

[首页](#)[实验室概况](#)[科学研究](#)[研究队伍](#)[学术交流](#)[信息公开](#)[公用平台](#)[人才招聘](#)[下载中心](#)

当前位置：[首页](#) > [科学研究](#) > [科研成果](#) > [正文](#)

分子诊断技术揭示野生猕猴可作为人微孢子虫病的潜在感染来源

来源：管理员 浏览量：257 次 更新时间：2021-06-15 10:51

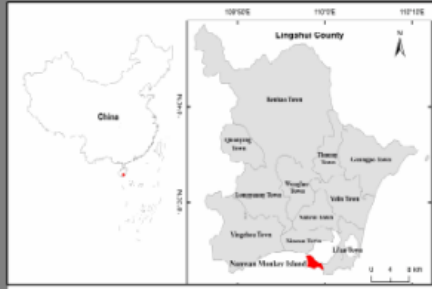
毕氏肠微孢子虫（*Enterocytozoon bieneusi*）是一种新现的以腹泻为主要临床表现的人兽共患传染性病原体。非人灵长类动物与人类拥有共同祖先，因此推测其可能携带能感染人的毕氏肠微孢子虫基因型。

海南省作为国际旅游岛，具有独特的地理位置和气候特征，拥有丰富的热带资源，且非人灵长类动物分布广泛。鉴于此，本研究首次对陵水南湾猴岛猕猴体内毕氏肠微孢子虫进行分子检测，确定其感染率和基因型构成，同时评估了毕氏肠微孢子虫在该区域猕猴和人之间互传的可能性。

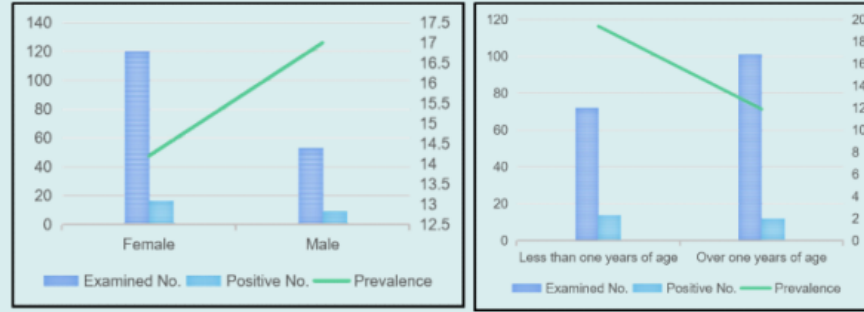
在南湾猴岛共收集猕猴粪便样本173份。通过PCR扩增毕氏肠微孢子虫rRNA基因ITS区确定毕氏肠微孢子虫的感染率，通过序列分析确定毕氏肠微孢子虫的基因型特征，通过系统进化分析评估人兽共患传播风险。结果显示被调查的这些猕猴毕氏肠微孢子虫感染率为15.0%（26/173），且存在6个毕氏肠微孢子虫基因型包括，5个已知的基因型PigEBITS7, D, Type IV, Peru6, Henan-III以及一个新的基因型，将其命名为HNM-IX。系统进化分析显示，所有的6个基因型都分布在具有人兽共患传播可能的1组内。以上结果表明野生猕猴可作为微孢子虫病的潜在流行病学传染源，对环境生态安全产生威胁，具有重要的公共卫生意义。研究结果为热带地区毕氏肠微孢子虫病防控策略的制定提供科学依据，也为我国非人灵长类动物毕氏肠微孢子虫感染分子遗传特征研究提供分子基础。

本文的第一作者是教育部热带病转化医学重点实验室开放课题（2020年度）资助者赵威博士，通讯作者是海南医学院热带转化医学教育部重点实验室吕刚教授和温州医科大学热带病研究所谭峰教授。该文于2021年6月9日在线发表于农林科学二区杂志《BMC Veterinary Research》上（<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34107958/>）。

Fecal sample collection



Prevalence of *E. bieneusi* in *M. mulatta* by age and gender



Distributions of genotypes in *Macaca mulatta* by age and gender

