

DOI:10.13350/j.cjpb.220421

• “一带一路”专题研究 •

越南重要蚊虫传播病毒性传染病研究进展*

和吉敏¹, 郭晓芳^{1,2**}

(1. 昆明医科大学公共卫生学院, 云南昆明 650500; 2. 云南省寄生虫病防治所, 云南省虫媒传染病防控重点实验室, 云南省虫媒传染病防控关键技术创新团队)

【摘要】 蚊媒病毒性传染病是由虫媒病毒感染引起的人畜共患传染病, 主要流行于热带地区, 疾病负担严重。越南是一个热带国家, 登革热等蚊媒传染病呈地方性流行。随着中越边境贸易及旅游业的发展, 在中越边境地区蚊媒传染病有输入并引起本地暴发的风险。本文就越南重要蚊虫传播病毒性传染病流行状况进行综述, 为中越边境地区蚊媒传染病防控提供参考。

【关键词】 越南; 蚊传病毒; 登革病毒; 综述

【中图分类号】 R384.1

【文献标识码】 A

【文章编号】 1673-5234(2022)04-0471-04

[*Journal of Pathogen Biology*. 2022 Apr;17(4):471-474.]

Progress of important arboviral infectious diseases transmitted by mosquitoes in Vietnam

He Ji-min¹, Guo Xiao-fang^{1,2} (1. School of public health, Kunming Medical University, Kunming 650500, China; 2. Yunnan Provincial Key Laboratory of Vector-borne Infectious Diseases Control and Research & Yunnan Innovative Team of Key Techniques for Vector Borne Disease Control and Prevention of Yunnan Institute of Parasitic Diseases)

【Abstract】 Mosquito borne viral infectious diseases are zoonotic infectious diseases caused by arbovirus infection. They are mainly prevalent in tropical areas and have a serious disease burden. Vietnam is a tropical country where mosquito-borne diseases such as dengue fever are endemic. With the development of trade and tourism in the border areas of China and Vietnam, there is a risk of importation of mosquito-borne diseases and local outbreaks in the border areas of China and Vietnam. This paper summarized the epidemic situation of mosquito-borne virus diseases in Vietnam and reviewed their progress, providing the reference basis for important mosquito-borne infectious diseases control and research in the border areas between China and Vietnam.

【Key words】 Vietnam; mosquito-borne virus; dengue virus; review

***蚊类携带多种虫媒病毒并能通过叮咬人畜吸血传播多种病毒性传染病, 严重威胁人类的健康和生命, 如登革热(Dengue fever, DF)、流行性乙型脑炎(Epidemic encephalitis B, JE)、寨卡病毒病(Zika virus disease, ZVD)和基孔肯雅热(Chikungunya fever, CHIKF)^[1-4]。越南位于中南半岛东部, 北与我国广西和云南接壤, 属热带季风季候, 高温多雨, 年平均气温 24℃左右, 年平均降雨量 1500~2000 mm, 其自然环境和气候适合蚊虫媒介的生长繁殖^[5], 致使上述重要蚊虫传播疾病流行严重。如 DF 属越南最常见的蚊媒传染病之一, 由于城市化快速发展和有利的气候条件, DF 主要集中在河内、芽庄和胡志明市等人口密度高的中心城市; JE 可通过疫苗方式进行控制, 但由于 JE 中间宿主养猪业快速发展, 目前在越南仍呈散在传播; ZVD, 属越南新发传染病, 2016-2017 年, 该疾病曾在胡志明市暴发^[6]。Nguyen 等^[7]从人群和蚊虫中分离到基孔肯雅病毒(Chikungunya Virus, CHIKV), 并发现南部和中部白纹伊蚊对 CHIKV 易感性较高, 较容易发生 CHIKF 暴发。本文就越南已发现的黄病毒科、披膜病毒科、呼肠孤病毒科、泛布尼亚病毒科和 Mesoniviridae 病毒科等重要蚊虫病毒性传染病流行状况及研究进展进行综述, 为中越边境地区虫媒传染病防控及虫媒病毒研究提供参考。

1 黄病毒科(Flaviviridae)

1.1 登革病毒(Dengue virus, DENV) DENV 属黄病毒科黄病毒属, 人感染 DENV 后可引起 DF 和登革出血热(Dengue haemorrhagic fever, DHF)或登革休克综合征(Dengue shock syndrome, DSS)。以往研究发现, DENV 分为 4 种血清型(DENV-1、DENV-2、DENV-3 和 DENV-4), 同个人可被上述 4 种 DENV 同时或先后感染, 一旦被某种 DENV 血清型感染康复后, 能对该 DENV 产生终生免疫, 若再次感染其他 DENV 血清型, 将会出现抗体依赖性增强作用(ADE), 从而增加重症登革热或死亡风险的几率^[8]。在越南, 1959 年河内和海防首次发现 DHF 病例, 1960 年 Dinh Tuong 省也报道 DHF 病例, 1963 年湄公河三角洲地区出现 DHF 暴发, 随后 DHF 成为越南主要传染病之一^[9-10]。1963-1995 年, 共报告 DHF 1 518 808 例, 死亡 14 133 例^[11-12]; 1996-2003 年 DF 发病较高, 年均发病数 77 057 例, 死亡 141 例, 病例主要集中在南部和中心海岸地区^[10]。1998 年 DF 暴发疫情波及越南 57 个省, 感染人数 234 920 人,

* **【基金项目】** 国家自然科学基金项目(No. 81560548)。

** **【通讯作者】** 郭晓芳, E-mail: yipdgxf@163.com

【作者简介】 和吉敏(1996-), 女, 云南怒江人, 在读硕士, 主要研究方向: 虫媒病毒性疾病流行病学。

E-mail: 2205241577@qq.com

死亡 377 人^[13]; 2001-2010 年, 19 个省共报告病例 592 938 例^[14]; 2015 年之后 DF 病例逐年上升, 可能与近年来越南城市化和社会经济快速发展, 引起流动人口频繁、伊蚊孳生环境扩大等因素有关(图 1)。

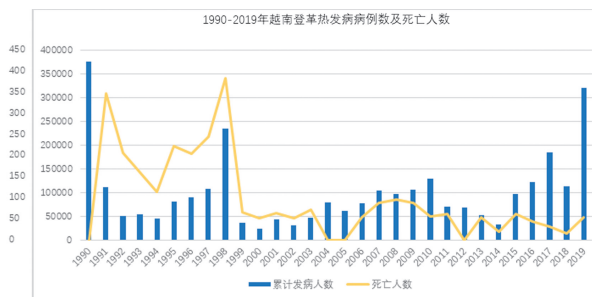


图 1 1990-2019 年越南登革热病例数及死亡人数
(数据来源于 WHO 登革热数据报告)

Fig. 1 Number of dengue cases and deaths in Vietnam from 1990 to 2019 (Data from the World Health Organization Dengue fever Report)

以往 DENV 血清型研究结果显示, 1987-2008 年 4 种 DENV 血清型均有流行; 其中, DENV-1 主要出现在 1990-1995 年和 2006-2008 年; DENV-2 主要发生在 1987、1996 和 2003-2006 年; DENV-3, 1987 年首次在胡志明市发现, 1998 年成为主要 DENV 血清型, 其它年份报道较少; DENV-4, 1987 年首次检测发现, 1990-1992 年和 1997-2002 年流行较为普遍^[15-18]。此外, 2008-2016 年自越南输入台湾的 DENV 病例监测结果显示, 4 种 DENV 血清型均有发现, 其中 DENV-1 和 DENV-2 较高, 但 2017 年 DENV-1 属于优势 DENV 血清型^[19-21]。

对于 DENV 基因型情况, DENV-1, 2003-2016 年主要发现 G I 型和 G III 型 2 种基因型, 其中 2011-2016 年以 G I 型为主^[20, 22]; DENV-2, 1995-2009 年共发现全球基因型 (Cosmopolitan)、亚洲/美洲基因型 (Asian/American) 和亚洲 I 型 (Asian I) 3 种基因型, 其中亚洲 I 型基因型最早出现在越南南部 1990s 末, 2003-2007 年成为主要基因型, 但 2011-2016 年, 亚洲/美洲基因型和全球基因型两种基因型同时流行^[17, 20]; DENV-3, 2008-2016 年报道 G II 基因型和 G III 基因型, 其中基因型 G III 型 2013 年首次报道, 并引起越南沿海岛屿卡特巴岛一渔村 DF 爆发疫情^[19-20, 23-24]; DENV-4, 2008-2016 年在越南仅发现 G I 型, 且为 2013 年越南中部地区 DF 爆发疫情优势基因型^[20, 25]。

1.2 寨卡病毒 (zika virus, ZIKV) ZIKV 属黄病毒科 (Flaviviridae) 黄病毒属 (Flavivirus), 具有东非型 (MR766 原型集群)、西非型 (尼日利亚集群)、亚洲型 3 种基因型^[26-27]。在越南, 1954 年最早从北部 50 份成人血清中检测发现 1 份 ZIKV 中和抗体阳性样本^[28]; 2013 年, 采用 RT-PCR 法在胡志明市和南部地区龙安省郊区两名儿童样本中检测到 ZIKV, 均为亚洲基因型, 与 2013 年末法属波利尼西亚的 ZIKV 系统进化关系较近^[29]。2016 年, 在越南芽庄市、胡志明市等 11 个省 (市) 中共发现 212 例寨卡感染病例, 目前越南 ZIKV 病例主要集中在中部、中部高地和南部地区的城市和半城市化地区^[30-31]。

1.3 乙型脑炎病毒 (Japanese encephalitis virus, JEV) 流行性乙型脑炎 (简称乙脑) 又称日本脑炎 (Japanese encephalitis, JE), 是由黄病毒科黄病毒属的 JEV 引起, 经媒介蚊虫叮咬传播引起

中枢神经系统损伤的急性传染病, 主要流行于亚洲和西太平洋地区, 目前共发现 G I-V 5 个基因型^[32]。在越南, 1951 年 JEV 首次分离成为越南一个重要公共卫生问题^[33], 并主要分布在沿湄公河和红河三角洲流域, 1998-2007 年发病率呈下降趋势, 年均发病率为 2.4 例/10 万人口, 病死率 3.8%, 病例主要发生在 5-7 月^[34]。对于 JEV 基因型, G III 毒株 1964 年首次从患者中分离, 1979 年从蚊虫中发现。G I 分别在 1990 年和 1994 年从患者和蚊虫中分离。此外, 1964-2011 年越南北部 JEV E 基因分子流行病学研究发现, G III 逐渐被 G I 取代^[35]。如 2006 年在越南北部海防省, 2008 年在南部泰宁省采集的三带喙库蚊 (*Cx. tritaeniorhynchus*) 和 2007 年在昆嵩省采集的杂鳞库蚊 (*Cx. vishnui*) 中共分离出 5 株 JEV, 均为 G I 基因型^[36]。

1.4 广平病毒 (Quang Binh virus, QBV) 2002 年首次从越南中部广平省采集的三带喙库蚊中分离发现, 属黄病毒属, 基因组全长为 10865nt, 包含一个 10080nt 的开放阅读框 (ORF), 编码 3359 个氨基酸, 其基因组 5' 端和 3' 端非编码区长分别为 112 和 673 nt, 与库蚊黄病毒 (*Culex flavivirus, CxFV*) 进化关系最近^[37]。

2 披膜病毒科 (Togaviridae)

2.1 基孔肯雅病毒 (Chikungunya Virus, CHIKV) 该病毒属披膜病毒科 (Togaviridae) 的甲病毒属 (Alphavirus), 目前共发现亚洲、西非、东/中/南非 (ECSA) 和印度洋 4 种基因型^[38]。在越南, 早在 1963 年在南部湄公河三角洲地区暴发了儿童出血热疾病, 并从胡志明市健康儿童 75 份血清样本检测到 22 份 CHIKV HI 抗体^[2]; 1966 年, 从南部 10 名美国士兵中检测发现感染了 CHIKV^[39]; 2010-2011 年, 在越南南部 My Tho 市检测的 32 名发热儿童中, 发现 CHIKV IgM 抗体阳性 19 例^[2]。2012-2014 年采用 RT-PCR 法从多农省 (Dac Nong) 和隆安省 (Long An) 2 只埃及伊蚊成蚊中检测发现 CHIKV^[40]。

2.2 盖塔病毒 (Getah virus, GETV) GETV 属披膜病毒科 (Togaviridae) 甲病毒属 (Alphavirus), RNA 基因组全长为 11598nt, 1955 年在马来西亚橡胶林捕获的白雪库蚊 (*Cx. gelidus*) 中分离到^[41]。在越南, 2002-2004 年从北部下泰省、北江省、河内省和南下省采集的白雪库蚊、三带喙库蚊 (*Cx. tritaeniorhynchus*)、杂鳞库蚊 (*Cx. vishnui*)、迷走按蚊 (*An. vagus*)、中华按蚊 (*An. sinensis*)、多环曼蚊 (*Ma. annulifera*) 和骚扰阿蚊 (*Ar. subalbatus*) 等蚊虫中, 分离出 26 株 GETV^[42]。

2.3 Me Tri virus (MTV) 该病毒是 1971 年 9 月从越南河内杜列姆区 MeTri 村采集的三带喙库蚊中分离出的一种甲病毒种类^[43]。2008 年, 经全基因组序列分析进一步证实了 MTV 属甲型病毒属塞姆利基森林病毒 (Semliki forest virus, SFV) 复合体的一个变种^[44]。随后采用标准血凝抑制试验对越南牛、猪、马、猕猴及其人检测, 均发现 MTV 抗体阳性, 提示该病毒可能感染人类^[43]。

3 呼肠孤病毒科 (Reoviridae)

3.1 版纳病毒 (Banna virus, BAV) BAV 属呼肠孤病毒科东南亚 12 节段 RNA 病毒属 (Seadornavirus), 病毒的基因组由 12 个节段的双链 (dsRNA) 组成, 全长约为 21000nt^[45]。BAV 最初于 1987 年从中国云南一名脑炎患者中分离, 迄今为止, 已经从三带喙库蚊 (*Cx. tritaeniorhynchus*)、淡色库蚊 (*Cx. pipiens pallens*)、环带库蚊 (*Cx. modestus*)、伪杂鳞库蚊 (*Cx. pseudov-*

ishnui)、凶小库蚊(*Cx. annulus*)、中华按蚊(*An. sinensis*)、迷走伊蚊(*Ae. vagus*)、白纹伊蚊(*Ae. albopictus*)、刺扰伊蚊(*Ae. vexans*)和背点伊蚊(*Ae. dorsalis*)等蚊虫中分离出该病毒^[46]。在越南,2002年,从越南北部河台和越南中部广平省的环带库蚊和三带喙库蚊中分离到5株BAV,其中两株BAV与中国BAV毒株Banna、YN-6和BJ95-75同处在一个进化分支,目前未有证据证实该病毒在人间传播^[47]。

3.2 Sathuvachai virus (SVIV) 该病毒是由越南西贡美国陆军实验室于1966年从未知蚊虫中分离发现的呼肠孤病毒科环状病毒属病毒,具10个节段的双链RNA病毒,经蚊C6/36细胞和脊椎动物(Vero或BHK)细胞中产生CPE,也能经接种到新生小鼠致病^[48]。

4 泛布尼亚病毒科(Peribunyaviridae)

4.1 Oya 病毒(Oya virus, OYAV) OYAV属于泛布尼亚病毒科正布尼亚病毒属(Orthobunyavirus)的球形包膜RNA病毒,直径79nm,基因组由L、M、S等3个RNA片段组成,其宿主主要为猪,人和鸟也可感染病毒,媒介为蚊虫和蠓虫^[49-51]。研究发现,该病毒在哺乳动物细胞和鸡胚胎成纤维细胞原代培养中均能产生明显细胞病变^[52];也可在C6/36细胞中复制,但无明显的细胞病变^[53]。在越南,2002-2004年从北部三带喙库蚊、杂鳞库蚊、白雪库蚊、中华按蚊、迷走按蚊、印第安纳曼蚊(*Ma. indiana*)中分离出13株OYAV^[42]。

4.2 阿卡斑病毒(Akabane virus, AKV) AKV属泛布尼亚病毒科正布尼亚病毒属(Orthobunyavirus)病毒,为单股负链RNA病毒,基因组由三个RNA片段(L、M、S)构成,1959年首次从日本群马县阿卡斑村蚊虫中分离发现^[54]。在越南,2002年从北部的三带喙库蚊、杂鳞库蚊、迷走按蚊和骚扰蚊中分离到4株AKV^[42]。

5 Mesoniviridae 病毒科

5.1 南定病毒(Nam Dinh virus, NDiV) 2002年从越南Ha Tay省和Quang Binh省的杂鳞库蚊和三带喙库蚊中分离到4株NDiV^[55]。该病毒属于套式病毒目Mesoniviridae病毒科Alphamesonivirus病毒属病毒,为单链RNA(+ssRNA)病毒,外形近似球形,有包膜,直径为60-80nm^[56]。

5.2 达克农病毒(Dak Nong virus, DKNV) 2007年从越南高地的达克农省(Dak Nong Province)捕获的三带喙库蚊中分离到了一株新病毒株,属于套式病毒目Mesoniviridae病毒科Alphamesonivirus病毒属,研究发现DKNV不能在脊椎动物细胞系如Vero细胞、BHK-21细胞、HmLu-1细胞和CCL-141细胞中复制^[57]。

6 结语

越南北部与我国云南、广西接壤,自然环境与云南较为相似,近年来也先后从云南人群或蚊虫中检测发现DENV、ZIKV、JEV、CHIKV、GETV、BAV、Oya病毒、AKV、QBV、NDiV等病毒,近年来也证实JEV、DENV和CHIKV在云南边境地区发生暴发疫情,提示今后应进一步加强中越边境地区上述重要虫媒传染病监测。

【参考文献】

[1] 杨永红,宋璋瑶,郑学礼.登革热的研究进展[J].中国病原生物学杂志,2017,12(8):803-807.

- [2] 李晓宇,宋宏,付士红,等.中国流行性乙型脑炎病毒分子生物学特性研究[J].病毒学报,2004,20(3):200-209.
- [3] 张硕,李德新.寨卡病毒和寨卡病毒病[J].病毒学报,2016,32(1):121-127.
- [4] 田德桥,陈薇.基孔肯雅病毒与基孔肯雅热[J].疑难病杂志,2016,5(6):194-206.
- [5] 越南国家概况[EB/OL].https://www.mfa.gov.vn/web/gjhdq_676201/gj_676203/yz_676205/1206_677292/1206x0_677294/,2021-08.
- [6] Nguyen-Tien T, Lundkvist A, Lindahl J. Urban transmission of mosquito-borne flaviviruses-a review of the risk for humans in Vietnam[J]. Infect Ecol Epidemiol,2019,9(1):1-10.
- [7] Quan TM, Thi PH, Thao V, et al. Evidence of previous but not current transmission of chikungunya virus in southern and central Vietnam: Results from a systematic review and a seroprevalence study in four locations[J]. Plos Negl Trop Dis,2018,12(2):1-18.
- [8] World Health Organization. Dengue and severe dengue[EB/OL].<http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs117/zh/>,2015-01-21.
- [9] Ha DQ, Ninh TU. Virological surveillance of dengue haemorrhagic fever in Viet Nam, 1987-1999[J]. Dengue Bulletin,2000,24:18-23.
- [10] Nam VS, Kay B, Thi Yen N, et al. Community mobilization, behaviour change and biological control in the prevention and control of dengue fever in Viet Nam[J]. Dengue Bulletin,2004(28):57-61.
- [11] Anders KL, Nguyet NM, Chau NVV, et al. Epidemiological factors associated with dengue shock syndrome and mortality in hospitalized dengue patients in Ho Chi Minh City, Vietnam[J]. Am J Trop Med Hyg,2011,84(1):127-134.
- [12] Coudeville L, Garnett GP. Transmission dynamics of the four dengue serotypes in southern vietnam and the potential impact of vaccination[J]. PLoS One,2012,7(12):1-11.
- [13] Minh An DT, Rocklöv J. Epidemiology of dengue fever in Hanoi from 2002 to 2010 and its meteorological determinants[J]. Global Health Action,2014,7(1):1-16.
- [14] Cuong HQ, Vu NT, Cazelles B, et al. Spatiotemporal dynamics of dengue epidemics, southern Vietnam[J]. Emerg Infect Dis,2013,19(6):945-953.
- [15] Ha DQ, Tien NT, Huong VT, et al. Dengue epidemic in southern Vietnam, 1998[J]. Emerg Infect Dis,2000,6(4):422-425.
- [16] Buchy P, Vo VL, Bui KT, et al. Secondary dengue virus type 4 infections in Vietnam[J]. Southeast Asian J Trop Med Public Health,2005,36(1):178-185.
- [17] Ty Hang VT, Holmes EC, Veasna D, et al. Emergence of the Asian 1 genotype of dengue virus serotype 2 in viet nam: *in vivo* fitness advantage and lineage replacement in South-East Asia[J]. PLoS Negl Trop Dis,2010,4(7):1-11.
- [18] Shu PY, Su CL, Liao TL, et al. Molecular characterization of dengue viruses imported into Taiwan during 2003-2007: geographic distribution and genotype shift[J]. Am J Trop Med Hyg,2009,80(6):1039-1046.
- [19] Huang JH, Su CL, Yang CF, et al. Molecular characterization and phylogenetic analysis of dengue viruses imported into Taiwan during 2008-2010[J]. Am J Trop Med Hyg,2012,87(2):349-

- 358.
- [20] Yang CF, Chang SF, Hsu TC, et al. Molecular characterization and phylogenetic analysis of dengue viruses imported into Taiwan during 2011-2016[J]. *PLoS Negl Trop Dis*, 2018, 12(9):1-23.
- [21] Nguyen HV, Quoc P, Tu HN, et al. Knowledge, attitude and practice about dengue fever among patients experiencing the 2017 outbreak in Vietnam[J]. *Int J Environ Res Public Health*, 2019, 16(6):976-988.
- [22] Raghwan J, Rambaut A, Holmes EC, et al. Endemic dengue associated with the co-circulation of multiple viral lineages and localized density-dependent transmission[J]. *PLoS Pathog*, 2011, 7(6):1-11.
- [23] Ly MHP, Takamatsu Y, Nabeshima T, et al. Isolation of dengue serotype 3 virus from the cerebrospinal fluid of an encephalitis patient in Hai Phong, Vietnam in 2013[J]. *J Clin Virol*, 2015, 70(7):93-96.
- [24] Le Viet T, Choisy M, Bryant JE, et al. A dengue outbreak on a floating village at Cat Ba Island in Vietnam [J]. *BMC public health*, 2015, 15(1):1-8.
- [25] Takamatsu Y, Nabeshima T, Nguyen T, et al. A Dengue virus serotype 4-dominated outbreak in central Vietnam, 2013[J]. *J Clin Virol*, 2015, 66(2):24-26.
- [26] Musso D, Gubler DJ. Zika virus; following the path of dengue and chikungunya? [J]. *The Lancet*, 2015, 386(9990):243-244.
- [27] Lanciotti RS, Kosoy OL, Laven JJ, et al. Genetic and serologic properties of Zika virus associated with an epidemic, Yap State, Micronesia, 2007[J]. *Emerg Infect Dis*, 2008, 14(8):1232-1239.
- [28] Pond WL. Arthropod-borne virus antibodies in sera from residents of South-East Asia[J]. *Trans R Soc Trop Med Hyg*, 1963, 57(5):364-371.
- [29] Quyen NTH, Kien DTH, Rabaa M, et al. Chikungunya and zika virus cases detected against a backdrop of endemic dengue transmission in Vietnam[J]. *Am J Trop Med Hyg*, 2017, 97(1):146-150.
- [30] Duoc VT. Situations of dengue and Zika virus diseases control activities in Vietnam [EB/OL]. <http://yteduphongtphcm.gov.vn/>, 2017.
- [31] Chu DT, Ngoc VTN, Tao Y. Zika virus infection in Vietnam: current epidemic, strain origin, spreading risk, and perspective[J]. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*, 2017, 36(11):2041-2042.
- [32] 刘楠, 高永利, 谢紫阳, 等. 我国流行性乙型脑炎临床流行病学研究现状[J]. *西北国防医学杂志*, 2019, 40(6):362-370.
- [33] Okuno T. An epidemiological review of Japanese encephalitis[J]. *World Health Stat Q*, 1978, 31(2):120-133.
- [34] Yen NT, Duffy MR, Hong NM, et al. Surveillance for Japanese encephalitis in Vietnam, 1998-2007[J]. *Am J Trop Med Hyg*, 2010, 83(4):816-819.
- [35] Do LP, Bui TM, Hasebe F, et al. Molecular epidemiology of Japanese encephalitis in northern Vietnam, 1964-2011: genotype replacement[J]. *Virol J*, 2015, 12(1):1-7.
- [36] Kuwata R, Nga PT, Yen NT, et al. Surveillance of Japanese encephalitis virus infection in mosquitoes in Vietnam from 2006 to 2008[J]. *Am J Trop Med Hyg*, 2013, 88(4):681-688.
- [37] Crabtree MB, Nga PT, Miller BR. Isolation and characterization of a new mosquito flavivirus, Quang Binh virus, from Vietnam [J]. *Arch Virol*, 2009, 154(5):857-860.
- [38] Reyes-Sandoval A. 51 years in of chikungunya clinical vaccine development: A historical perspective[J]. *Hum Vaccin Immunother*, 2019, 15(10):2351-2358.
- [39] Deller JJ, Russell PK. An analysis of fevers of unknown origin in American soldiers in Vietnam[J]. *Ann Intern Med*, 1967, 66(6):1129-1143.
- [40] Thi KP, Briant L, Gavotte L, et al. Incidence of dengue and chikungunya viruses in mosquitoes and human patients in border provinces of Vietnam[J]. *Parasit Vectors*, 2017, 10(1):556-565.
- [41] 孙洁, 张海林. 盖塔病毒研究状况[J]. *中国人兽共患病学报*, 2012, 28(1):77-79.
- [42] Bryant JE, Crabtree MB, Nam VS, et al. Isolation of arboviruses from mosquitoes collected in northern Vietnam [J]. *Am J Trop Med Hyg*, 2005, 73(2):470-473.
- [43] Ha DQ, Calisher CH, Tien PH, et al. Isolation of a newly recognised alphavirus from mosquitoes in Vietnam and evidence for human infection and disease[J]. *Am J Trop Med Hyg*, 1995, 53(1):100-104.
- [44] Tan LV, Ha DQ, Hien VM, et al. Me Tri virus: a semliki forest virus strain from Vietnam? [J]. *J Gen Virol*, 2008, 89(9):2132-2135.
- [45] 徐丽宏, 梁国栋. 引起人类脑炎的新双链 RNA[J]. *中华实验和临床病毒学杂志*, 2006, 20(3):292-294.
- [46] 田杰, 郭晓芳. 蚊传呼肠孤病毒研究进展[J]. *中国人兽共患病学报*, 2021, 37(8):748-757.
- [47] Nabeshima T, Nga PT, Guillermo P, et al. Isolation and molecular characterization of banna virus from mosquitoes, vietnam [J]. *Emerg Infect Dis*, 2008, 14(8):1276-1279.
- [48] Sadeghi M, Popov V, Guzman H, et al. Genomes of viral isolates derived from different mosquitos species[J]. *Virus Res*, 2017, 242(8):49-57.
- [49] Yadav P, Shete A, Bondre V, et al. Isolation and characterization of Oya virus a member of Simbu serogroup, family Bunyaviridae, isolated from Karnataka, India [J]. *Infect Genet Evol*, 2016, 44(6):122-126.
- [50] Cao Y, Fu S, Song S, et al. Isolation and genome phylogenetic analysis of arthropod-borne viruses, including Akabane virus, from mosquitoes collected in Hunan Province, China [J]. *Vector Borne Zoonotic Dis*, 2019, 19(1):62-72.
- [51] 吴德, 张欣, 张欢, 等. 广东省阿卡斑病毒和 OYAV 的检测及分子特征研究[J]. *病毒学报*, 2020, 36(1):90-97.
- [52] Kono Y, Yusnita Y, Ali ARM, et al. Characterization and identification of Oya virus, a Simbu serogroup virus of the genus Bunyavirus, isolated from a pig suspected of Nipah virus infection [J]. *Arch Virol*, 2002, 147(8):1623-1630.
- [53] Zhang J, Wang J, Wang L, et al. Molecular characterization and seroprevalence in pigs of SC0806, a Cat Que virus isolated from mosquitoes in Sichuan Province, China [J]. *Vector Borne Zoonotic Dis*, 2015, 15(7):423-431.
- [54] Kurogi H, Inaba Y, Goto Y, et al. Serologic evidence for etiologic role of Akabane virus in epizootic abortion arthrogryposis hydranencephaly in cattle in Japan 1972-1974 [J]. *Arch Virol*, 1975, 47(1):71-83.
- [55] Nga PT, Parquet MC, Lauber C, et al. Discovery of the first insect nidovirus, a missing evolutionary link in the emergence of the largest RNA virus genomes [J]. *PLoS pathog*, 2011, 7(9):1-18.
- [56] Lauber C, Ziebuhr J, Junglen S, et al. Mesoniviridae: a proposed new family in the order Nidovirales formed by a single species of mosquito-borne viruses [J]. *Arch Virol*, 2012, 157(8):1623-1628.
- [57] Kuwata R, Satho T, Isawa H, et al. Characterization of Dak Nong virus, an insect nidovirus isolated from Culex mosquitoes in Vietnam [J]. *Arch Virol*, 2013, 158(11):2273-2284.