎的粪便,置于 1.5 mL 洁净的 EP 管中,加入 800 μ L PBS,充分振荡混匀后,于 12 000 r/min 离心 5 min,取上清液 200 μ L,用 RNA 提取试剂盒提取总 RNA。经逆转录试剂盒反转录为 cDNA,以 cDNA 为模板进行 PCR 扩增。反应条件为:95 $^{\circ}$ C 5 min;95 $^{\circ}$ C 30 s、54 $^{\circ}$ C 30 s、72 $^{\circ}$ C 1 min,35 个循环;72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min,反应结束后 4 $^{\circ}$ C 保存。将扩增产物电泳后再在凝胶成像系统中观察结果,符合预期大小的扩增产物切胶后送擎科生物(南京)科技有

限公司测序。

1.5 感染及流行状况的分析

根据 RT-PCR 检测结果,分析不同地区、不同养殖模式、不同健康状态等因素对 CEV 感染阳性率的影响。

1.6 遗传进化分析

用 DNASTar 软件中 MegAlign 与 GenBank 收录的部分代表性 EV-E、EV-F、EV-G 种参考毒株(表 3)的 5'-UTR 基因进行同源性对比,并用 Mega 11 软件构建遗传进化树,分析亲缘关系。

表 3 引用的 EV 参考毒株信息

参考毒株名称	病毒种	GenBank 登录号	宿主	来源地	分离年份
EV-G20-JL14		KU297674.1	山羊	中国	2014
GEV-JL-LS127		MN598034.1	山羊	中国	2020
GEV-JL-LS165		MN598035.1	山羊	中国	2020
GEV-JL-LS174		MN598036.1	山羊	中国	2020
OEV-NX-DR26	EV-G	MN598038.1	绵羊	中国	2020
GEV-SD-S68		MN598040.1	山羊	中国	2020
GEV-NMG-F37		MN598041.1	山羊	中国	2020
OEV-66-k141-25260		MZ679284.1	绵羊	中国	2022
EV-G5-TB4-OEV		JQ277724.1	绵羊	匈牙利	2012
EV-G7-990-UK-NI		MG958646.1	绵羊	英国	2018
EV-E1-BEV-VG5-27		D00214.1	牛	英国	2000
EV-E-BJ101	EV-E	MG650158.1	牛	中国	2018
EV-E-XJ-FHT		PQ469036.1	牛	中国	2024
EV-F1-BEV-261		DQ092770.1	牛	英国	2022
EV-F-SD-S67	EV-F	MK639928.1	山羊	中国	2019
EV-F-HeN-YR91		MN598018.1	牛	中国	2020

2 结果

2.1 不同地区 CEV 感染阳性率分析

对不同地区 CEV 阳性率进行统计分析,结果显示各地州样品均检测到 CEV 感染,总阳性率为 39.4%,其中塔城阳性率最高,达 69.0%,博州最低,为 15.0%(表 4)。表明北疆区域普遍存在 CEV 感染,且不同地区的阳性率差异较大。

2.2 不同养殖模式 CEV 感染阳性率分析

对不同养殖模式下 CEV 阳性率进行统计分析(表 5),不同养殖模式的羊群均可检出 CEV,圈养模式比散养模式 CEV 阳性率高 22.8 个百分点,表明不

同养殖模式下 CEV 阳性率存在差异,与散养模式相比,圈养模式下 CEV 阳性率更高。

表 4 不同地区 CEV 检测结果

地区	样品数/份	阳性数/份	阳性率/%
昌吉	53	26	49.1
阿勒泰	43	8	18.6
博州	40	6	15.0
塔城	42	29	69.0
哈密	35	15	42.9
合计	213	84	39.4

表5 不同养殖模式下 CEV 检测结果

地区	圈养模式			散养模式		
	样品数/份	阳性数/份	阳性率/%	样品数/份	阳性数/份	阳性率/%
昌吉	11	9	81.8	42	17	40.5
阿勒泰	6	0	0	37	8	21.6
博州	6	0	0	34	6	17.6
塔城	24	23	95.8	18	6	33.3
哈密	10	0	0	25	15	60
合计	57	32	56.1	156	52	33.3

2.3 不同健康状态 CEV 感染阳性率分析

对不同健康状态下 CEV 阳性率进行统计分析 (表6), 腹泻和非腹泻样品中均可检测到 CEV, 腹泻

羊群 CEV 阳性率较非腹泻群体高 19.2 个百分点。表明腹泻和非腹泻绵羊中均存在 CEV 感染, 但腹泻羊 CEV 的阳性率更高。

表6 不同健康状态 CEV 检测结果

地区	腹泻羊			非腹泻羊		
	样品数/份	阳性数/份	阳性率/%	样品数/份	阳性数/份	阳性率/%
昌吉	47	26	55.3	6	0	0
阿勒泰	36	8	22.2	7	0	0
博州	33	6	18.2	7	0	0
塔城	33	21	63.6	9	8	88.9
哈密	26	14	53.8	9	1	11.1
合计	175	75	42.9	38	9	23.7

2.4 多重混合感染阳性率分析

为检测样品中腹泻相关病毒混合感染情况, 对部分样品进行病毒组学测序, 获得了 OAstV、OAdV 序列, 提示采集样品存在 OAstV、OAdV 感染, 分析 CEV 与 OAdV、OAstV 混合感染情况, 有助于进一步了解北疆区域 CEV 流行特点。此外, 对 213 份样品开展牛冠状病毒 (BCoV)、哺乳动物正呼肠孤病毒 (MRV)、牛轮状病毒 (BRV) 等腹泻病毒检测, 结果显示 MRV、BRV 均呈阴性, BCoV 仅有 3 份呈单独感染。根据以上结果, 说明 CEV、OAstV、OAdV 混合感染在北疆绵羊中较普遍, 因此对这 3 种病毒混合感染情况进行统计分析。结果表明, 213 份样品中, 72 份存在 2 种以上病毒混合感染, 占比 33.8%; CEV+OAstV、CEV+OAdV 阳性感染率分别为 13.6%、7.0%; CEV+OAstV+OAdV 阳性感染率为 13.1% (表7)。该结果说明, 北疆 5 个地州存在 CEV、OAstV、OAdV 三种羊腹泻病毒混合感染的情况, 感染类型多样且占比高。

2.5 5'-UTR 序列同源性分析

将 CEV 阳性样品扩增的符合预期条带送擎科生

物 (南京) 科技有限公司测序, 共获得 7 株 CEV 5'-UTR 序列, 分别为: BuerJin-0316H2、FuKang-0303H4、FuKang-0308H1、HaMi-H7、HaMi-H10、TaCheng-0330H6、WenQuan-0328H8 (GenBank 登录号: PQ613613-613619)。与 EV-E、EV-F、EV-G 种的 5'-UTR 基因进行同源性对比, 结果表明, 7 株 CEV 5'-UTR 序列均与 EV-G 种同源性最高, 介于 81.2%~97.1%, 其中, 6 株 CEV 5'-UTR 序列与国内流行的 CEV 参考毒株同源性介于 89.0%~97.1%; FuKang-0303H4 株 5'-UTR 序列与国内已报道的 OEV-66-k141-25260 株同源性为 94.5% (图1)。

表7 多重羊腹泻病毒混合感染检测结果

感染类型	阳性数/样品数	阳性率/%
CEV+OAstV	29/213	13.6
CEV+OAdV	15/213	7.0
CEV+OAstV+OAdV	28/213	13.1
总计	72/213	33.8

		同源性/%																		
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
差异性/%	1	97.6	94.7	95.9	93.0	88.9	81.6	96.4	97.1	94.7	95.9	93.3	92.1	91.6	83.1	81.2	81.9	74.3	77.6	1
	2	2.5	94.5	96.4	93.7	90.3	81.8	96.4	97.1	96.1	96.6	93.5	92.5	92.5	83.0	81.8	82.1	73.9	77.3	2
	3	5.5	5.8	94.2	94.8	90.4	84.3	94.3	94.5	94.5	95.5	94.1	94.5	93.1	84.4	82.5	83.3	73.6	77.4	3
	4	4.2	3.8	6.1	93.3	90.6	81.8	96.4	95.7	95.9	96.9	92.1	91.8	91.1	83.1	82.8	81.4	74.7	79.3	4
	5	7.4	6.7	5.5	7.2	89.9	81.4	92.4	91.6	94.5	94.7	92.4	93.1	91.9	83.5	82.7	81.6	74.9	76.8	5
	6	12.1	10.5	10.4	10.1	11.0	83.6	89.5	89.0	90.5	90.2	89.7	90.2	90.0	85.1	84.7	84.7	73.7	77.5	6
	7	21.6	21.4	17.8	21.3	21.9	18.9	82.2	81.7	81.9	82.7	82.7	82.5	82.2	90.4	89.7	94.5	70.3	73.8	7
	8	3.7	3.7	6.0	3.7	8.2	11.4	20.8	95.1	91.8	92.7	90.5	88.8	89.1	81.8	79.2	82.1	75.0	78.2	8
	9	2.9	3.0	5.8	4.5	9.1	12.0	21.4	4.8	91.6	92.1	91.1	89.1	89.7	82.1	79.4	81.8	74.9	79.1	9
	10	5.5	4.0	5.7	4.2	5.8	10.3	21.1	8.5	9.1	97.1	90.7	90.3	90.0	82.4	80.5	82.1	76.2	79.2	10
	11	4.2	3.5	4.7	3.2	5.5	10.6	20.1	7.6	8.5	3.0	91.8	90.2	91.1	83.2	80.3	82.1	76.1	80.3	11
	12	7.1	6.9	6.3	8.5	8.2	11.2	20.1	10.1	9.6	10.1	8.8	91.1	93.5	83.6	81.4	82.5	75.7	80.0	12
	13	8.5	8.0	5.7	8.8	7.4	10.6	20.4	12.1	12.0	10.5	10.7	9.7	92.3	83.1	80.7	80.7	75.2	79.2	13
	14	9.1	8.0	7.4	9.7	8.7	10.9	20.8	11.7	11.2	10.9	10.8	6.9	8.3	82.7	80.7	82.1	75.6	80.1	14
	15	19.4	19.6	17.6	19.5	18.9	16.8	10.5	20.9	20.7	20.4	19.3	18.8	19.4	20.0	83.9	88.9	74.2	76.6	15
	16	22.2	21.3	20.2	19.9	20.0	17.4	11.5	24.5	24.5	22.8	23.1	21.7	22.6	22.6	18.6	86.0	70.0	74.1	16
	17	21.1	20.9	19.2	21.9	21.6	17.4	5.8	20.4	21.2	20.8	20.8	20.3	22.8	20.8	12.3	15.8	73.7	76.6	17
	18	32.0	32.6	33.1	31.3	30.9	32.9	38.6	30.3	30.7	28.8	29.0	29.6	30.3	29.7	32.0	38.9	32.7	76.2	18
	19	26.9	27.5	27.3	24.6	28.2	27.2	33.2	25.7	24.7	24.6	23.0	23.4	24.7	23.3	28.5	32.2	28.5	28.9	19

- ▲ BuerJin-0316H2
- ▲ HaMi-H7
- ▲ HaMi-H10
- ▲ TaCheng-0330H6
- ▲ WenQuan-0328H8
- ▲ FuKang-0308H1
- ▲ FuKang-0303H4
- KU297674.1 EV-G20-JL14
- MN598036.1 GEV-JL-LS174
- MN598034.1 GEV-JL-LS127
- MN598035.1 GEV-JL-LS165
- MN598038.1 OEV-NX-DR26
- MN598040.1 GEV-SD-S68
- MN598041.1 GEV-NMG-F37
- JQ277724.1 EV-G5-TB4-OEV
- MG958646.1 EV-G7-990/UK-NI
- MZ679284.1 OEV-66-k141-25260
- D00214.1 EV-E1-BEV-VG-5-27
- DQ092770.1 EV-F1-BEV-261

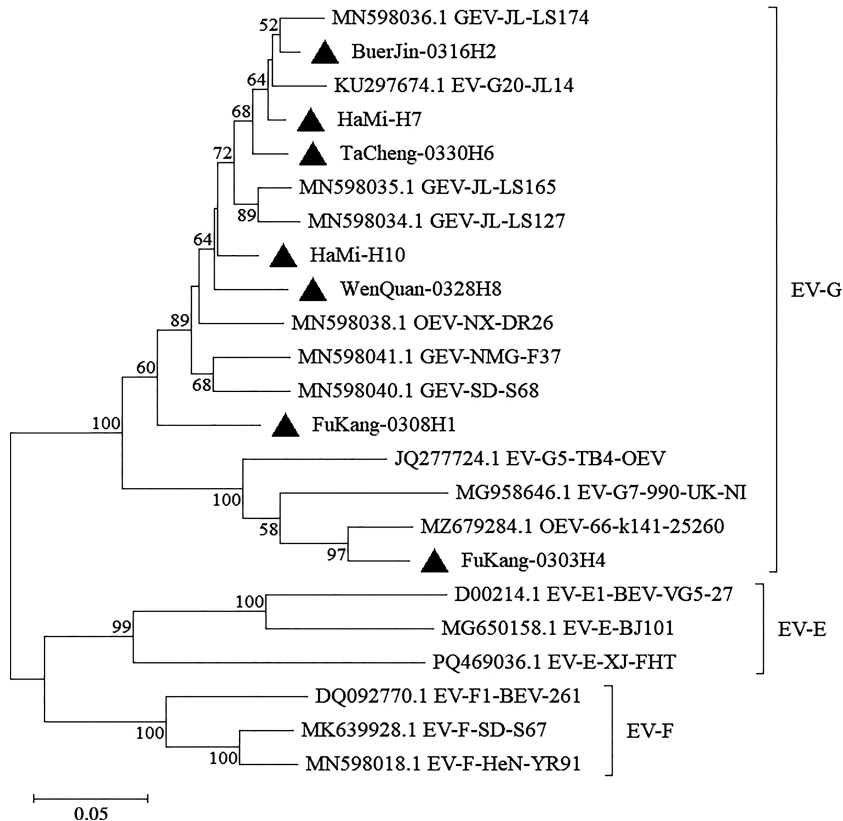
注：▲为本研究中鉴定的 CEV 5'-UTR 序列。

图 1 肠道病毒 5'-UTR 基因同源性对比结果

2.6 5'-UTR 序列遗传进化分析

从 GenBank 中获得 EV-G、EV-E、EV-F 种参考毒株的 5'-UTR 序列，用 Mega11 软件构建遗传进化树。结果表明，本研究中鉴定的 CEV 5'-UTR 序列与 EV-G 种参考毒株序列聚为一支，与 EV-E、EV-F

种处不同分支。其中，6 株 CEV 5'-UTR 序列与国内常见的 CEV 参考毒株聚为同一支，FuKang-0303H4 株与 OEV-66-k141-25260 株处同一分支（图 2）。结合同源性结果，表明新疆北疆区域 CEV 流行株为 G 种肠道病毒。



注：▲为本研究中 CEV 5'-UTR 序列。

图 2 肠道病毒 5'-UTR 序列进化树分析结果

3 讨论

CEV 是一种近年来国内外新发现的导致山羊和绵羊消化系统、呼吸系统疾病病原,对养羊业造成严重危害。目前该病毒已在国内 12 个省份相继报道,流行广泛,且阳性率差异较大。其中,王应龙等^[9]对青海省 96 份粪便样品进行 CEV 病原学检测,阳性率为 13.54%;鲁桂侠^[12]在河北省 266 份羊粪便样品中检测 CEV 阳性率为 27.82%;杨雪丽^[13]对四川、重庆、云南的羊粪便样品进行检测,CEV 阳性率为 36.4%;魏艳华等^[26]检测山东聊城 292 份羊粪便样品,其阳性率为 4.11%。本研究采用 RT-PCR 法检测了新疆北疆区域 5 个地州 213 份绵羊粪样中 CEV 感染情况,结果显示北疆区域羊群普遍存在 CEV 感染,总阳性率达 39.4%,说明北疆区域 CEV 阳性率相对于国内其他省市较高。CEV 是导致羊腹泻的新病原,在国内大部分省份均存在感染,但各地之间阳性率差异极大。目前,该病原感染尚未受到重视,因此应加强对该病的流行病学调查,明确该病毒在各地羊群中的阳性率和流行特征,而且,有必要在基层普及对该病毒的认识和防控技术,加强对 CEV 的防控。

对不同地区、不同饲养模式、不同健康状况的羊群感染 CEV 情况进行分析,结果表明,CEV 在北疆区域流行普遍,阳性率在 15.0%~69.0%,不同地区 CEV 阳性率差异较大,可能与各地饲养管理水平有密切关系。羊群在圈养模式比散养模式下的 CEV 阳性率高,说明高密度、集约化养殖更有利于 CEV 的传播。同时,腹泻与非腹泻羊均存在 CEV 感染,但腹泻羊阳性率更高,这也提示了 CEV 是条件性致病病原,在健康状态下,CEV 可能在体内潜伏感染,一旦机体免疫水平降低或混合感染情况下,CEV 则成为导致腹泻的重要病原,与腹泻密切相关^[27]。通过对不同条件下 CEV 阳性率的比较,初步阐明了新疆北疆区域 CEV 流行病学特点和影响因素,为该区域肉羊制定科学合理的防控策略提供理论依据。

CEV 通常与其他病原如小反刍兽疫病毒、牛病毒性腹泻病毒、羊边界病毒、多杀性巴氏杆菌等混合感染,从而加剧对动物机体的危害程度,导致腹泻等疾病的症状更加严重^[9, 16, 26, 28-29]。本研究对采集的样品除了开展 CEV、OAsV、OAdV 检测,还对 BCov^[30]、BRV^[31]、MRV^[32]等常见腹泻病原进行检测。结果显示,样品中 BRV、MRV 检测为阴性,BCov 呈单独感染,而 CEV、OAsV、OAdV 存在混合感染的情况,感染类型包括 CEV+OAsV、CEV+OAdV 二重混合感染,以及 CEV+OAsV+OAdV 三重混合感染。以上数据说明,导致羊腹泻的成因复杂,

CEV、OAsV 和 OAdV 在腹泻中扮演的角色还有待更科学的评价。

本研究通过对新疆北疆区域绵羊群体 CEV 流行情况的调查,表明该区域普遍存在 CEV 感染,并从分子水平上证实其流行毒株为 EV-G 种,提示 CEV 是与绵羊腹泻密切相关的病原,其阳性率影响因素较多,其中与养殖模式有密切关系。本研究为新疆地区 CEV 感染的防控制定科学合理的措施提供了重要的理论基础。

参考文献:

- [1] 鲁海冰,王明月,朱利塞,等.羊肠道病毒单克隆抗体的制备及鉴定[J].中国兽医学报,2017,37(8):1468-1472.
- [2] 唐诗欢,谢争华,刘朵朵,等.肠道病毒 5'-非翻译区测序分型的应用评估[J].中华实验和临床病毒学杂志,2018,32(5):488-491.
- [3] YANG S, WANG Y, SHEN Q, et al. Prevalence of porcine enterovirus 9 in pigs in middle and Eastern China [J]. Virol J, 2013, 10: 99.
- [4] BOROS Á, PANKOVICS P, KNOWLES N J, et al. Natural interspecies recombinant bovine/porcine enterovirus in sheep [J]. J Gen Virol, 2012, 93 (Pt 9): 1941-1951.
- [5] OMATSU T, TSUCHIYAKA S, HIRATA T, et al. Detection of enterovirus genome sequence from diarrheal feces of goat [J]. Virus Genes, 2014, 48 (3): 550-552.
- [6] INCOME N, KOSOLTANAPIWAT N, TAKSINOROS S, et al. Molecular identification of enteroviruses from cattle and goat feces and environment in Thailand [J]. Appl Environ Microbiol, 2019, 85 (5): e02420-18.
- [7] WEISSENBOCK H, EBINGER A, GAGER A M, et al. A novel enterovirus in lambs with poliomyelitis and brain stem encephalitis [J]. Transbound Emerg Dis, 2022, 69 (2): 227-234.
- [8] 王明月,王新平,朱利塞,等.从暴发严重腹泻羊群中检出 G 种肠道病毒[J].中国兽医学报,2016,36(10):1692-1695.
- [9] 王应龙,徐尚荣,张学忠,等.青海省海东市藏羊群中牛病毒性腹泻病毒、羊边界病毒、肠道病毒感染的检测[J].畜牧与兽医,2018,50(12):87-90.
- [10] 王汝郡,林倩,王玮玉,等.河南省羊肠道病毒感染的流行病学调查与分析[J].中国兽医学报,2020,40(5):902-906.
- [11] 林倩. 新发羊肠道病毒的分离、全基因组测序及其遗传多样性分析[D]. 长春:吉林大学,2020.
- [12] 鲁桂侠. 河北省部分地区羊肠道病毒的流行病学调查与分析[J].中国动物传染病学报,2021,29(2):88-92.
- [13] 杨雪丽. 山羊源羊肠道病毒的分子检测及基因组研究[D]. 成都:西南民族大学,2022.
- [14] 刘汉胜. 1 株羊肠道病毒的分离与鉴定[J].中国动物传染病学报,2022,30(2):14-19.
- [15] 蔡旭航,李文良,李基棕,等.江苏省羊肠道病毒感染的流行病学调查[J].中国兽医学报,2024,44(6):1140-1147.
- [16] 张群,鲁海冰,郭昌明,等.羊肠道病毒与小反刍兽疫病毒混

- 合感染及流行病学调查 [J]. 中国兽医学报, 2018, 38 (3): 464-468.
- [17] 国家统计局. 中华人民共和国 2023 年国民经济和社会发展统计公报 [J]. 中国统计, 2024 (3): 4-21.
- [18] 德力拜尔·木拉提, 特列克·库拉别克, 卡斯太·奴尔达力, 等. 新疆羊养殖场主要疫病防控现状问卷调查分析研究 [J]. 新疆畜牧业, 2024, 39 (2): 16-21.
- [19] 董坤, 胡俊英, 李卓宸, 等. 检测羊肠道病毒 RT-PCR 方法的建立及初步应用 [J]. 中国兽医学报, 2021, 41 (10): 1949-1952.
- [20] 蔡旭航. 羊源冠状病毒感染的流行病学调查及其致病性研究 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2024.
- [21] ALFRED N, LIU H, LI M L, et al. Molecular epidemiology and phylogenetic analysis of diverse bovine astroviruses associated with diarrhea in cattle and water buffalo calves in China [J]. J Vet Med Sci, 2015, 77 (6): 643-651.
- [22] CHEN Y, SADIQ S, TIAN J, et al. RNA viromes from terrestrial sites across China expand environmental viral diversity [J]. Nat Microbiol, 2022, 7 (8): 1312-1323.
- [23] 张姗, 李晓轩, 侯绍华, 等. 牛肠道病毒北京株的分离鉴定及全基因组分析 [J]. 中国兽医科学, 2018, 48 (7): 844-850.
- [24] CHANG X, LIN Q, HU J, et al. Discovery of a virus of the species Enterovirus F in goats [J]. Arch Virol, 2019, 164 (10): 2551-2558.
- [25] 钱明珠, 胡俊英, 王旭, 等. 河南省牛肠道病毒的分离、鉴定及流行病学调查 [J]. 黑龙江畜牧兽医, 2019 (8): 67-70.
- [26] 魏艳华, 郭广玲, 张娅娣, 等. 山东聊城东昌府区羊肠道病毒的流行病学监测与分析 [J]. 中国兽医杂志, 2023, 59 (4): 63-68.
- [27] 张齐, 刘朋, 杨诚洁, 等. 口服表面活性素对母猪乳源性免疫力的影响 [J]. 南京农业大学学报, 2024, 47 (6): 1122-1129.
- [28] 王汝都. 河南省羊肠道病毒感染的流行病学调查与病毒的致病性研究 [D]. 长春: 吉林大学, 2020.
- [29] 孙丰兰, 王汝都. 羊混合感染羊肠道病毒和多杀性巴氏杆菌的实验室诊断 [J]. 中国草食动物科学, 2023, 43 (6): 35-38.
- [30] WU Q, LI J, WANG W, et al. Next-generation sequencing reveals four novel viruses associated with calf diarrhea [J]. Viruses, 2021, 13 (10): 1907.
- [31] 李思远, 付新成, 袁雪松, 等. 河北省廊坊市牛主要病毒性腹泻病原感染状况检测及冠状病毒演化分析 [J]. 畜牧兽医学报, 2024, 55 (2): 649-659.
- [32] 吕珽, 陈虹吟, 汤承, 等. 牦牛源正呼肠孤病毒 2 型的检测和分离鉴定 [J]. 畜牧兽医学报, 2021, 52 (8): 2361-2368.