·卫生监督·

陕西省 2021—2024 年霍乱弧菌病原学监测结果分析

石一[1],陈雅丽[2],刘万静[3],栾阳[4],张铮[1],梁爽[1],马琳[1],李慎[1],刘东立[1]
1. 陕西省疾病预防控制中心病原微生物与生物检验所,陕西 西安 710054;2.汉中市疾病预防控制中心检验科;
3.安康市疾病预防控制中心生物检验科;4.西安市疾病预防控制中心微生物与生物检验科

摘要:目的　了解陕西省霍乱弧菌在甲鱼等水产品、水体环境及人群中的分布规律及病原学特征。**方法**　收集 2021—2024 年国家致病菌识别网上报的霍乱弧菌菌株,描述分析菌株在人群及环境中的分布规律,对菌株进行血清群鉴定及毒力基因检测,对菌株进行核心基因组多位点序列分析(core genome multi-locus sequence analysis,cgMLST)及核心基因组单核苷酸多态性分析(core genome single nucleotide polymorphism analysis,cgSNP)分析。**结果**　2021—2024 年共收到菌株 198 株,其中分离自病人菌株 14 株(腹泻类样本 9 株,血液样本 5 株),环境分离菌株 184 株。环境样本中霍乱弧菌分离阳性率为 34.65%(184/531),西安市阳性率最高为 66.35%,其次安康市为 32.66%,汉中市为 21.93%;销售环节阳性率 42.07%,高于养殖环节阳性率的 26.92%;甲鱼的阳性率为 46.56%,明显高于其他水产品的 23.77%。霍乱弧菌血清分型 O1 群 3 株,O139 群 13 株,其余菌株为非 O1 非 O139 群,*CTX* 阳性菌株 9 株。cgMLST 分析共有 26 个 MST Cluster,*CTX* 基因阳性的霍乱弧菌聚在一个分支,其中有 3 株 ST69 型聚为一簇,ST168 型 5 株聚为一簇,其余菌株距离较远。对 *CTX* 阳性的 9 株霍乱弧菌进行 cgSNP 分析,ST69 与 ST168 分属于不同分支之间,相差 8 100 个 SNPs,同 ST 型的菌株 SNP 差异很小,分离自汉中市的病人样本与分离自安康市的甲鱼样本,相差 2 个 SNPs。**结论**　陕西省环境中霍乱弧菌在甲鱼等水产品的养殖和销售环节风险较高,少数菌株有 *CTX* 毒力基因,核心基因组分析霍乱弧菌产毒株遗传变异稳定,且与病例存在间接的关联。应加强腹泻病例及甲鱼相关产业链条的监测预警,及时预防控制疫情发生。

关键词:霍乱弧菌;霍乱肠毒素;cgMLST; cgSNP
中图分类号:R378.3;R181.8　　**文献标志码:**A　　**文章编号:**1003-8507(2026)01-173-08
DOI:10.20043/j.cnki.MPM.202508014

Etiological surveillance of *Vibrio cholerae* in Shaanxi Province, 2021—2024

SHI Yi*, CHEN Ya-li, LIU Wan-jing, LUAN Yang, ZHANG Zheng, LIANG Shuang, MA Lin, LI Shen, LIU Dong-li
Institute of Pathogenic Microbiology and Biological Testing, Shaanxi Provincial Center for Disease Control and Prevention, Xi'an, Shaanxi 710054, China

Abstract: Objective To investigate the distribution and pathogenic characteristics of *Vibrio cholerae* in aquatic products (such as soft-shelled turtles), aquatic environments and humans in Shaanxi Province. **Methods** *Vibrio cholerae* strains reported through the National Pathogen Identification Network from 2021 to 2024 were collected. The distribution of strains from humans and environmental sources was described and analyzed. Serogroup identification and virulence gene detection were performed. Core-genome multilocus sequence typing (cgMLST) and core-genome single nucleotide polymorphism (cgSNP) analyses were performed. **Results** A total of 198 *Vibrio cholerae* strains were collected from 2021 to 2024, including 14 clinical isolates (9 cases of diarrhea and 5 blood samples) and 184 environmental isolates. The overall environmental positivity rate was 34.65% (184/531), with the highest rate in Xi'an City (66.35%), followed by Ankang City (32.66%) and Hanzhong City (21.93%). The positivity rate in sales part was 42.07%, higher than that in farming part (26.92%). The positivity rate in soft-shelled turtle samples was 46.56%, significantly higher than that in other aquatic products (23.77%). Serotyping revealed 3 O1 strains, 13 O139 strains, and the remainder as non-O1/non-O139. Nine strains were positive for the *ctxA* gene. cgMLST analysis identified 26 MST Clusters, with all ctxA-positive strains clustering in a single lineage: three ST69 strains formed one cluster and five ST168 strains formed another, while the remaining strains were genetically distant. cgSNP analysis of the 9 *ctxA*-positive strains showed that ST69 and ST168 strains belonged to distinct lineages, differing by 8 100 SNPs, whereas strains of the same ST type exhibited minimal SNP differences, indicating high genetic stability. The patient isolate from Hanzhong City and the soft-shelled turtle isolate from Ankang City differed by only 2 SNPs. **Conclusion** In Shaanxi Province, *Vibrio cholerae* in the

基金项目:陕西省重点研发计划(2025SF-YBXM-234);陕西省疾控局公共卫生科研创新团队(202503)
作者简介:石一(1981—),男,硕士,副主任技师,研究方向:病原微生物
通信作者:刘东立,E-mail:ldl029@foxmail.com

environment poses a relatively high risk at the farming and sales stages of soft-shelled turtles and other aquatic products, and a small proportion of isolates carry the ctxA virulence gene. Core-genome analysis indicates that toxigenic strains are genetically stable and may be indirectly linked to clinical cases. Surveillance and early warning for diarrheal cases and along the soft-shelled turtle-related production and supply chain should be strengthened to ensure the timely prevention and control of outbreaks.

Keywords: *Vibrio cholerae*; Cholera toxin; cgMLST; cgSNP

霍乱是由霍乱弧菌引起的急性、烈性肠道传染病，被世界卫生组织列为国际检疫传染病，也是中国《中华人民共和国传染病防治法》规定的甲类传染病之一。霍乱弧菌广泛分布于自然环境的水体和水产品中，O1 群和 O139 群能引发霍乱的流行和大流行。自 2021 以来，霍乱病例数有所增加，在全球多个国家分布扩散，报告病例数和病死率均有上升[1]。在 2015—2024 年，国内霍乱保持在低流行水平，平均每年报告 18 例，且食源传播已为主要模式[2]。历史上陕西省曾有霍乱流行，自 20 世纪 80 年代后再无病例报道。2022 年陕西省城固县报告一起霍乱散发疫情，是本省 40 余年来首次报告的霍乱病例[3]。为了解陕西省环境及人群中霍乱弧菌传播状况，2023 年开始陕西省在汉中、安康、西安市针对环境水体、水产品养殖及销售环节分离霍乱弧菌，收集 2021 年以来临床分离菌株，开展霍乱弧菌发生与传播因素监测，本文对监测收集到的菌株数据进行分析，揭示其在人群及环境中的分布规律，探索菌株的血清群及毒力基因特征。

1 对象与方法

1.1 菌株来源 收集 2021 年 1 月 1 日— 2024 年 12 月 31 日国家致病菌识别网上报的陕西省霍乱弧菌菌株，环境监测选择秦岭南部的汉中、安康市以及省会西安市。详细记录菌株的分离地点、分离时间、样本类型（病人样本或环境样本，若为病人样本，记录样本是腹泻类样本还是血液样本；若为环境样本，记录是环境水样、水产品样本，以及样本采集的环节是养殖环节还是销售环节等信息）。

1.2 血清群鉴定 采用玻片凝集试验及荧光定量聚合酶链式反应（polymerase chain reaction，PCR）方法对分离的霍乱弧菌菌株进行血清群鉴定，使用标准的 O1 群和 O139 群霍乱弧菌抗血清（日本生研）及霍乱弧菌 /O1 群 /O139 群 /*CTX* 基因多重荧光定量 PCR 试剂盒（深圳生科原），按照试剂盒说明书进行操作。

1.3 基因组测序 使用细菌基因组 DNA 提取试剂盒（西安天隆）提取霍乱弧菌菌株的基因组 DNA，采用《国家致病菌识别网技术手册》推荐的方案，使用 Nextera XT DNA Library Preparation Kit 建库试剂盒（北京微未来科技有限公司）构建测序文库，选择 MiniSeq 测序平台（美国 Illumina 公司），使用 MiniSeq High Output Kit (300 cycles)（北京微未来科技有限公司）测序试剂盒进行上机测序，测序策略为 PE150，测序深度不低于 100×，高质量测序数据(Q20)≥1Gb，Q30 比例≥85%，利用国家致病菌识别网终端对测序数据进行质量控制和拼接，基因组覆盖度≥95%，＞1 000 bp 的 Scaffold 数目小于 100。

1.4 毒力基因分析 菌株测序数据导入 Riodom Seqphere 10.0 5 软件[4]，利用集成的 *V.cholerae* VFDB[5] 预测并查询菌株基因组携带的毒力基因。使用 Chiplot（https://www.chiplot.online/）绘制不同样本的毒力基因热图。

1.5 核心基因组多位点序列分析（core genome multi-locus sequence analysis，cgMLST） 采用 RiodomSeqphere 10.0 5 软件[3]提供的 *V. cholerae* cgMLST 3 251 targets 方案，对良好等位基因位点（perc. Good target）在 80%以上的菌株进行 cgMLST 分型分析，构建最小生成树图（minimum spanning tree，MST），MST Cluster 阈值设置为 20 个等位基因，分析霍乱弧菌菌株之间的遗传关系。

1.6 核心基因组单核苷酸多态性分析（core genome single nucleotide polymorphism analysis，cgSNP） 对携带霍乱肠毒素（cholera enterotoxin，CTX）毒力基因的菌株，用 RiodomSeqphere 10.0 5 软件搜寻核心基因组单核苷酸变异位点，绘制系统发育进化树，进行 cgSNP 分析，评估霍乱弧菌毒力株之间的基因变异程度。

1.7 统计分析 使用 WPS 软件对收集到的数据进行整理和描述性统计分析。计算不同样本类型、不同地区菌株的分离率，采用 χ^2 检验比较不同地区、不同样本类型菌株分离率的差异，检验水准 α=0.05。

2 结 果

2.1 菌株分布 2021—2024 年共收到 198 株霍乱弧菌菌株，其中分离自病人的菌株 14 株，分离自环境的菌株 184 株。病人分离株中，9 株来自腹泻类样本，5 株来自血液样本；安康市 1 株，西安市 10 株，延安市 1 株，汉中市 2 株（霍乱病例）。不同地区的环境分离率存在差异（P<0.001），西安市阳性率最高，为 66.35%（69/104）；其次是安康市，阳性率为 32.66%（65/199）；汉中市阳性率为 21.93%（50/228）。见表 1。

表 1　陕西省环境样本中霍乱菌株检出情况

Table 1　Detection of *Vibrio cholerae* strains in environmental samples in Shaanxi Province

地市	检测数	阳性数	阳性率(%)	χ^2 值	*P* 值
西安	104	69	66.35	62.780	<0.001
汉中	228	50	21.93		
安康	199	65	32.66		
样本类别					
环境水体等	278	94	33.81	0.112	0.738
水产品	253	90	35.57		
传播环节					
销售	271	114	42.07	12.778	<0.001
养殖	260	70	26.92		
合计	531	184	34.65		

在环境样本中，环境水样的阳性率为 33.81%(137/405)，水产品样本的阳性率为 35.57%(47/126)。在水产品样本中，甲鱼的检出率最高，达到 46.56%(37/79)，明显高于其他水产品的 23.77%(10/47)。从样本采集环节来看，销售环节样本的阳性率为 42.07%(79/188)，高于养殖环节的 26.92%(36/134)，江河等自然水体与养殖水、不同年份以及环境样本与水产品检出率之间无差异。见表 2、3。

表 2　不同水体样本霍乱弧菌检出阳性率情况

Table 2　Positive detection rates of *Vibrio cholerae* in different water samples

样本类别	检测数	阳性数	阳性率(%)	χ^2 值	*P* 值
自然水体	102	40	39.22	1.737	0.187
养殖水体	176	54	30.68		
合计	278	94	33.81		

表 3　甲鱼与其他水产品样本霍乱弧菌检出阳性率情况

Table 3　Detection rates of *Vibrio cholerae* in turtle and other aquatic products samples

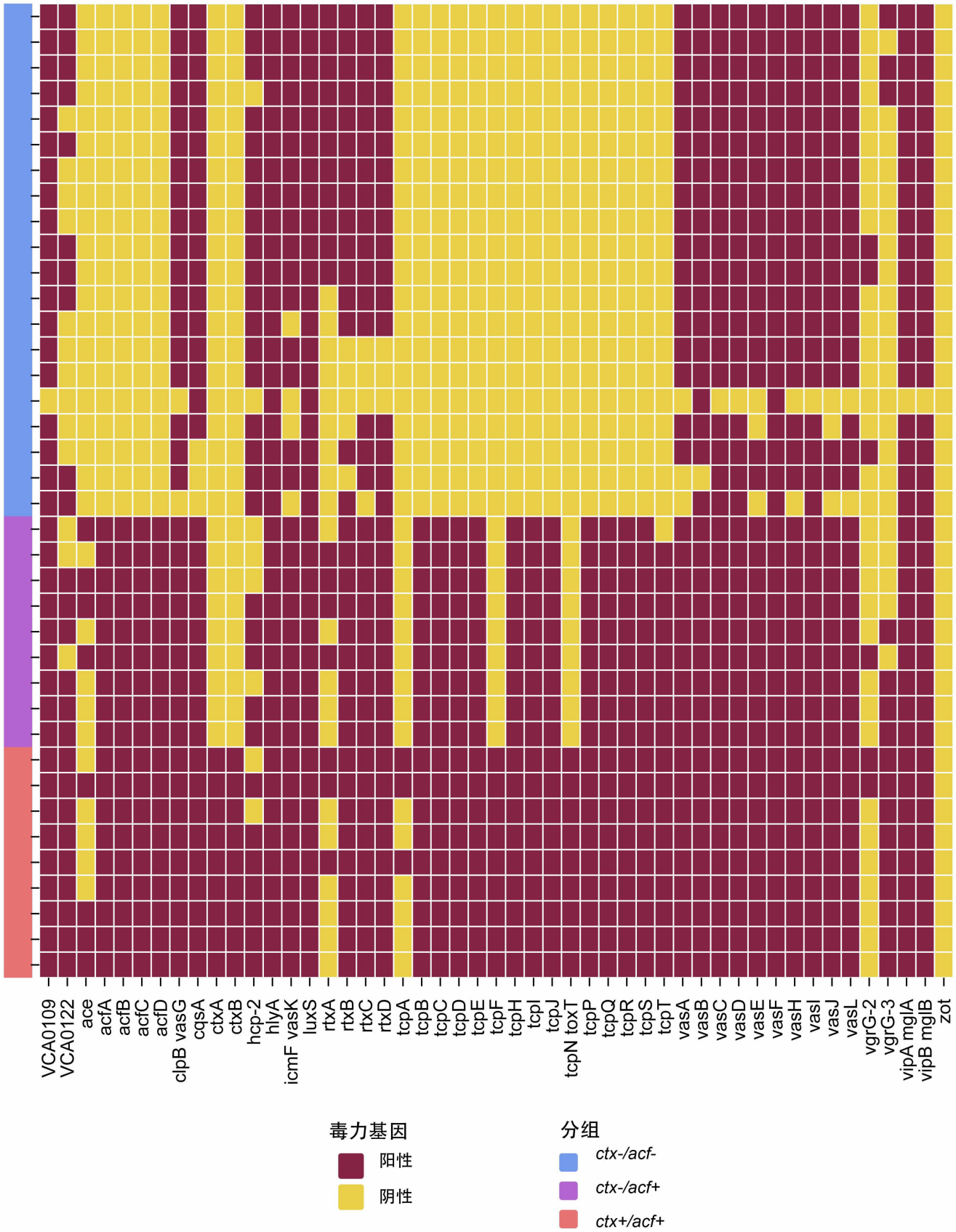
样本类别	检测数	阳性数	阳性率(%)	χ^2 值	*P* 值
甲鱼	131	61	46.56	13.344	<0.001
其他水产	122	29	23.77		
合计	253	90	35.57		

2.2　*血清群*　对 198 株霍乱弧菌进行玻片凝集血清分型及 O1/O139/CTX 多重荧光定量 PCR 检测，其中 O1 群 3 株，*CTX* 毒力基因阴性，O139 群 13 株，有 3 株 *CTX* 毒力基因阳性。非 O1 非 O139 群 181 株，有 6 株 *CTX* 毒力基因阳性，环境及水产品样本 *CTX* 阳性率为 3.26%。

2.3　*毒力基因*　通过 VFDB 数据库查询预测共有毒力基因 8 类 48 种 4 690 个。所有菌株均有 hlyA(霍乱弧菌细胞毒素)、lusX(S- 核糖基高半胱氨酸酶)及 vasF(VI 型分泌系统蛋白 VasF)，大部分菌株均有 VI 型分泌系统的相关毒力基因如：*vas*（192）、*vgr*G(46)、*VCA*(190)等，RTX 毒素相关毒力基因如 *rtx*C(187)、*rtx*D(187)、*rtx*B(185)；有 18 株菌携带有 acf(辅助定植因子)及毒素共调节菌毛蛋白(tcp)相关毒力基因，占 9.09%(18/198)，有 9 株携带有 CTX（霍乱肠毒素）、ace（辅助霍乱肠毒素）等毒力基因，占 4.55%(9/198)。见图 1。

携带 *CTX* 毒力基因的菌株有 2 株来自病例，4 株来自甲鱼，2 株来自养殖水体，1 株来自其他水产品(多宝鱼)。环境及水产品样本中 *CTX* 毒力基因检出率为 3.80%(7/184)，*CTX* 阳性的菌株同时也有较多的其他毒力基因，例如来自汉中市 2022 年霍乱病例菌株，携带 41 个毒力基因，其次是 2023 年安康市的甲鱼分离菌株，有 40 个毒力基因，汉中市 2022 年病例密切接触者的菌株有 39 个毒力基因，另外 2024 年西安市、汉中市甲鱼分离菌株均携带了 37～39 个毒力基因。

不同样本类别中来自病人样本的菌株携带毒力基因最多，平均 26.85 个(349/13)，其次为甲鱼样本，平均 26.00 个(1 352/52)，其他水产品平均为 23.85 个(954/40)，养殖水体为 23.29 个(955/41)，最小的为自然水体的 22.98 个(1 080/47)。不同样本间毒力基因数量分布具有差异性(F=2.44，P<0.05)。



注:图中包含所有 acf+ 菌株 18 株(含 ctx+ 菌株 9 株,ctx– 菌株 9 株),ctx–/acf– 菌株随机选择 18 株。

图 1 36 株霍乱弧菌毒力基因检出情况

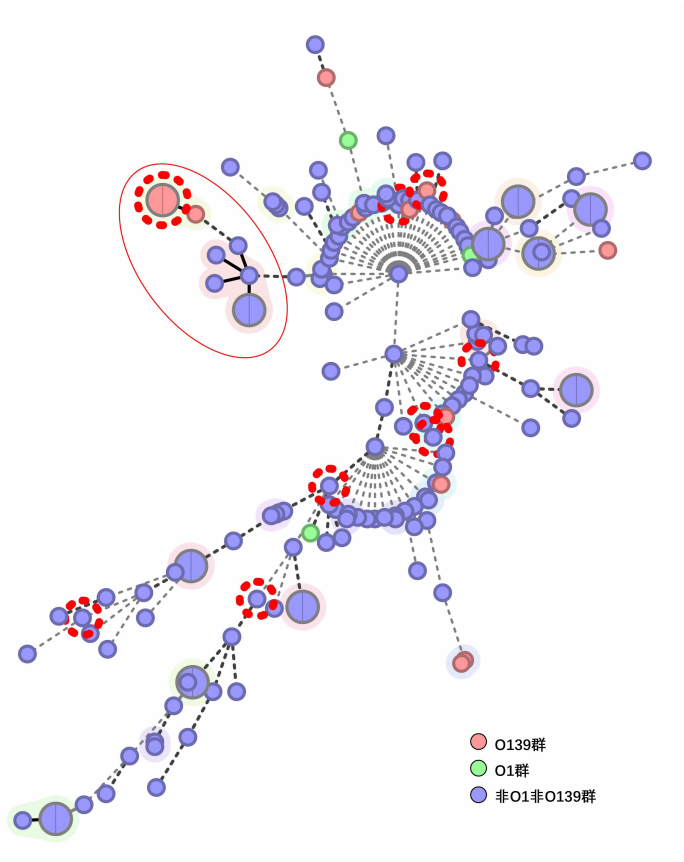
Figure 1 Detection of virulence genes in 36 *Vibrio cholerae* strains

2.4 cgMLST 分型 全基因组测序数据分析对霍乱弧菌进行了传统的 MLST 型,共分型成功 49 个 ST 型,其中 ST168 最多,有 6 株,ST1600、ST689、ST846 各 4 株,ST69、ST718、ST853、ST886 各 3 株,ST1160、

ST1213、ST1310、ST1317、ST1723、ST271、ST334 各 2 株，有 1 株的 ST 型有 33 株，另外还有 117 株未分型。

筛选核心基因组良好的等位基因位点 80%以上的菌株共 176 株进行 cgMLST 分析，发现 *CTX* 阳性的菌株 cgMLST 位点覆盖在 90%以上。绘制 MST 图聚类结果显示，以 20 个等位基因为距离计算，共有 26 个 MST Cluster，携带毒力基因的霍乱弧菌聚在一个分支，其中有 3 株 O139 群 ST69 型聚为一簇，2 株分离自汉中市的病人样本，另一株分离自安康市甲鱼样本，相差 2 个等位基因，ST168 型 5 株聚为一簇，等位基因相差 4～16 个，均分离自甲鱼相关的样本。另一株 O139 群分离自多宝鱼样本的菌株相差等位基因 33 个，与人体样本之间相差 1 282 个等位基因。其余无毒力基因的菌株之间变异很大，无论是 O1 群、O139 群和非 O1 非 O139 群，相差多在 2 000 个等位基因左右。其余的 Cluster 中的菌株，多为同一时段分离自同一地点相同的样本。人群分离的非 O1 非 O139 且 CTX(–)菌株与环境菌株无明显关联，2023 年雁塔区 2 株腹泻病例较接近，其余菌株均较分散。见图 2。

2.5　cgSNP 分析　对 *CTX* 阳性的 9 株霍乱弧菌进行 cgSNP 分析，共查找到 ST69 与 ST168 分属于不同分支之间相差 8 100 个 SNPs，2 株分离自汉中市的病人样本，另一株分离自安康市有甲鱼样本，相差 2 个 SNPs。另外 6 株分离自甲鱼相关样本的 ST168 型，菌株之间相差 4～13 个 SNPs，同一时间同一地点分离菌株 SNP 无差异。见图 3。



注：图中椭圆圈中的为 *CTX* 阳性菌株，红色虚圈为人源菌株。

图 2　霍乱弧菌 cgMLST 分型 MST

Figure 2　Minimum Spanning Tree (MST) of *Vibrio cholerae* by cgMLST



图 3　*CTX* 阳性霍乱弧菌 cgSNP 分析系统发育树图

Figure 3　Phylogenetic tree of CTX–positive *Vibrio cholerae* by cgSNP analysis

3　讨　论

自 2022 年起，陕西省逐步实施了霍乱弧菌监测项目，重点覆盖了陕南地区的汉中市、安康市以及省会西安市等关键区域。监测活动包括采集各类水体和水产品的样本，并收集了部分临床病例中的霍乱分离菌株，首次对陕西省霍乱弧菌的分布和病原学特征进行了深入研究。监测结果揭示了霍乱弧菌在环境中的检出率为 34.65%，这一比例高于国内广州[6]、梧

州市[7]、赣州市[8]的报告数据，与广东省清远市近年来的监测结果相近[9]，这一趋势与近年来霍乱疫情的上升趋势相吻合。西安市的阳性检出率显著高于汉中市和安康市，主要由于西安市的采样地点均为大型海鲜水产批发市场，样本类型繁多且市场流通量大，从而增加了霍乱弧菌的传播风险。相比之下，汉中市和安康市的采样点主要集中在小型养殖水体、自然水体或小型市场，因此检出率相对较低。本研究的监测数据表明，在销售环节的阳性率明显高于养殖环节，可能与销售环节为来自各地水产品的集散地，流通交易频繁，环境卫生较养殖环节差有关。虽然环境样本霍乱弧菌阳性率较高，但同期临床感染霍乱病例并不多，一方面近年来我国用水安全卫生极大改善，像霍乱、细菌性痢疾等介水传播疾病传播风险大幅下降，另一方面临床感染的菌株多为 CTX(–)的弱毒株，国内也有临床分离出非 O1 非 O139 群且无毒力基因的菌株[10-11]，这类霍乱弧菌血流感染事件往往与典型霍乱无关[12]。本研究临床病例中有 5 株血液分离株及 7 株腹泻样本分离株，均为 CTX(–)的非 O1 非 O139 菌株，与环境及水体监测的多数菌株一致，对人群致病力较低，流行传播风险较小。

近年来国内典型的霍乱疫情多通过甲鱼等食物散发传播[13-14]。本研究水产品样本中，甲鱼的阳性率显著高于其他水产品，这与广东省[9]等 12 个省市[15]的报道一致。且携带 *CTX* 毒力基因的菌株以甲鱼样本最为突出，这些菌株有可能引起典型的严重霍乱腹泻症状。提示我们在养殖、流通销售环节以及甲鱼是霍乱弧菌传播的关键环节。在本研究中，还发现 3 株血清群为 O1 的菌株和 10 株 O139 群的菌株，但未携带 *CTX* 毒力基因，属 O1 或 O139 群非产毒菌株，其致病力有限，症状多不典型[16-17]。近年来，国内外有报道非 O1 非 O139 型菌株携带 *CTX* 毒力基因并引起霍乱的情况[18]，本研究也发现有 6 株 *CTX*(+)的非 O1 非 O139 群菌株，此类菌株可能具有较强的致病潜力及传播风险，应予以关注。

霍乱弧菌的基因组中含有由丝状溶原性噬菌体 CTXϕ 编码的霍乱肠毒素基因 *ctx*AB[19]，以及 *tcp–acf* 基因簇、整合酶基因、转位酶基因，这些连同两侧的 att 序列共同构成了霍乱弧菌的毒力岛[20]。值得注意的是，尽管某些菌株的 *CTX* 检测结果为阴性，但若它们携带毒力岛，同样需要引起我们的重视。本研究的数据显示，9 株 *CTX* 基因阳性的菌株均含有由 acf 及 tcp 相关基因构成的毒力岛(ctx+/acf+)，并且这些菌株往往携带更多的其他毒力基因，为典型的霍乱强毒株，具有较强的致病性。相比之下，大多数 *CTX* 阴性的菌株并不包含毒力岛的相关基因(ctx–/acf–)，一般认为致病性较弱。然而，本研究中还发现 9 株 *CTX* 基因阴性但具有毒力岛结构的菌株(ctx–/acf+)，它们的毒力基因表达受到抑制，导致致病性显著降低[21]。据报告，水产毒株有可能将溶原性噬菌体转移给这些菌株，使它们重新获得致病力[22]。因此，那些携带有毒力岛 *tcp–acf* 基因簇的菌株可能成为潜在的毒力菌株，应加强基因组水平的监测并研究其毒力因子传递的规律。

通过对霍乱弧菌核心基因组的遗传进化和变异进行分析，可以实现分子溯源和进化关系的深入研究，这对于霍乱的防控具有至关重要的意义[23]。本研究采用 cgMLST 分析方法揭示，*CTX* 基因阴性的菌株之间存在较大变异，不同菌株间的等位基因差异可高达上千个，而 *CTX* 阳性的菌株则相对稳定，这表明毒力基因的存在可能对菌株的遗传稳定性产生影响。*CTX* 阳性的 9 株霍乱弧菌基因组显著大于 *CTX* 阴性的菌株，且 cgMLST 核心位点的覆盖度均超过 90%，这说明遗传稳定性与毒力基因岛的完整性密切相关。进一步的 cgSNP 分析显示，*CTX* 阴性的菌株间 SNP 位点差异高达数万个，而 *CTX* 阳性基因的菌株差异较小，除了相同序列类型(ST)的菌株外，大多数菌株之间并不紧密相关[16]。本研究构建的系统发育树显示，ST69 型与 ST168 型之间的 SNPs 差异为 8 100 个，而相同 ST 型内的差异不超过 13 个。ST69 型是近年来国内流行的菌株[24]，2022 年在汉中市城固县发生的 O139 群霍乱疫情中，ST69 型菌株被发现，当年未能追溯到源头[1]。然而，2023 年在安康市某水产品市场销售的甲鱼中检测出 *CTX* 阳性的 O139 群菌株，与临床病例中的菌株仅相差 2 个 SNPs，这表明这些菌株之间可能存在某种潜在的关联性，但在时间序列上存在矛盾。有可能该毒株在国内，随着甲鱼等水产品隐匿传播[25]，需要更多的样本及流行病学证据来证实。而人群分离的非 O1 非 O139 菌株之间无关联，与环境菌株遗传距离也较远无关联，与弧菌属基因组变异较大有关。

对陕西省霍乱弧菌的病原学特征进行分析后发现，省内水体及养殖、销售环节中均存在霍乱弧菌的检出情况。特别是与甲鱼相关的链条样本中，*CTX* 阳性菌株的检出率较高，且与病例有一定关联，这提示我们需要关注其潜在的传播风险。本研究仅覆盖了三个地市的霍乱弧菌监测，后续可扩大监测范围，重点关注 *CTX* 毒力基因。加强甲鱼养殖环境的监测与消毒，提高公众的卫生意识，加强肠道传染病防控知识的宣传，确保生熟食物分开处理，从而降低霍乱疫

情的发生概率。

利益冲突声明　本研究不存在任何利益冲突

参考文献

[1] WHO. Cholera, 2022 [J]. Weekly Epidemiological Record, 2023, 98 (38): 431–452.

[2] 刘凤凤,宋杨,易瑶,等. 2005—2024 年中国霍乱疫情的流行特征和感染来源分析 [J]. 中华预防医学杂志,2025,59(6):877–883.
Liu FF, Song Y, Yi Y, et al. Epidemiological characteristics and infection sources of cholera in China from 2005 to 2024 [J]. Chinese Journal of Preventive Medicine, 2025, 59(6): 877–883.(In Chinese)

[3] 刘东立,陈雅丽,张振才,等. 2022 年陕西省一起霍乱疫情调查及全基组溯源分析[J]. 疾病监测,2024,39(7):945–950.
Liu DL, Chen YL, Zhang ZC, et al. Investigation and whole genome sequencing analysis of a cholera epidemic in Shaanxi,2022 [J]. Disease Surveillance, 2024, 39(7): 945–950.(In Chinese)

[4] Jünemann S, Sedlazeck FJ, Prior K, et al. Updating benchtop sequencing performance comparison[J]. Nature Biotechnology, 2013, 31(4): 294–296.

[5] Chen LH, Zheng DD, Liu B, et al. VFDB 2016: hierarchical and refined dataset for big data analysis––10 years on [J]. Nucleic Acids Research, 2016, 44(D1): D694–D697.

[6] 江媚. 2020–2022 年广州市海珠区霍乱监测结果分析[J]. 中国卫生标准管理,2024,15(16):23–26.
Jiang M. Analysis of cholera surveillance results in Haizhu district, Guangzhou city from 2020 to 2022 [J]. China Health Standard Management, 2024, 15(16): 23–26.(In Chinese)

[7] 林静梅, 冼桂江. 2012–2023 年梧州市水产品和水体中 O1/O139 群霍乱弧菌监测结果分析 [J]. 热带病与寄生虫学,2024,22(1):23–26, 36.
Lin JM, Xian GJ. Analysis of monitoring results of o1/o139 serogroups of vibrio cholerae in aquatic products and water bodies in Wuzhou city from 2012 to 2023 [J]. Tropical Diseases and Parasitology, 2024, 22(1): 23–26, 36.(In Chinese)

[8] 邬楚楚,唐满妹,赖小玲. 赣州市 2017–2024 年水产品和水体中霍乱弧菌监测结果分析 [J]. 赣南医科大学学报,2025,45(7):667–671.
Wu CC, Tang MM, Lai XL. Analysis of monitoring results of Vibrio cholerae in aquatic products and water bodies in Ganzhou from 2017 to 2024 [J]. Journal of Gannan Medical University, 2025, 45(7): 667–671.(In Chinese)

[9] 王美欢,卢媛,梁瑞贤,等. 广东省职业教育城非 O1/非 O139 群霍乱弧菌监测结果 [J]. 现代疾病预防控制,2024,35(10):801–804.
Wang MH, Lu Y, Liang RX, et al. Monitoring results of non–O1/non–O139 Vibrio cholerae in Guangdong Vocational Education City[J]. Modern Disease Control and Prevention, 2024, 35 (10): 801–804.(In Chinese)

[10] 马天驰,白露,解柔刚,等. 非 O1 群非 O139 群霍乱弧菌血流感染的诊疗及防控 2 例报告[J]. 中国感染控制杂志,2024,23(6):687–691.
Ma TC, Bai L, Xie RG, et al. Diagnosis, treatment, prevention and control of bloodstream infection caused by non–O1/non–O139 Vibrio cholerae: two cases report [J]. Chinese Journal of Infection Control, 2024, 23(6): 687–691.(In Chinese)

[11] 陈辉积,刘永诺,蔡小廷,等. 1 起非 O1/非 O139 群霍乱弧菌感染性腹泻暴发疫情的病原学分析 [J]. 预防医学论坛,2023,29(7):511–514, 532.
Chen HJ, Liu YN, Cai XT, et al. Pathogenic analysis of a cholera outbreak caused by Non–O1/Non–O139 vibrio cholerae infection[J]. Journal of Preventive Medicine Forum, 2023, 29 (7): 511–514, 532.(In Chinese)

[12] 李红森,赵越,张妮. 非 O1/O139 群霍乱弧菌致肝硬化失代偿期患者血流感染 1 例 [J]. 中国感染控制杂志,2024,23(4):527–529.
Li HS, Zhao Y, Zhang N. Bloodstream infection caused by non–O1/O139 Vibrio cholerae in patient with decompensated cirrhosis: one case report [J]. Chinese Journal of Infection Control, 2024, 23(4): 527–529.(In Chinese)

[13] 夏军林,周太阳,刘建,等. 2024 年 8 月豫南一起水产品引起的霍乱疫情调查[J]. 现代疾病预防控制,2025,36(8):600–604.
Xia JL, Zhou TY, Liu J, et al. Investigation in to a cholera epidemic caused by aquatic products in Southern Henan in August 2024[J]. Modern Disease Control and Prevention, 2025, 36 (8): 600–604.(In Chinese)

[14] 张海兵,赵宏伟,丁丽娟,等. 一起 O139 霍乱疫情的流行病学和溯源调查及毒力因子分析[J]. 中国热带医学,2025,25(3):371–375.
Zhang HB, Zhao HW, Ding LJ, et al. Epidemiological and trace–back investigation and virulence factors analysis of an O139 cholera outbreak[J]. China Tropical Medicine, 2025, 25(3): 371–375.(In Chinese)

[15] 张静,常昭瑞,钟豪杰,等. 12 个省市自治区水产品霍乱弧菌污染情况调查[J]. 中华预防医学杂志,2007,41(3):208–211.
Zhang J, Chang ZR, Zhong HJ, et al. Investigation on status of pollution of vibrio cholera in seafood and aquatic products in 12 provinces of China in 2005 [J]. Chinese Journal of Preventive Medicine, 2007, 41(3): 208–211.(In Chinese)

[16] 彭李,杨琳,袁春节,等. 一起非产毒霍乱弧菌感染疫情调查处置与思考[J]. 应用预防医学,2024,30(6):468–471.
Peng L, Yang L, Yuan CJ, et al. Investigation, disposal and reflection on an outbreak of non–toxigenic vibrio cholerae infection [J]. Journal of Applied Preventive Medicine, 2024, 30(6): 468–471.(In Chinese)

[17] 刘江艺,刘淑清,陈婷婷,等. 泉州市一起非产毒 O1 群小川型霍乱弧菌感染性腹泻疫情分析 [J]. 海峡预防医学杂志,2024,30(4):70–72.
Liu JY, Liu SQ, Chen TT, et al. Analysis of an infectious diarrhea outbreak caused by non–toxigenic O1 serogroup Ogawa vibrio cholerae in Quanzhou city [J]. Strait Journal of Preventive Medicine, 2024, 30(4): 70–72.(In Chinese)

[18] 吴春敏,胡凤清,刘承毅,等. 一起非 O1/O139 群霍乱弧菌引起的霍乱病原学特征分析[J]. 疾病预防控制通报,2024,39(3):6–9.
Wu CM, Hu FQ, Liu CY, et al. Analysis of pathogenic characteristics of cholera caused by non–O1/O139 Vibrio cholera [J]. Endemic Diseases Bulletin(China), 2024, 39(3): 6–9.(In Chinese)

[19] Waldor MK, Rubin EJ, Pearson GD, et al. Regulation, replication, and integration functions of the Vibrio cholerae CTXphi are encoded by region RS2[J]. Molecular Microbiology, 1997, 24(5): 917–926.

[20] Harkey CW, Everiss KD, Peterson KM. The vibrio cholerae toxin–coregulated–pilus gene tcpI encodes a homolog of methyl–accepting chemotaxis proteins [J]. Infe ction and Immunity, 1994, 62 (7): 2669–2678.

[21] 阚飙,祁国明,刘延清,等. 霍乱弧菌中存在不含霍乱毒素基因的噬菌体 CTXΦ 基因组 [J]. 中华微生物学和免疫学杂志, 1999,19(3):175–179.
Kan B, Qi GM, Liu YQ, et al. Genome of bacteriophage CTXΦ without the presence of ctxAB exists in ctxAB– strains of Vibrio cholerae[J]. Chinese Journal of Microbiology and Immunology, 1999, 19(3): 175–179.(In Chinese)

[22] Waldor MK, Mekalanos JJ. Lysogenic conversion by a filamentous phage encoding cholera toxin [J]. Science, 1996, 272 (5270): 1910–1914.

[23] Liang KYH, Orata FD, Islam MT, et al.A vibrio cholerae core genome multilocus sequence typing scheme to facilitate the epidemiological study of cholera [J]. Journal of Bacteriology, 2020, 202 (24): e00086–20.

[24] 姜敏,毛亚,刘小红,等. 四川省泸州市一起霍乱疫情调查及病原特征分析[J]. 中国国境卫生检疫杂志,2025,48(1):38–41, 69.
Jiang M, Mao Y, Liu XH, et al. Investigation of a cholera epidemic and pathogen characterization in Luzhou, Sichuan province [J]. Chinese Journal of Frontier Health and Quarantine, 2025, 48 (1): 38–41, 69.(In Chinese)

[25] 陈丹, 巫光琴. 2023 年重庆市一起聚餐引起跨区霍乱疫情的调查分析[J]. 食品安全导刊,2025,19(26):43–46.
Chen D, Wu GQ. Investigation and analysis of a Cross–District cholera outbreak caused by a banquet in Chongqing in 2023 [J]. China Food Safety Magazine, 2025, 19(26): 43–46.(In Chinese)

收稿日期:2025–08–02

(上接第 153 页)

178–184.(In Chinese)

[22] Yang LL, Guo C, Li GY, et al. Mobile phone addiction and mental health: the roles of sleep quality and perceived social support [J]. Frontiers in Psychology, 2023, 14: 1265400.

[23] Viering T, Naaijen J, van Rooij D, et al. Amygdala reactivity and ventromedial prefrontal cortex coupling in the processing of emotional face stimuli in attention–deficit/hyperactivity disorder [J]. European Child & Adolescent Psychiatry, 2022, 31(12): 1895–1907.

[24] 高峰青,龚勋. 大学生问题性社交网络使用与睡眠质量的关系:基于平行潜变量增长模型[J]. 黑龙江高教研究,2022,40(11):123–128.
Gao FQ, Gong X. The Co–relation Between College Students' Use of Problematic Social Network and Their Sleep Quality: Based on Parallel Latent Growth Modeling [J]. Heilongjiang Researches on Higher Education, 2022, 40(11): 123–128.(In Chinese)

[25] Moon J, Kwon J, Mun Y. Correction: relationship between radiofrequency–electromagnetic radiation from cellular phones and brain tumor: meta–analyses using various proxies for RF–EMR exposure–outcome assessment [J]. Environmental Health, 2024, 23 (1): 97.

收稿日期:2025–07–06

读者·作者·编者

声 明

《现代预防医学》的官方网站为 http://xdyfyxzz.paperopen.com，本刊的办刊地址为成都市人民南路三段 17 号，四川大学华西公共卫生学院，电话为 028–85503354。本刊没有委托任何网站或中介代为征稿审稿编辑等，敬请广大作者谨防上当，否则后果自负。对于冒充本刊编辑部从事征稿等行为的网站，本刊将通过法律程序追究其责任。

《现代预防医学》编辑部