· 疾病控制 ·

安徽省脊髓灰质炎病毒VP1编码区基因特征分析

何佳丽，程晓东，汪馨，王斌冰，苏颖，程鹏博，宋菲扬，柴瑜

安徽省疾病预防控制中心，安徽 合肥 230601

摘要：目的　分析安徽省急性弛缓性麻痹（AFP）监测系统和环境污水监测样本分离的脊髓灰质炎（脊灰）病毒（PV）血清型别及VP1编码区基因特征。**方法**　通过2023年安徽省AFP监测系统AFP病例及密切接触者粪便标本和环境污水监测样本分离PV，采用rRT-PCR方法进行PV型内鉴定；扩增并测定VP1编码区核酸序列变异位点和变异数，分析突变热点、神经毒力决定点和抗原决定簇位点变化。基于VP1编码区基因构建PV进化树，分析安徽省PV与国外疫苗衍生PV（VDPV）的遗传关联。**结果**　2023年安徽省共分离35株PV，其中AFP监测系统样本分离10株，环境污水监测样本分离25株。经型内鉴定，Ⅰ型PV 14株、Ⅲ型PV 21株。经VDPV筛查，Ⅰ型VDPV 2株，VP1编码区核苷酸序列变异数10~<150个；其他均为疫苗相似株。Ⅰ型PV nt2747、nt2795位点突变率较高，分别为78.57%和21.43%；3株在减毒位点nt2795位点发生回复性突变；12株在抗原决定簇位点1发生突变。Ⅲ型PV nt3353、nt3346和nt3357位点突变率较高，分别为42.86%、28.57%和28.57%；未发现减毒位点的回复性突变；4株在抗原决定簇位点2发生突变，6株在抗原决定簇位点3发生突变。进化树分析结果显示，分离的2株Ⅰ型VDPV在同一独立主分支上，与其他分离的Ⅰ型PV处于不同分支，与国外监测的Ⅰ型VDPV亲缘关系较远。**结论**　2023年安徽省分离的Ⅰ型和Ⅲ型PV VP1编码区均存在突变热点，减毒位点发生了回复性突变，Ⅰ型VDPV与既往发现Ⅰ型VDPV无遗传关联；建议加强PV监测和序列分析能力，降低VDPV循环风险。

关键词：脊髓灰质炎病毒；疫苗衍生脊髓灰质炎病毒；VP1编码区；序列分析；基因特征

中图分类号：R512.4　　**文献标识码：**A　　**文章编号：**2096-5087（2026）02-0166-05

Genetic characteristics of the VP1 coding region of poliovirus in Anhui Province

HE Jiali, CHENG Xiaodong, WANG Xin, WANG Binbing, SU Ying, CHENG Pengbo, SONG Feiyang, CHAI Yu

Anhui Provincial Center for Disease Control and Prevention, Hefei, Anhui 230601, China

Abstract: Objective　To analyze the serotypes and VP1 coding region genetic characteristics of poliovirus (PV) isolated from Acute Flaccid Paralysis (AFP) Surveillance System and environmental sewage surveillance samples in Anhui Province. **Methods**　PV was isolated from fecal samples of polio cases and their close contacts in the AFP Surveillance System and environmental sewage surveillance samples in Anhui Province in 2023. Intratype identification was performed by rRT-PCR method. The nucleotide sequence variation sites and variation numbers in the VP1 coding region were amplified and determined. The mutation hotspots, neurovirulence determinants, and antigenic determinant site changes were analyzed. A PV phylogenetic tree was constructed based on the VP1 coding region gene, and the genetic association between PV in Anhui Province and other foreign vaccine-derived PV (VDPV) was analyzed. **Results**　A total of 35 PV strains were isolated in Anhui Province in 2023, including 10 strains from AFP Surveillance System samples and 25 strains from environmental sewage surveillance samples. By intratype identification, there were 14 type Ⅰ PV strains and 21 type Ⅲ PV strains. By VDPV screening, there were 2 type Ⅰ VDPV strains, with VP1 coding region nucleotide sequence variation numbers of 10-<150; all others were vaccine-like strains. The mutation rates of nt2747 and

DOI：10.19485/j.cnki.issn2096-5087.2026.02.012

基金项目：安徽省卫生健康科研项目（AHWJ2024Aa20380）

作者简介：何佳丽，硕士，主管技师，主要从事脊髓灰质炎、肠道病毒检测及研究工作

通信作者：柴瑜，E-mail：53499638@qq.com

nt2795 sites in type Ⅰ PV were higher, which were 78.57% and 21.43%, respectively. Three strains had revertant mutations at the attenuated site nt2795. Twelve strains had mutations at antigenic determinant site 1. The mutation rates of nt3353, nt3346, and nt3357 sites in type Ⅲ PV were higher, which were 42.86%, 28.57%, and 28.57%, respectively. No revertant mutations were found at attenuated sites. Four strains had mutations at antigenic determinant site 2, and 6 strains had mutations at antigenic determinant site 3. Phylogenetic tree analysis showed that the isolated 2 type Ⅰ VDPV strains were on the same independent main branch, which was different from other isolated type Ⅰ PV strains, and had a distant genetic relationship with other VDPV monitored abroad. **Conclusions** In 2023, the VP1 coding regions of type Ⅰ and type Ⅲ PV isolated in Anhui Province had mutation hotspots, and revertant mutations occurred at attenuated sites. Type Ⅰ VDPV had no genetic association with previously discovered VDPV. It is recommended to strengthen PV surveillance and sequence analysis capabilities to reduce the risk of circulating VDPV.

Keywords: poliovirus; vaccine-derived poliovirus; VP1 coding region; sequence analysis; genetic characteristics

脊髓灰质炎（脊灰）是由脊灰病毒（poliovirus，PV）引起的急性传染病，可发展为麻痹型脊灰，严重可致儿童永久性伤残。PV 有 3 种血清型，即Ⅰ型、Ⅱ型和Ⅲ型，主要通过粪-口途径传播[1]。自 20 世纪 60 年代全球推行接种脊灰减毒活疫苗以来，脊灰得到有效控制[2]。然而，至今仍有野生 PV（wild poliovirus，WPV）病例的报告，我国 1994 年后未出现过本土 WPV 病例，自 2000 年被认定为无脊灰国家以来，我国无脊灰状态已维持 24 年，急性弛缓性麻痹（acute flaccid paralysis，AFP）监测工作一直维持高灵敏度。目前，环境监测已被世界卫生组织（WHO）纳入根除脊灰的战略计划中，并把环境监测的结果作为特定地区无脊灰传播的指标[3]。

安徽省现行儿童脊灰免疫程序为国家推荐的 2 剂次灭活脊灰疫苗（inactivated poliovirus vaccine，IPV）和 2 剂次口服脊灰减毒活疫苗（oral poliomyelitis attenuated live vaccine，OPV）。OPV 较 IPV 可诱导更好的肠道免疫反应，在消灭脊灰中发挥了重大作用。但 OPV 在人体肠道内复制时可能发生变异，极少部分毒株可产生神经毒力回复突变，引起疫苗相关的脊灰；疫苗衍生 PV（vaccine-derived poliovirus，VDPV）有较高的毒力恢复风险，可在脊灰疫苗接种率较低地区的人群中循环，少部分发生毒力恢复的 VDPV 可能导致麻痹型脊灰，给维持无脊灰状态造成巨大挑战[4]。自 2001 年海地岛等地相继发生 VDPV 循环后，全球脊灰网络实验室开始对 VDPV 进行监测[5]。PV 可随感染者粪便等排出体外并在外环境中存活数周，开展环境污水监测可以更早地发现病毒，可作为 AFP 监测系统的重要补充，使预防控制关口前移[6]。2023 年 5 月底，安徽省脊灰实验室在 AFP 监测系统 1 名健康儿童的粪便标本中分离出 2 株Ⅰ型 VDPV。为评估 VDPV 循环风险，本文分析 2023 年安徽省 AFP 监测系统和环境污水监测样本，了解 PV 分离株 VP1 编码区基因特征，现报道如下。

1　材料与方法

1.1　病毒与细胞来源

PV 来源于安徽省 AFP 监测系统 AFP 病例及密切接触者粪便样本和环境污水监测样本。横纹肌肉瘤细胞（human rhabdomyosarcoma，RD）和表达 PV CD155 受体的小鼠肺细胞 L20B 均为中国疾病预防控制中心病毒病预防控制所脊灰实验室提供。RD 细胞总代次在 245 代以内（本实验室传代在 15 代以内），L20B 细胞总代次在 35 代以内（本实验室传代在 15 代以内）。

1.2　主要试剂与仪器

型内鉴定（intratypic differentiation，ITD）试剂盒（内含 VDPV 筛查试剂盒）由中国疾病预防控制中心病毒病预防控制所脊灰实验室提供（美国疾病预防控制中心研发）。病毒核酸提取试剂盒购自天隆科技有限公司。ABI 7500 荧光定量 PCR 仪购自美国赛默飞公司。SuperScript® Ⅲ One-Step RT-PCR System with Platinum® Taq 试剂盒购自 Invitrogen 公司。

1.3　方法

1.3.1　粪便样本病毒分离

依据 WHO《脊髓灰质炎病毒检验手册》（2004 年第四版）和 WS 294—2016《脊髓灰质炎诊断》（附录 B.2 病毒的分离）方法分离 PV，在 50 mL 离心管中加入 1 g 玻璃珠、10 mL 磷酸盐缓冲溶液和 1 mL 氯仿，取 2 g 粪便样本，机械振荡器剧烈振荡 20 min。振荡结束后使用 4 ℃冷冻离心机 1 500 ×g 离心 20 min，取上清液分别接种至 RD 细胞和 L20B 细胞，每管细胞接种 0.2 mL。

1.3.2　污水样本浓缩和病毒分离

取环境污水样本 1 000 mL，4 ℃ 1 000 ×g 离心

30 min，取上清液加入 $MgCl_2$ 溶液至终浓度约 0.05 mol/L，调整 pH 值至 3.5；使用 0.45 μm 混合纤维素酯膜过滤富集病毒，剪碎滤膜，放入装有 10 mL 3% 牛肉浸出液的 50 mL 离心管中，振荡洗脱；吸出洗脱液后再加入 3% 牛肉浸出液，重复洗脱 1 次。病毒洗脱液用 0.22 μm 针式滤器过滤后，按首次洗脱液 5 孔、二次洗脱液 3 孔分别接种至 RD 细胞和 L20B 细胞，参照 WS 294—2016《脊髓灰质炎诊断》分离 PV。

1.3.3　型内鉴定及 VP1 编码区核酸序列测定

L20B 阳性分离物使用核酸提取试剂盒提取病毒核酸，采用 rRT-PCR 方法，使用 ITD 试剂盒和 VDPV 筛查试剂盒进行 PV 型内鉴定和 VDPV 筛查；使用 RT-PCR 试剂盒扩增 VP1 编码区，扩增产物送至武汉天一辉远生物科技有限公司进行 VP1 编码区核苷酸序列测定。测定 VP1 编码区核酸序列变异位点和变异数，分析突变热点、神经毒力决定点和抗原决定簇位点变化。与同一型别的 Sabin 株相比，Ⅰ型和Ⅲ型 PV VP1 编码区核苷酸序列变异率>1%~<15% 的病毒株定义为 VDPV，即变异数 10~<150 个；变异率≤1% 定义为疫苗相似株，即变异数<10 个，其中变异率>0.6~≤1% 为脊灰疫苗高变异株（变异数 6~9 个）。VP1 编码区核苷酸变异率（%）=（分离毒株的 VP1 编码区核苷酸变异数/Sabin 株 VP1 编码区核苷酸序列数）×100%。

1.4　统计分析

采用 BioEdit 5.0.9 软件分析测序结果，查找统计分离的 PV VP1 编码区核苷酸变异位点和变异数。采用 MEGA5.0 软件的邻接法，取自展值 1 000，基于 VP1 编码区基因，使用分离的Ⅰ型 PV 与参考文献［7］报道的Ⅰ型 VDPV 构建 PV 进化树。

2　结　果

2.1　病毒分离、鉴定和 VP1 编码区核酸序列分析

2023 年安徽省共分离 35 株 PV，其中 AFP 监测系统样本分离 10 株，环境污水样本分离 25 株。经 ITD 鉴定，Ⅰ型 PV 14 株、Ⅲ型 PV 21 株。经 VDPV 筛查，Ⅰ型 VDPV 2 株，VP1 编码区核苷酸序列变异数 10~<150 个，分别为 2023MYKJH01-1 和 2023MYKJH01-2，变异率分别为 1.43%（13/906）和 1.32%（12/906）；脊灰疫苗高变异株Ⅰ型和Ⅲ型各 1 株，VP1 编码区核苷酸序列变异数 6~9 个，分别为 2023MYKAFP186-2 和 2023MYKJH01-4；VP1 编码区核苷酸序列变异数≤5 个 31 株，其中Ⅰ型 11 株、Ⅲ型 20 株，均为疫苗相似株。见表 1 和表 2。

表 1　2023 年安徽省 PV 来源和监别

Table 1　Information on the source and type of poliovirus in Anhui Province in 2023

样本编号	样本来源	采样时间	病毒分离完成时间	型别
2023MYKAFP186-1	六安市AFP病例	2023-09-06	2023-09-25	Ⅰ型
2023MYKAFP186-2	六安市AFP病例	2023-09-08	2023-09-25	Ⅰ型
2023MYKJH01-1	宿州市VDPV携带者	2023-05-16	2023-05-29	Ⅰ型
2023MYKJH01-2	宿州市VDPV携带者	2023-05-17	2023-05-29	Ⅰ型
202309BZ-R2	亳州市污水处理厂	2023-09-05	2023-09-14	Ⅰ型
202311BZ-R1	亳州市污水处理厂	2023-11-06	2023-11-15	Ⅰ型
202311HS-L3	黄山市污水处理厂	2023-11-21	2023-11-30	Ⅰ型
202311HS-L5	黄山市污水处理厂	2023-11-21	2023-11-30	Ⅰ型
202311HS-R2	黄山市污水处理厂	2023-11-21	2023-11-30	Ⅰ型
202311HS-R6	黄山市污水处理厂	2023-11-21	2023-11-30	Ⅰ型
202311HS-R7	黄山市污水处理厂	2023-11-21	2023-11-30	Ⅰ型
202311SZ-R4	宿州市萧县污水处理厂	2023-11-06	2023-11-15	Ⅰ型
202312HS-L7	黄山市污水处理厂	2023-12-21	2023-12-30	Ⅰ型
202312HS-R5	黄山市污水处理厂	2023-12-21	2023-12-30	Ⅰ型
2023MYKAFP186-1	六安市AFP病例	2023-09-06	2023-09-25	Ⅲ型
2023MYKAFP186-2	六安市AFP病例	2023-09-08	2023-09-25	Ⅲ型
2023MYKJH01-1	宿州市VDPV携带者	2023-05-16	2023-05-29	Ⅲ型
2023MYKJH01-2	宿州市VDPV携带者	2023-05-17	2023-05-29	Ⅲ型
2023MYKJH01-4	宿州市VDPV携带者	2023-06-03	2023-06-15	Ⅲ型
2023MYKJH01-5	宿州市VDPV携带者	2023-06-09	2023-06-21	Ⅲ型

表1（续） Table 1 (continued)

样本编号	样本来源	采样时间	病毒分离完成时间	型别
202308HS-R1	黄山市污水处理厂	2023-08-22	2023-08-31	Ⅲ型
202308HS-R4	黄山市污水处理厂	2023-08-22	2023-08-31	Ⅲ型
202308HS-R5	黄山市污水处理厂	2023-08-22	2023-08-31	Ⅲ型
202308HS-R8	黄山市污水处理厂	2023-08-22	2023-08-31	Ⅲ型
202310BB-R1	蚌埠市怀远县污水处理厂	2023-10-19	2023-10-31	Ⅲ型
202310BB-R3	蚌埠市怀远县污水处理厂	2023-10-19	2023-10-31	Ⅲ型
202310BB-R4	蚌埠市怀远县污水处理厂	2023-10-19	2023-10-31	Ⅲ型
202310BB-R5	蚌埠市怀远县污水处理厂	2023-10-19	2023-10-31	Ⅲ型
202310BB-R6	蚌埠市怀远县污水处理厂	2023-10-19	2023-10-31	Ⅲ型
202310BB-R8	蚌埠市怀远县污水处理厂	2023-10-19	2023-10-31	Ⅲ型
202312BZ-L4	亳州市污水处理厂	2023-12-04	2023-12-13	Ⅲ型
202312BZ-R2	亳州市污水处理厂	2023-12-04	2023-12-13	Ⅲ型
202312BZ-R4	亳州市污水处理厂	2023-12-04	2023-12-13	Ⅲ型
202312BZ-R5	亳州市污水处理厂	2023-12-04	2023-12-13	Ⅲ型
202312HS-L3	黄山市污水处理厂	2023-12-21	2024-01-02	Ⅲ型

表2 Ⅰ型、Ⅲ型PV VP1编码区核苷酸序列变异数

Table 2 The number of nucleotide sequence variations in the coding region of PV VP1 for type Ⅰ and type Ⅲ

来源	Ⅰ型			Ⅲ型		
	≤5	6~9	10~<150	≤5	6~9	10~<150
AFP病例	1	1	2	5	1	0
环境污水	10	0	0	15	0	0
合计	11	1	2	20	1	0

2.2 VP1编码区突变热点分析

Ⅰ型PV中，11株在nt2747位点发生基因突变（2株为VDPV毒株），突变率为78.57%，突变形式均为A→T，同时导致错义突变，氨基酸由异亮氨酸变为亮氨酸；3株在nt2795位点发生基因突变（2株为VDPV毒株），突变率为21.43%，突变形式均为A→G，氨基酸由苏氨酸变为丙氨酸。Ⅲ型PV中，9株在nt3353位点发生基因突变，突变率为42.86%，突变形式均为T→C，氨基酸由丝氨酸变为脯氨酸；6株在nt3346位点发生基因突变，突变率为28.57%，突变形式均为C→A，氨基酸由天冬氨酸变为谷氨酸；6株在nt3357位点发生基因突变，突变率为28.57%，突变形式均为A→G，氨基酸由谷氨酸变为甘氨酸。

2.3 VP1编码区神经毒力决定点变化

Ⅰ型PV VP1区有2个减毒位点，分别为nt2749和nt2795位点[8-9]。3株在nt2795位点发生回复性突变，毒株均分离自AFP监测系统，为2株VDPV毒株（2023MYKJH01-1、2023MYKJH01-2）和1株脊灰疫苗高变异株（2023MYKAFP186-2）。Ⅲ型PV的减毒位点位于nt2493[8, 10]，21株Ⅲ型PV均未发现该位点的回复性突变。

2.4 VP1编码区抗原决定簇位点变化

Ⅰ型PV在抗原决定簇位点1发生变化12株，其中11株变化位点为第90位氨基酸位点，由异亮氨酸变为亮氨酸；1株为第106位氨基酸位点，由苏氨酸变为丙氨酸。Ⅲ型PV在抗原决定簇位点2发生变化4株，主要变化位点为第222位氨基酸位点，由谷氨酰胺变为精氨酸；在抗原决定簇位点3发生变化6株，主要变化位点为第290位氨基酸位点，由天冬氨酸变为谷氨酸。

2.5 进化树分析

进化树分析结果显示，分离的Ⅰ型VDPV（2023MYKJH01-1、2023MYKJH01-2）在同一独立主分支上，与其他分离的Ⅰ型PV处于不同分支，与国外监测的Ⅰ型VDPV[7]基因亲缘关系较远；分离的2株Ⅰ型PV（2023MYKAFP186-1、2023MYKAFP186-2）在同一独立主分支上，其他10株与Ⅰ型Sabin株（疫苗株）处于同一独立主分支上。分离的Ⅲ型PV中，2023MYKJH01-4和2023MYKJH01-5在同一独立主分支上，其他19株在同一独立主分支上。

3 讨 论

AFP病例监测是监测PV感染的常规手段，环境污水PV监测可于发现PV感染病例前监测到PV，是AFP病例监测的有效补充。安徽省自2023年6月起开始对当年VDPV发现地宿州市萧县开展环境

污水 PV 监测，后又对蚌埠市怀远县、亳州市谯城区和黄山市屯溪区开展环境污水 PV 监测。2023 年安徽省脊灰实验室共分离到 PV 35 株，AFP 监测系统样本分离出 10 株，其中Ⅰ型 4 株（2 株为 VDPV），Ⅲ型 6 株；环境污水样本分离出 25 株，其中Ⅰ型 10 株、Ⅲ型 15 株。

编码衣壳蛋白的 P1 区可能是 PV 病毒全基因组中重要突变区域，但基因组内核苷酸变异并非随机分布，有些特定位点的突变率明显高于平均数，被称为突变热点[11]。本文有 11 株Ⅰ型 PV 在 nt2747 位点发生突变，突变率达 78.57%，nt2795 位点突变率为 21.43%；Ⅲ型毒株中 nt3353、nt3346 和 nt3357 位点的突变率分别为 42.86%、28.57% 和 28.57%，这些突变热点均导致了所编码的氨基酸改变。部分为相同性质氨基酸之间的相互转换，如Ⅰ型 PV 中 nt2747 位点突变导致疏水性氨基酸之间相互转换，由异亮氨酸变为亮氨酸；也有不同性质的氨基酸相互转换，如 nt2795 位点突变导致由极性中性苏氨酸变为非极性疏水性丙氨酸。极性氨基酸和非极性氨基酸相互转换可能会促进病毒进入易感细胞，对 PV 的生物学特性产生一定的影响[9]。突变热点的出现可能与受到较高的免疫选择压力有关，也可能与此处 RNA 或蛋白质结构有关[9]。

OPV 的制造过程经过了严格的减毒工艺，基因组中单个基因的突变可能与神经毒力的恢复和减毒作用密切相关[12]。在分离到的 14 株Ⅰ型 PV 中，有 3 株在 VP1 编码区重要减毒位点 nt2795 发生回复性突变，2 株为 VDPV。此类毒株可能导致麻痹风险增高，为维持无脊灰状态带来一定风险[11]。Ⅰ型 PV 有 12 株在抗原决定簇位点 1 发生变化；Ⅲ型 PV 有 4 株在抗原决定簇位点 2 发生变化，6 株在抗原决定簇位点 3 发生变化。抗原决定簇位点变异可能带来一系列毒力变化，导致感染者麻痹风险增加，从而增加 AFP 发生风险[12]。

环境监测可先于 AFP 监测检出 PV，是 AFP 监测的重要补充，当发生 VDPV 事件时可结合当地环境监测结果分析，使 VDPV 事件的研判和处置更加迅速、高效[13]。建议在维持 AFP 监测系统敏感性的同时，积极开展环境污水 PV 监测工作。2023 年安徽省脊灰实验室从环境污水中共分离出 PV 25 株，均为疫苗相似株。分离出的 2 株 VDPV 与其他 33 株分离的 PV 无直接遗传关联，与既往发现的 VDPV 也无遗传关联，为新发现的 VDPV。提示可能出现起源于本地的 VDPV 循环风险，建议进一步加强监测，提高 VDPV 早期预警能力，为及时发现 VDPV、维持无脊灰状态提供实验室证据。

参考文献

[1] 何佳丽，王斌冰，汪馨，等 . 安徽省 2023 年Ⅰ型疫苗衍生脊髓灰质炎病毒鉴定及其传播风险评估［J］. 安徽预防医学杂志，2024，30（1）：43-46，78.

[2] 唐海淑，李晓嫘，凯塞尔·吾斯曼，等 .2018 年新疆维吾尔自治区外环境污水中分离到 1 株Ⅱ型疫苗衍生脊髓灰质炎病毒［J］. 中国疫苗和免疫，2019，25（4）：368-372.

[3] LI J L，RODEWALD L E，ZHANG W，et al.Investigation and response to a type 3 vaccine-derived poliovirus detected in an infant with hand，foot，and mouth disease-Guangdong，China，2023［J/OL］.J Health Popul Nutr，2025，44（1）［2026-01-21］. https://doi.org/10.1186/s41043-025-00911-5.

[4] 陈美钟，张薇，黄淑芬，等 . 广东省 1 例原发性免疫缺陷患者排出的Ⅱ型疫苗衍生脊髓灰质炎病毒分子病毒学特征［J］. 中国疫苗和免疫，2022，28（3）：263-267.

[5] 任丽萍，朱晖，邵玉平，等 . 辽宁省首株Ⅱ型疫苗衍生脊髓灰质炎病毒的鉴定及对中国维持无脊髓灰质炎的挑战［J］. 中国疫苗和免疫，2019，25（2）：131-135.

[6] 汤晶晶，张杰，张筱碟，等 .2021 年云南省环境污水中检出 1 株疫苗衍生脊髓灰质炎病毒［J］. 病毒学报，2022，38（6）：1289-1296.

[7] RAHARINANTOANINA J，JOFFRET M L，BESSAUD M，et al. Wide circulation of type 1 vaccine-derived poliovirus strains in clinical specimens from suspected cases of poliomyelitis，their contacts and in wastewater in Madagascar since late 2020［J/OL］. Virology，2024，600［2026-01-21］.https://doi.org/10.1016/j.virol.2024.110253.

[8] ZHANG M Y，YANG J H，BAI Y R，et al.Epidemiological survey and genetic characterization of type 3 vaccine-derived poliovirus isolated from a patient with four doses of inactivated polio vaccine in Henan Province，China［J/OL］. Infect Dis Poverty，2022，11（1）［2026-01-21］. https://doi.org/10.1186/s40249-022-01028-1.

[9] 安军静，朱晖，严冬梅，等 . 中国 2009 年Ⅰ型脊髓灰质炎病毒基因特征分析［J］. 中国疫苗和免疫，2010，16（2）：115-121.

[10] 张波，严冬梅，祝双利，等 . 中国 2011 年Ⅲ型脊髓灰质炎病毒基因特征分析［J］. 中国疫苗和免疫，2015，21（1）：19-23，54.

[11] LIU Y H，MA T F，LIU J Z，et al.Bioinformatics analysis and genetic diversity of the poliovirus［J］.J Med Microbiol，2014，63（Pt 12）：1724-1731.

[12] 张波，严冬梅，祝双利，等 . 中国 2011 年Ⅲ型脊髓灰质炎病毒基因特征分析［J］. 中国疫苗和免疫，2015，21（1）：19-23，54.

[13] 张明瑜，杨建辉，路环环，等 .2018 年河南省肠道病毒环境监测结果分析［J］. 病毒学报，2021，37（5）：1112-1118.

收稿日期：2025-09-23　**修回日期**：2026-01-21　**本文编辑**：高碧玲