

· 实验室研究 ·

# 2015–2021 年北京市霍乱弧菌病原学和流行特征分析

黄瑛 贾蕾 田祎 吕冰 曲梅 张新 刘白薇 霍达 吴晓娜 严寒秋 杨鹏

北京市疾病预防控制中心传染病地方病预防控制所, 食物中毒诊断溯源技术北京市重点实验室, 北京 100013

通信作者: 严寒秋, Email: 13671113791@163.com

**【摘要】目的** 分析 2015–2021 年北京市霍乱弧菌的病原学和流行特征, 为霍乱防控提供参考。**方法** 对北京市 2015–2021 年分离到的霍乱弧菌, 进行血清分型、毒力基因检测和 PFGE 实验; 对收集的霍乱病例流行病学和临床资料, 用描述性流行病学方法分析其流行特征。**结果** 北京市 2015–2021 年共分离 76 株 O1 群霍乱弧菌(来源分别为人源性 61 株、环境涂抹 10 株和水产品 5 株), 包括 68 株小川型菌株和 8 株稻叶型菌株, 其中 6 株为 O1 群小川型菌株 *ctxAB* 基因阳性, 均分离自散发病例。PFGE 结果显示, 76 株分为 33 种带型。北京市 2015–2021 年共报告霍乱疫情 38 起, 以散发疫情为主(92.11%, 35/38); 累计报告病例 45 例, 6–9 月占 97.78%(44/45)。北京市有 9 个行政区报告霍乱病例, 朝阳区和昌平区分别占 42.22%(19/45) 和 31.11%(14/45); 霍乱病例的年龄分布在 19~63 岁, 44 例病例均出现腹泻症状, 1 例临床症状不详。腹泻次数为 3~9 次/d 的占 84.09%(37/44)。临床症状中, 出现黄色稀水样便、腹痛、恶心/呕吐和发热的分别占 95.45%(42/44)、68.18%(30/44)、40.91%(18/44) 和 36.36%(16/44)。**结论** 2015–2021 年北京市分离到的霍乱弧菌以 O1 群小川型为主, PFGE 带型多样; 北京市有 9 个行政区报告霍乱疫情, 以散发为主, 6–9 月为疫情高峰。

**【关键词】** 霍乱弧菌; 血清型; 毒力基因; 脉冲场凝胶电泳; 流行特征**基金项目:** 国家科技重大专项(2018ZX10714002-003-002)

## Etiological and epidemiological characteristics of *Vibrio cholerae* in Beijing, 2015-2021

Huang Ying, Jia Lei, Tian Yi, Lyu Bing, Qu Mei, Zhang Xin, Liu Baiwei, Huo Da, Wu Xiaona, Yan Hanqiu, Yang Peng

Beijing Key Laboratory of Diagnostic and Traceability Technologies for Food Poisoning, Institute for Infectious Disease and Endemic Disease Control, Beijing Center for Disease Prevention and Control, Beijing 100013, China

Corresponding author: Yan Hanqiu, Email: 13671113791@163.com

**【Abstract】Objective** To analyze the etiological and epidemiological characteristics of *Vibrio cholerae* in Beijing during 2015-2021 and provide evidence for the prevention and control of cholera. **Methods** The *V. cholerae* strains isolated in Beijing during 2015-2021 were analyzed by serotyping and virulence genes detection. Pulsed field gel electrophoresis (PFGE) was performed for the molecular typing of the strains. Based on the collected epidemiological and clinical data of cholera cases, the epidemiological characteristics of cholera were analyzed by descriptive epidemiology method. **Results** A total of 76 *Vibrio cholerae* O1 strains were isolated in Beijing during 2015-2021, including 61 strains from human, 10 strains from environment and 5 strains from seafood. The 76 strains consisted of 68 Ogawa strains and 8 Inaba strains. Six Ogawa strains

DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220123-00064

收稿日期 2022-01-23 本文编辑 斗智

引用格式: 黄瑛, 贾蕾, 田祎, 等. 2015-2021 年北京市霍乱弧菌病原学和流行特征分析[J]. 中华流行病学杂志, 2022, 43(5): 734-738. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220123-00064.

Huang Y, Jia L, Tian Y, et al. Etiological and epidemiological characteristics of *Vibrio cholerae* in Beijing, 2015-2021[J]. Chin J Epidemiol, 2022, 43(5): 734-738. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220123-00064.

isolated from sporadic cases carried *ctxAB*. After *Not I* digestion, 76 strains were divided into 33 PFGE patterns. From 2015 to 2021, a total of 38 cholera epidemics were reported in Beijing, most of them were sporadic ones, accounting for 92.11% (35/38). A total of 45 cases were reported, and the cases occurred during June-September accounted for 97.78% (44/45). Cholera cases occurred in 9 districts of Beijing, and the cases reported in Chaoyang district accounted for 42.22% (19/45) and in Changping district accounted for 31.11% (14/45). The age of the cholera cases ranged from 19 to 63 years. Except for one case with unknown clinical symptoms, 44 cases had diarrhea symptoms with 84.09% (37/44) of the cases reporting diarrhea (3-9 times/day), followed by yellow watery stool (95.45%, 42/44), abdominal pain (68.18%, 30/44), nausea and vomiting (40.91%, 18/44) and fever (36.36%, 16/44). **Conclusion** *Vibrio cholerae* strains isolated in Beijing during 2015-2021 were mainly O1 serotype Ogawa, most of which were non-toxigenic. The PFGE of the strains varied. Cholera epidemics occurred in 9 districts of Beijing, but most were sporadic ones with incidence peak during June-September.

**[ Key words ]** *Vibrio cholerae*; Serotype; Virulence gene; Pulsed field gel electrophoresis; Epidemiological characteristics

**Fund program:** National Science and Technology Major Project of China (2018ZX10714002-003-002)

霍乱弧菌(*Vibrio cholerae*)是弧菌属中一组具有相似生化性状、相同鞭毛抗原、不同菌体抗原的弧菌总称,目前已分出210余个血清群,但仅O1群和O139群会导致霍乱流行<sup>[1]</sup>。霍乱发病急、传播快、波及范围广,每年全球预计有130万~400万病例<sup>[2-3]</sup>。典型病例以剧烈水样腹泻为主要症状,如不及时治疗,严重者短时间内可导致死亡,但此病轻型病例多见,并存在带菌者,可成为霍乱的传染源。自1816年以来,已发生7次霍乱全球大流行,目前仍处在第七次全球大流行中。20世纪60年代北京市在医院开始了肠道门诊的建立,对腹泻病例进行霍乱弧菌实时检测,70年代开始对食品特别是水产品和相关环境进行霍乱监测。本研究对2015-2021年北京市霍乱病例及带菌者来源菌株以及水产品 and 外环境来源菌株进行血清分型、毒力基因检测和PFGE分子分型,并对霍乱疫情的流行特征进行描述性分析。

## 资料与方法

1. 资料来源:收集2015-2021年北京市16个行政区肠道门诊霍乱病例的临床资料和流行病学资料,统一保存于北京市CDC。

2. 菌株来源:收集2015-2021年北京市霍乱疫情及水产品、外环境监测分离到的76株霍乱弧菌。PFGE标准菌株H9812由北京市CDC保存。

3. 实验方法:

(1) 血清学分型:将分离菌株转种于Luria-Bertani(LB)培养基(美国赛默飞世尔科技公

司)过夜培养,挑取新鲜菌落使用霍乱弧菌诊断血清(泰国S&A公司)进行血清分型,同时用生理盐水做对照。

(2) *ctxAB* 基因检测:将菌株接种于LB培养基,37℃培养过夜,挑取单菌落采用水煮法提取基因组DNA,使用7500实时荧光定量PCR仪(美国应用生物系统公司)检测*ctxAB*基因。引物探针序列参考《霍乱防治手册》(第6版)<sup>[4]</sup>。

(3) PFGE:参考霍乱弧菌PFGE标准化操作方案对所有菌株进行PFGE分型<sup>[5]</sup>。试验菌株和PFGE标准菌株H9812分别选用限制性内切酶*Not I*和*Xba I*(美国纽英伦生物技术公司)进行酶切。胶块采用PFGE仪(美国伯乐公司)进行电泳实验,结束后胶块采用GelRed染料染色30 min后用纯水脱色2 h(中间换水1次),然后用凝胶成像仪(美国伯乐公司)进行拍照,得到的图像导入BioNumerics 5.1软件进行处理,进行各菌株带型间的聚类分析。

4. 统计学分析:采用WPS 10.8.2.6613软件录入试验结果,对2015-2021年北京市霍乱病例临床资料和流行病学资料进行数据处理,采用例数及构成比(%)描述其分布特征。

## 结 果

1. 菌株检出情况及血清学结果:2015-2021年北京市共分离到76株霍乱弧菌,均为O1群,包括68株小川型和8株稻叶型菌株,尚无O1群彦岛型和O139群菌株。其中45株来源于肠道门诊监测的霍乱病例,16株来自霍乱疫情相关的带菌者,人

源性菌株占 80.26% (61/76), 5 株来源于水产品占 6.58% (5/76), 10 株来源于外环境监测 (包括普通外环境和病例家的环境涂抹) 占 13.16% (10/76)。见表 1。

2. *ctxAB* 基因检测结果: 对 76 株霍乱弧菌进行 *ctxAB* 基因检测。62 株小川型菌株 *ctxAB* 基因阴性占 81.58% (62/76); 6 株小川型菌株 *ctxAB* 基因阳性占 7.89% (6/76), 均来自散发病例; 其余 8 株稻叶型菌株 *ctxAB* 基因均为阴性, 占 10.53% (6/76)。

3. PFGE 分型结果: 经 *Not I* 酶切后, 76 株菌可以分为 4 个大的聚类, 分别为聚类 I ~ IV, 共包括 33 种 PFGE 带型。菌株号 2018HL010、2018HL015 和 2018HL029 的 3 株菌来源于 2018 年第一起聚集性疫情, 3 株菌带型一致, 均位于聚类 III 中。菌株号 2018HL022 和 2018HL023 来源于 2018 年的第二起聚集性疫情, 2 株菌带型也一致, 位于聚类 II 中。菌株号 2019HL004、2019HL006、2019HL008~2019HL015 和 2019HL019~2019HL028 的 20 株菌均来自 2019 年的同一起聚集性疫情, 分别分离自 5 例病例、14 例带菌者和 1 处环境涂抹, 20 株菌带型完全一致, 均位于聚类 II 中。见图 1。

#### 4. 疫情流行特征:

(1) 疫情概况: 共报告霍乱疫情 38 起, 累计报告病例 45 例。其中, 35 起为散发疫情占 92.11% (35/38); 3 起为聚集性疫情占 7.89% (3/38)。2018 年霍乱疫情数最多, 共报告 14 起散发疫情和 2 起聚集性疫情; 其次为 2019 年, 共报告 8 起散发疫情和 1 起聚集性疫情, 聚集性疫情共报告 5 例病例, 并在疫情调查中发现 14 例带菌者。2015~2017、2020~2021 年只报告散发疫情, 分别报告 4、2、4、1 和 2 起。

(2) 时间分布: 45 例病例中, 6~9 月报告 44 例, 占 97.78% (44/45), 6、7、8、9 和 11 月分别占 13.33% (6/45)、17.78% (8/45)、55.56% (25/45)、11.11% (5/45) 和 2.22% (1/45), 以 8 月病例数最多, 其他月份均未监测到霍乱病例。

(3) 地区分布: 北京市共有 9 个行政区报告霍

乱病例。45 例霍乱病例中, 朝阳区、昌平区、海淀区、东城区、石景山区、房山区、西城区、丰台区和通州区分别占 42.22% (19/45)、31.11% (14/45)、6.66% (3/45)、4.45% (2/45)、4.45% (2/45)、4.45% (2/45)、2.22% (1/45)、2.22% (1/45) 和 2.22% (1/45)。

(4) 人群分布: 45 例霍乱病例中, 男女性别比为 1.37:1 (26:19)。年龄范围 19~63 岁, 19~40 岁 39 例, ≥40 岁 6 例。

(5) 临床症状及转归: 45 例病例中, 1 例临床症状不详, 44 例均有腹泻症状, 其中, 黄色稀水样便占 95.46% (42/44), 黄粘便和米泔水样便分别占 2.27% (1/44)。腹泻次数为 3~9 次/日的占 84.09% (37/44), 腹泻次数 ≥10 次/日的占 11.36% (5/44), 腹泻次数 ≤2 次/日的占 4.55% (2/44)。除腹泻症状外, 腹痛症状的占 68.18% (30/44), 恶心/呕吐症状的占 40.91% (18/44), 发热症状的占 36.36% (16/44)。所有病例经过有效隔离治疗, 均痊愈, 未出现重症及死亡病例。

## 讨 论

霍乱作为甲类和国际检疫传染病之一, 北京市一直对其进行严格监测。有研究发现, 北京市外环境和食品的霍乱污染状况较低, 主要存在于养殖池涂抹及水产品监测中<sup>[6]</sup>, 但北京市每年均有霍乱疫情报告, 这可能与交通便利、物流发达、流动人口较多而提高了病原体的空间和时间传播效率有关。北京市霍乱病例大部分通过医院肠道门诊检出, 少部分在疫情后续调查过程中通过主动搜索发现, 通过覆盖全市的肠道门诊以及严格的腹泻筛查制度, 可以及时掌握人群中的感染状况, 为疫情防控提供详细的病原学和流行病学依据。

2015~2021 年监测结果显示, 北京市霍乱弧菌血清型以 O1 群小川型为主, 稻叶型较少, 与江苏省、上海市、广东省和福建省等省份不同<sup>[7-10]</sup>, 而菌株主要分离自病例及疫情相关带菌者, 与北京市 2007~2014 年监测结果一致<sup>[11]</sup>, 但人源性菌株占比

表 1 2015~2021 年北京市分离霍乱弧菌来源及血清型

菌株来源	2015 年		2016 年		2017 年		2018 年		2019 年		2020 年		2021 年		合计
	小川	稻叶													
人源性	4	0	2	1	5	0	16	3	27	0	1	0	2	0	61
水产品	1	0	0	0	0	0	2	2	0	0	0	0	0	0	5
外环境	1	0	0	0	4	0	2	2	1	0	0	0	0	0	10
合计	6	0	2	1	9	0	20	7	28	0	1	0	2	0	76

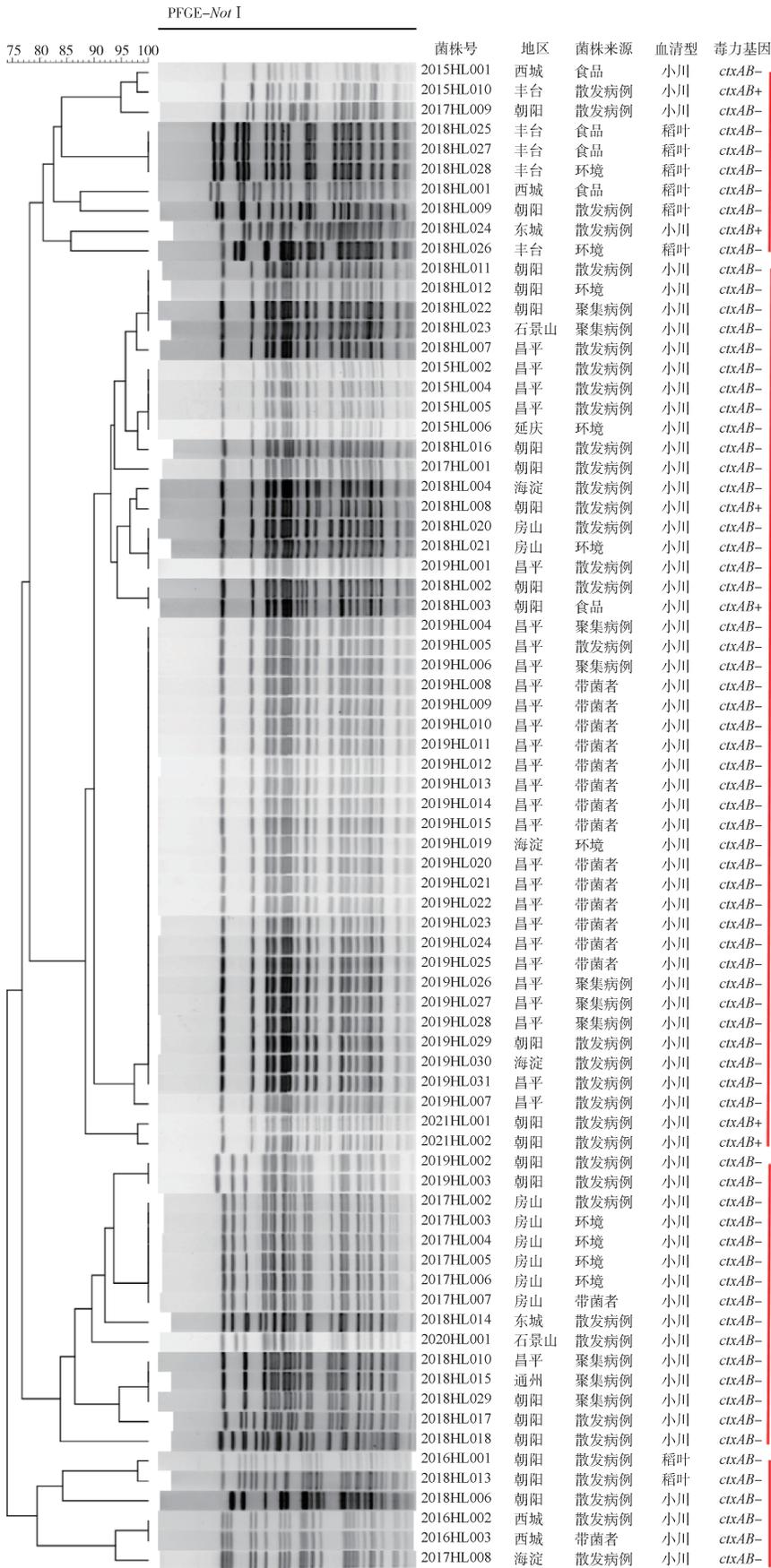


图1 2015-2021年北京市霍乱弧菌PFGE分型

分离菌株的占比下降。1992年印度报告O139群霍乱弧菌引起的霍乱暴发,目前该群导致的霍乱问题仍局限在东南亚地区,我国南方地区也有报道<sup>[12-13]</sup>。2007-2014年我国北京市共监测到16株O139群霍乱弧菌,但2015-2021年均未监测到O139群霍乱弧菌。

霍乱毒素是霍乱弧菌的主要毒力因子,由霍乱弧菌溶原性噬菌体CTXΦ基因组中的*ctxAB*基因编码,也是目前已知的致泻毒素中最强烈的毒素,因而检测霍乱弧菌是否携带*ctxAB*基因具有十分重要的公共卫生意义。而本研究中,北京市霍乱基本都是由不携带*ctxAB*基因的菌株引发的小范围散发或聚集性疫情,因而此类霍乱弧菌的监测也不容忽视。

目前,PFGE已用于多种致病菌的分子分型中,它可以判断不同来源的标本和不同病例分离的菌株是否菌型一致,在流行病学调查中可辅助判定是否存在共同暴露、是否存在暴发以及确认感染来源。本研究中,菌株号2017HL002~2017HL007的6株菌来源于2017年的一起散发疫情,其中1株分离自散发病例,4株分离自患者就餐饭店的后厨环境涂抹,1株分离自饭店厨师,为健康带菌者,PFGE图谱显示6株菌带型完全一致,证实它们属于同一种污染来源。菌株号2019HL004、2019HL006、2019HL008~2019HL015和2019HL019~2019HL028的20株菌均来自2019年的同一起聚集性疫情<sup>[14]</sup>,分别分离自

由之前的60.00%上升至80.26%,水产品及外环境

5例病例、14例带菌者以及1处环境涂抹,病例与带

菌者均就职于同一公司,菌株带型完全一致,除此之外,同期有 4 例散发病例分离的菌株带型也与它们完全一致,均位于聚类 II 中,提示 4 例散发病例与聚集性疫情可能有共同的暴露来源。上述 2 起霍乱疫情的流行病学调查也支持上述 PFGE 试验的结论,所以 PFGE 试验结果与流行病学调查相结合非常有利于快速查明霍乱暴发疫情的来源,并通过采取公共卫生措施以减少霍乱病例的发生和遏制霍乱流行。

与病毒性腹泻不同<sup>[15-17]</sup>,北京市霍乱弧菌引起的腹泻主要发生于夏、秋季节,6-9 月为疫情高峰,主要由于这个季节温度较高,较适合霍乱弧菌的生长繁殖。另外,夏、秋季节天气炎热,饮食中凉饮凉菜较多,增加了感染风险。从发病年龄来看,病例主要集中于≤40 岁成年人,可能与此年龄段人群社交活跃,外出就餐较多有关。从地理位置来看,朝阳区和昌平区病例数最多,可能城乡接合部面积较大、人口密度大和流动人口较多有关。北京市的霍乱疫情防控工作应加强对肠道门诊的督导,加强对重点场所的食品卫生管理工作,针对霍乱的传播特点,积极开展卫生防病知识宣传,有效地降低疫情的发生及传播蔓延。

利益冲突 所有作者声明无利益冲突

作者贡献声明 黄瑛:研究设计、实验操作、论文撰写、实验数据整理和分析;贾蕾、田祎:流行病学调查、数据整理;张新、曲梅、吕冰:实验操作;刘白薇、霍达、吴晓娜:流行病学调查、数据分析;严寒秋:研究设计、数据收集、论文修改;杨鹏:研究设计、经费支持

## 参 考 文 献

- [1] Hsiao A, Zhu J. Pathogenicity and virulence regulation of *Vibrio cholerae* at the interface of host-gut microbiome interactions[J]. Virulence, 2020, 11(1): 1582-1599. DOI: 10.1080/21505594.2020.1845039.
- [2] Ganesan D, Gupta SS, Legros D. Cholera surveillance and estimation of burden of cholera[J]. Vaccine, 2020, 38 Suppl 1:A13-17. DOI:10.1016/j.vaccine.2019.07.036.
- [3] Thakur S, Chauhan V. State of the globe: revisiting cholera-the larger ongoing pandemic[J]. J Glob Infect Dis, 2021, 13(3):113-114. DOI:10.4103/jgid.jgid\_234\_21.
- [4] 肖东楼. 霍乱防治手册[M]. 6 版. 北京:人民卫生出版社, 2013:94-95.  
Xiao DL. Cholera prevention and control of manual[M]. 6<sup>th</sup> ed. Beijing: People's Medical Publishing House, 2013: 94-95.
- [5] Standard Operating Procedure for PulseNet PFGE of *Vibrio cholerae* and *Vibrio parahaemolyticus* [EB/OL]. (2017-07-01) [2022-03-17]. <https://www.cdc.gov/pulsenet/pdf/vibrio-pfge-protocol-508c.pdf>.
- [6] 吴晓娜,贾蕾,霍达,等. 2004-2013 年北京市外环境及食品中霍乱弧菌监测结果分析[J]. 疾病监测, 2015, 30(12): 1019-1023. DOI:10.3784/j.issn.1003-9961.2015.12.008.  
Wu XN, Jia L, Huo D, et al. Surveillance for *Vibrio cholerae* in environment and food in Beijing, 2004-2013[J]. Dis Surveill, 2015, 30(12): 1019-1023. DOI: 10.3784/j.issn.1003-9961.2015.12.008.
- [7] 吴晓玉. 南通市通州区 1999-2020 年霍乱流行病学特征[J]. 江苏预防医学, 2021, 32(4):472-473. DOI:10.13668/j.issn.1006-9070.2021.04.031.  
Wu XY. Epidemiological characteristics of cholera in Tongzhou district of Nantong city, 1999-2020[J]. Jiangsu J Prev Med, 2021, 32(4): 472-473. DOI: 10.13668/j.issn.1006-9070.2021.04.031.
- [8] 肖文佳,吴寰宇,宫霄欢,等. 上海市 2008-2017 年霍乱流行病学特征分析[J]. 中国公共卫生, 2019, 35(6):750-754. DOI:10.11847/zgggws1120526.  
Xiao WJ, Wu HY, Gong XH, et al. Epidemiological characteristics of cholera in Shanghai city, 2008-2017[J]. Chin J Public Health, 2019, 35(6):750-754. DOI:10.11847/zgggws1120526.
- [9] 李柏生,谭海玲,王多春,等. 广东省 2009-2013 年霍乱弧菌病原学特征分析[J]. 中华流行病学杂志, 2014, 35(7): 825-831. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2014.07.016.  
Li BS, Tan HL, Wang DC, et al. Etiologic characteristics of *Vibrio cholerae* in Guangdong province in 2009-2013[J]. Chin J Epidemiol, 2014, 35(7):825-831. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2014.07.016.
- [10] 罗朝晨,陈爱平,谢芳钦,等. 2013-2017 年福建省霍乱监测分析[J]. 预防医学论坛, 2019, 25(1):1-4. DOI:10.16406/j.pmt.issn.1672-9153.2019.01.002.  
Luo CC, Chen AP, Xie FQ, et al. Analysis on monitoring data of cholera, Fujian province, 2013-2017[J]. Prev Med Trib, 2019, 25(1):1-4. DOI:10.16406/j.pmt.issn.1672-9153.2019.01.002.
- [11] 黄瑛,赵剑虹,严寒秋,等. 北京市 2007-2014 年 O1 群霍乱弧菌病原学特征分析[J]. 中国预防医学杂志, 2016, 17(10): 721-726. DOI:10.16506/j.1009-6639.2016.10.001.  
Huang Y, Zhao JH, Yan HQ, et al. Etiologic characteristics of *Vibrio cholerae* O1 in Beijing in 2007-2014[J]. China Prev Med, 2016, 17(10):721-726. DOI:10.16506/j.1009-6639.2016.10.001.
- [12] 赵云岩,王诗雨,张旺生,等. 一起 O139 群霍乱疫情的调查分析[J]. 医学动物防制, 2020, 36(6): 598-600. DOI: 10.7629/yxdwfwz202006026.  
Zhao YY, Wang SY, Zhang WS, et al. Investigation and analysis on an epidemic of cholera O139[J]. J Med Pest Control, 2020, 36(6): 598-600. DOI: 10.7629/yxdwfwz202006026.
- [13] 周敏,肖波,王思萌,等. 自贡市 2017 年 1 起 O139 霍乱确诊病例的流行病学调查[J]. 中国热带医学, 2018, 18(8): 860-862. DOI:10.13604/j.cnki.46-1064/r.2018.08.29.  
Zhou M, Xiao B, Wang SM, et al. Investigation of a cholera case (O139 *Vibrio cholerae* positive) in Zigong, 2017[J]. China Trop Med, 2018, 18(8):860-862. DOI: 10.13604/j.cnki.46-1064/r.2018.08.29.
- [14] 舒高林,李东迅,彭华,等. 2013-2019 年北京市昌平区霍乱弧菌病原学和分子流行病学特征分析[J]. 疾病监测, 2020, 35(8): 735-741. DOI: 10.3784/j.issn.1003-9961.2020.08.013.  
Shu GL, Li DX, Peng H, et al. Characteristics of phenotype and molecular type of *Vibrio cholerae* in Changping district of Beijing, 2013-2019[J]. Dis Surveill, 2020, 35(8): 735-741. DOI:10.3784/j.issn.1003-9961.2020.08.013.
- [15] 李爽,严寒秋,高志勇,等. 北京市 2019 年肠道门诊腹泻病例如病毒感染特征分析[J]. 国际病毒学杂志, 2021, 28(3):222-225. DOI:10.3760/cma.j.issn.1673-4092.2021.03.011.  
Li S, Yan HQ, Gao ZY, et al. Infection characteristics of sapoviruses in diarrhea cases admitted to the intestinal clinics in 2019, Beijing[J]. Int J Virol, 2021, 28(3): 222-225. DOI:10.3760/cma.j.issn.1673-4092.2021.03.011.
- [16] 张佳莹,田祎,高志勇,等. 亚洲轮状病毒腹泻流行病学特征[J]. 国际病毒学杂志, 2021, 28(2): 166-169. DOI: 10.3760/cma.j.issn.1673-4092.2021.02.018.  
Zhang JY, Tian Y, Gao ZY, et al. Epidemiological characteristics of rotavirus gastroenteritis in Asia[J]. Int J Virol, 2021, 28(2): 166-169. DOI: 10.3760/cma.j.issn.1673-4092.2021.02.018.
- [17] 白雪,张淑红,申志新. 河北省散发腹泻病例诸如病毒基因特征分析[J]. 国际病毒学杂志, 2020, 27(1):44-47. DOI: 10.3760/cma.j.issn.1673-4092.2020.01.011.  
Bai X, Zhang SH, Shen ZX. Analysis on gene of norovirus from sporadic diarrhea cases in Hebei province[J]. Int J Virol, 2020, 27(1): 44-47. DOI: 10.3760/cma.j.issn.1673-4092.2020.01.011.