

# 猪流行性腹泻的研究进展

宋 聪<sup>1</sup> 姚 俊<sup>2\*</sup> 郭荣富<sup>1\*</sup>

1. 云南农业大学动物科技学院 / 云南省动物营养与饲料重点实验室, 昆明 650201;

2. 云南省畜牧兽医科学院 / 云南省热带亚热带动物病毒病重点实验室, 昆明 650224

**摘要** 综述了国内外研究者对猪流行性腹泻病毒的形态结构、流行分布以及其致病机理等方面的研究进展, 以期研究猪流行性腹泻检测方法、研发相关疫苗或筛选抗病毒物质提供参考依据。

**关键词** 猪; 流行性腹泻病毒; 形态结构; 流行分布; 致病机理

猪流行性腹泻是由猪流行性腹泻病毒感染所引起的一种猪肠道疾病, 主要是通过破坏各年龄段猪上皮绒毛细胞而使猪出现呕吐、脱水、腹泻等病理症状, 其中尤以哺乳仔猪最易感染<sup>[1]</sup>。此病传染率高、发病力强、流行性广, 是目前流传于世界范围内的传染性猪病之一<sup>[2]</sup>。本文现就猪流行性腹泻病毒的形态结构、流行分布、致病机理等方面的研究进展做系统的综述, 以期研究流行性腹泻病毒提供参考依据。

## 1 猪流行性腹泻病毒的形态结构

猪流行性腹泻病毒基因组全长大约 28 kb, 转录成亚基因组基因后可以编码几种结构性和非结构性蛋白, 其中主要的蛋白包括小膜蛋白(E 蛋白, 7 kDa)、膜蛋白(M 蛋白, 20 ~ 30 kDa)、纤突糖蛋白(S 蛋白, 150 ~ 220 kDa)、核衣壳蛋白(N 蛋白, 58 kDa)<sup>[3]</sup>。除此之外, 猪流行性腹泻病毒内部的基因组 5' 端还具有 1a 和 1b 两大开放框架(ORFs), 分别编码 pp1a 和 pp1b 这 2 种非结构性蛋白, 而 3' 端则是非翻译区, 末端链接 Poly(A) 序列<sup>[4]</sup>。

## 2 猪流行性腹泻病毒的流行分布

猪流行性腹泻病毒的传染源主要是病猪, 通过粪便污染周围环境传染到消化道而使猪感染, 其易感群体是各个年龄阶段的猪, 其中主要为仔猪<sup>[5]</sup>。

1971 年, 在英国首次发现并报道了猪流行性腹泻<sup>[6]</sup>。1978 年, 比利时和英国首次分离到此种病毒并将其命名为猪流行性腹泻病毒(CV777), 属冠状病毒科<sup>[7]</sup>。自那时起, 猪流行性腹泻多暴发于欧洲。20 世纪 80 ~ 90 年代间, 猪流行性腹泻病在中国、韩国、日本等亚洲国家发现并开始大范围暴发, 导致仔猪(小于 1 周龄)死亡率高达 30% ~ 80%<sup>[8-9]</sup>。直到现在, 猪流行性腹泻仍在亚洲地区横行, 时有暴发。2013 年 5 月, 美国首次发现并确认猪流行性腹泻病毒的感染, 并在 2013-2014 年间迅速蔓延至美国的 33 个州, 甚至古巴、加拿大、墨西哥、哥伦比亚、秘鲁等其他美洲国家也相继报道了猪流行性腹泻疫情。截至到现在, 全球已经有法国、英国、比利时、德国、荷兰、瑞士、俄罗斯(前苏联)、保加利亚、匈牙利、中国、菲律宾、泰国、越南、西班牙、美国、加拿大、古巴、墨西哥、乌克兰、秘鲁、多米尼加共和国等超过 30 个国家和地区发现并确认有猪流行性腹泻病毒的存在<sup>[10-12]</sup>。

## 3 猪流行性腹泻的病理学观察及致病机理

猪感染流行性腹泻后, 肉眼即可观察到病变: 猪萎靡不振, 食欲下降, 出现呕吐腹泻等症状, 严重者甚至死亡; 将猪剖杀后, 会发现肠壁透明、肠道膨胀, 并充满灰黄色内容物, 肠淋巴结水肿、肠系膜充血或出血等情况; 若进行电镜观察, 则可进一步观

收稿日期: 2015-08-13

基金项目: 云南省科技厅重大科技专项(2012ZA017); 云南现代农业生猪产业技术体系(A3007381)

\* 通讯作者

宋 聪, 女, 1989 年生, 硕士研究生, 研究方向: 猪的营养与免疫基础。

察到肠绒毛变短,肠细胞空泡化甚至脱落等<sup>[13]</sup>。这主要是因为猪流行性腹泻病毒经过口鼻感染后,能够直接侵入到小肠,然后迅速在肠绒毛上皮细胞浆中复制,进而导致细胞变性,并使相关酶活性降低,猪肠绒毛萎缩,减少肠道吸收面积(即营养吸收功能发生障碍),临床则表现为猪发生腹泻、脱水等症状,严重时导致死亡<sup>[14]</sup>。

卓秀萍等<sup>[15]</sup>通过人工感染猪流行性腹泻病毒观察了哺乳仔猪的病理变化,经口接种猪流行性腹泻细胞病毒的仔猪先是肠道有轻微炎症或肿胀,然后逐渐开始腹泻或呕吐,肠道开始充血或出血,并伴随着食欲不振、精神萎靡的症状,最后仔猪腹泻、呕吐等症状加剧,粪便恶臭,严重者甚至死亡。这与 SHIBATA 等<sup>[16]</sup>研究结果较为相似,也说明了猪流行性腹泻病毒所引起的病理变化有规律可言。ALVAREZ 等<sup>[17]</sup>研究则发现猪流行性腹泻病毒会削弱猪生长性能并增加死亡率。JUNG 等<sup>[18]</sup>研究表明,美国猪流行性腹泻毒株对猪小肠具有高致病性和急性感染性,其感染的主要部位是空肠和回肠。牛俊超等<sup>[19]</sup>在其综述中也提到,由于病毒能在小肠上进行复制和增殖,所以腹泻脱水是造成感染流行性腹泻病毒的猪死亡的主要原因,这与 WANG 等<sup>[20]</sup>的结论一致。

## 4 小 结

近年来,猪流行性腹泻的发生严重制约了养猪业的发展。虽然国内外研究者对该病毒的结构、流行性病学、致病机理的研究从未停歇,但该病毒对机体的侵入、复制机制以及免疫病理学机制仍待深入揭示。就目前来说,做好饲养管理,保持猪场卫生,接种现有疫苗仍是防病重中之重。相信随着科技的不断进步,疫苗或抗病毒物质终将会被人们筛选并应用起来,猪流行性腹泻的发生也终将减少并得到控制。

## 参 考 文 献

- [1] WANG X M, NIU B B, HE Y, et al. Genetic properties of endemic Chinese porcine epidemic diarrhea virus strains isolated since 2010[J]. Arch Virol, 2013, 158: 2487-2494.
- [2] 何启盖. 猪腹泻病的鉴别诊断与防控措施[J]. 兽医导刊, 2011, (12): 22-24.
- [3] ZHAO P D, BAI J, JIANG P, et al. Development of a multiplex TaqMan probe-based real-time PCR for discrimination of variant and classical porcine epidemic diarrhea virus[J]. Journal of Virological Methods, 2014, 206: 150-155.
- [4] 孙振. 猪流行性腹泻病毒荧光定量 PCR 方法和间接 ELISA 方法的建立与初步应用[D]. 泰安: 山东农业大学图书馆, 2014: 1-58.
- [5] 田建兴. 猪流行性腹泻病毒实时荧光定量 PCR 检测方法的建立及应用[D]. 南京: 南京农业大学图书馆, 2009: 1-59.
- [6] WOOD E N. An apparently new syndrome of porcine epidemic diarrhoea[J]. Archives of Virology, 1977, 100: 243-244.
- [7] PENSART M B, BOUCK P. A new coronavirus-like particle associated with diarrhea in swine[J]. 1978; 58: 243-247.
- [8] TAKAHASHI K, OKADA K, OHSHIMA K. An outbreak of swine diarrhoea of a new type associated with coronavirus-like particles in Japan [J]. The Japanese Journal of Veterinary Science 1983, 45: 829-832.
- [9] KWEON C H, KWON B J, JUNG T S, et al. Isolation of porcine epidemic diarrhea virus infection in Korea. Korean[J]. Journal of Veterinary Research, 1993, 33: 249-254.
- [10] ANASTASIA N, Vlasova, Douglas M, arthaler, Qihong Wang, et al. Distinct Characteristics and Complex Evolution of PEDV Strains, North America, May 2013 February 2014 [J]. Emerging infectious diseases, 2014: 1620-1628.
- [11] STEVENSON G W, HOANG H, SCHWARTZ K J, et al. Emergence of porcine epidemic diarrhea virus in the United States: clinical signs, lesions, and viral genomic sequences [J]. J Vet Diagn Invest, 2013, 25: 649-654.
- [12] 翁善钢. 2014 年国际猪病疫情回顾——猪流行性腹泻在全球的流行与传播[J]. 肉类工业, 2015(2): 49-50.
- [13] DUCATELLE R, COUSSEMENT W, DEBOUCK P, et al. Pathology of experimental CV777 coronavirus enteritis in piglets II Electron microscopic study[J]. Veterinary Pathology Online, 1982, 19(1): 57-66.
- [14] 甘孟侯, 杨汉春. 中国猪病学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2005: 188-190.
- [15] 卓秀萍, 朱玲, 乔小改, 等. 人工感染猪流行性腹泻病毒的哺乳仔猪的病理学观察[J]. 中国兽医科学, 2015, 45(2): 202-207.
- [16] SHIBATA I. Isolation of porcine epidemic diarrhea virus in porcine cell cultures and experimental infection of pigs of different ages [J]. Veterinary Microbiology, 2000, 72: 173-182.
- [17] ALVAREZ J, SARRADELL J, MORRISON R, et al. Impact of porcine epidemic diarrhea on performance of growing pigs [J]. Plos one, 2015, 3: 1-8.
- [18] JUNG K, WANG Q, KELLY A, et al. Pathology of US porcine epidemic diarrhea virus strain PC21A in gnotobiotic pigs [J]. Emerging infectious diseases, 2014: 662-665.
- [19] 牛俊超, 黄复深, 胡佩佩. 猪流行性腹泻研究进展[J]. 动物医学进展, 2014, 35(10): 107-110.
- [20] WANG J B, ZHAO P W, GUO L H, et al. Porcine epidemic diarrhea virus variants with high pathogenicity, China [J]. Emerg Infect Dis, 2013, 19(12): 2048-2049.