· 公共卫生案例 ·

2024 年河南省一起小学麻疹暴发疫情调查

刘迎迎[1,2]，肖占沛[2]，张延炀[1,2]，丰达星[2]，李军[2]，张肖肖[2]，郭永豪[2]，路明霞[2]，杜冰会[2]，史鲁斌[2]，张明瑜[2]，马雅婷[2]，唐玉婷[1,2]

1. 郑州大学公共卫生学院，郑州 450001；
2. 河南省疾病预防控制中心免疫预防与规划所，郑州 450016
通信作者：张延炀，E-mail：zhangyy1984@139.com

【摘　要】目的 调查分析河南省一起小学麻疹暴发疫情，为麻疹疫情防控工作提供参考依据。**方法** 对中国疾病预防控制信息系统报告的与本次疫情相关的疑似病例进行现场流行病学调查和疫情处置，采集疑似病例及密切接触者的血液、咽拭子样本。实验室检测包括麻疹病毒血清学检测、核酸检测和基因型鉴定，采用 Excel 2019 软件进行数据分析。**结果** 2024 年 5 月，河南省报告一起小学麻疹暴发疫情，确诊病例 3 例，2 例测序后为 B3 基因型；病例出现发热、出疹等典型症状。病例所在年级明确有≥2 剂次含麻疹成分疫苗（MCV）免疫史的学生占 75.41%（276/366）；8.47%（31/366）的学生无 MCV 免疫史。采取应急接种、查漏补种等处置措施后，疫情得到有效控制。**结论** 该起暴发疫情由麻疹病毒株 B3 基因型引起，学校人口密集以及免疫屏障薄弱是本次疫情暴发的主要因素，建议完善学校入学接种证查验及补种制度，提高 MCV 覆盖率，筑牢免疫屏障。
【关键词】 麻疹；B3 基因型；小学；麻疹病毒；基因型鉴定；血清学检测；麻疹成分疫苗；河南省

A measles outbreak in an elementary school in Henan province, 2024: a case report

LIU Yingying[1,2], XIAO Zhanpei[2], ZHANG Yanyang[1,2], FENG Daxing[2], LI Jun[2], ZHANG Xiaoxiao[2], GUO Yonghao[2], LU Mingxia[2], DU Binghui[2], SHI Lubin[2], ZHANG Mingyu[2], MA Yating[2], TANG Yuting[1,2] (*1. College of Public Health, Zhengzhou University, Zhengzhou* 450001, *China*; *2. Institute for Immunization Prevention and Programme, Henan Provincial Center for Disease Control and Prevention, Zhengzhou* 450016, *China*)
Corresponding author: ZHANG Yanyang, E-mail: zhangyy1984@139.com

【Abstract】 Objective To investigate and analyze a measles outbreak in an elementary school in Henan province, thereby providing a basis for the prevention and control of measles outbreaks. **Methods** On-site epidemiological investigation and outbreak disposition were carried out for the suspected cases related to this outbreak reported by the China Disease Control and Prevention Information System. Blood and pharyngeal swab specimens were collected from suspected cases and close contacts. Laboratory tests included serological testing, nucleic acid testing, and genotyping for measles virus, and data were analyzed in Excel 2019 software. **Results** An outbreak of measles in an elementary school was reported in May 2024 in Henan province, with three confirmed cases, two of which were sequenced to be of the B3 genotype. The cases showed typical symptoms such as fever and rash. Among the students in the grades where the cases were located, 75.41% (276/366) had a history of immunization with ≥2 doses of measles component-containing vaccine (MCV) and 8.47% (31/366) had no history of immunization with MCV. The outbreak was effectively controlled after taking emergency vaccination, catch-up vaccination after checking for missed cases, and other measures. **Conclusions** The outbreak is caused by a measles virus strain of B3 genotype, and the dense school population and weak immunization barriers are main factors for this outbreak. In the future, efforts should be made to improve the system of school enrollment vaccination certificate verification and catch-up vaccination, increase the coverage of MCV, and build a strong immunization barrier.
【Keywords】 measles; B3 genotype; elementary school; measles virus; genotyping; serological testing; measles containing vaccine; Henan province

麻疹是由麻疹病毒（measles virus, MeV）引起的具有高度传染性的急性发热出疹性疾病，潜伏期为 6～21 d，主要通过呼吸道飞沫传播，在人口密集且疫苗接种率不高的地区易发生流行[1]。实现疫苗高接种率使人群免疫力维持在较高水平是实现消除麻疹的基础，快速有效地调查处置暴发疫情亦是消除麻疹的重要措施。自 2011 年河南省与全国同步开展强化免疫后，河南省麻疹发病率呈显著下降趋势，暴发疫情的规模和数量也明显减少[2]。近年来，全球麻疹疫情呈现上升趋

开放获取：CC BY-NC-ND 4.0　DOI：10.11847/zgggws1147102
基金项目：河南省医学科技攻关联合共建项目（LHGJ20220155）
第一作者：刘迎迎（2001—），硕士在读，研究方向：流行病学。
收稿日期：2025-02-14　修回日期：2025-03-14　录用日期：2025-10-17
利益冲突：不存在　伦理审查：已获取　出版授权：全体作者已与编辑部签署作者贡献声明及版权转让协议

势，已消除麻疹的欧美地区亦出现麻疹疫情卷土重来趋势[3–5]。因此，麻疹疫情回升带来的输入性风险不容忽视。2024 年 5 月，河南省某小学共报告麻疹病例 3 例，为全省自 2016 年以来首起校园麻疹暴发疫情。本研究通过对此次疫情的流行病学特征及处置情况进行分析，为麻疹疫情防控工作提供参考依据。

1 对象与方法

1.1 对象 通过“中国疾病预防控制信息系统”的“麻疹监测信息报告管理系统”，对河南省 2024 年 5 月 12—13 日报告的 3 例麻疹疑似病例进行现场流行病学调查。

1.2 方法

1.2.1 相关定义[6] (1)疑似病例：出现发热、出疹，伴咳嗽、卡他性鼻炎、结膜炎等症状之一者。(2)确诊病例：疑似病例中血样本检测麻疹 IgM 抗体阳性者或核酸阳性者。(3)麻疹暴发疫情：指以村（居委会、学校或其他集体机构）为单位，10 d 内发生≥2 例麻疹；以乡（镇、社区、街道）为单位，10 d 内发生≥5 例麻疹；以县为单位，7 d 内发病水平较前 5 年同期平均水平升高 1 倍以上。(4)疫情结束：最后 1 例麻疹病例发病后 21 d 内无新发病例可判断为暴发疫情结束。

1.2.2 现场调查 (1)个案调查及采样：按照《全国麻疹监测方案》(2014 年)[6] 中的麻疹监测病例流行病学个案调查表，由专业人员对相关病例进行现场调查。调查内容包括基本信息、临床信息、暴露史、麻疹既往病史、疫苗接种史、居住地和其发病前 7～21 d 以及在传染期的活动轨迹等；并采集病例急性期血液样本和咽拭子样本。为了解疫情的波及规模，对同班学生等密切接触者人员进行血液和咽拭子采样，检测血清 IgM 和核酸。(2)病例搜索：通过查阅该县全部医疗机构（内科、儿科、皮肤科、传染病科等）自 2024 年 3 月 4 日以来的门诊日志、出入院登记等诊疗记录，搜索既往发热或出疹病例；对该县全部中小学严格落实晨、午检查，根据缺勤记录对缺勤的学生进行电话调查和登记，符合麻疹疑似病例的进行个案调查、采样检测，坚持日报告为零报告 3 周以上；此外，对病例所在社区及附近住户，通过走访搜索病例。(3)接种率评估：采用入户查看接种证及查阅河南省免疫规划信息管理系统的方式，收集病例所在小区<7 岁儿童以及疫情发生学校所有学生含麻疹成分疫苗（measles containing vaccine, MCV）的接种情况。

1.2.3 实验室检测 血清学检测使用德国维润赛润公司提供的试剂盒，参照说明书，采用酶联免疫吸附试验（enzyme-linked immunosorbent assay, ELISA）检测疑似病例及密切接触者的麻疹 IgM 抗体。使用江苏硕世生物科技有限公司提供的麻疹病毒核酸检测试剂盒（荧光定量 PCR 法）对疑似病例的咽拭子样本进行核酸检测。对麻疹核酸阳性咽拭子样本进行麻疹病毒分离培养，同时进行麻疹病毒 N（Nucleoprotein, N）基因编码序列羧基（COOH）末端对应的 450 个核苷酸序列（N450）进行测序，对所得序列与基因型参考序列进行比对，从而确定基因型。

1.3 统计分析 采用 Excel 2019 软件对数据进行整理，统计疫苗接种率、免疫史构成比等指标，采用描述性方法分析此次疫情流行特征。

2 结 果

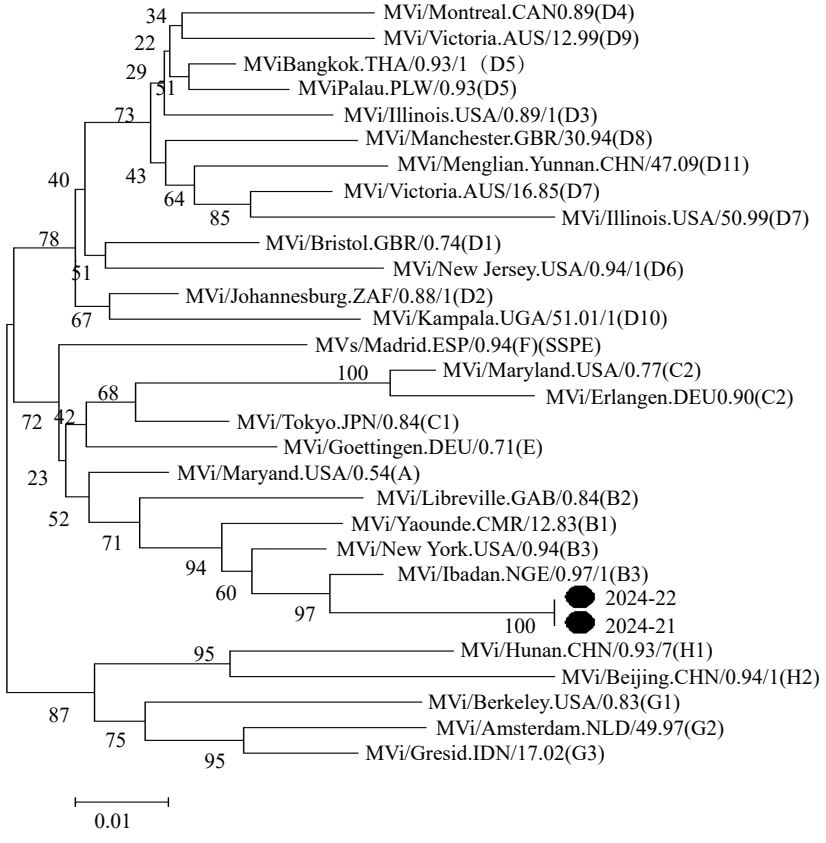
2.1 疫情概况及病例就诊经过（表 1） 此次麻疹暴发疫情发生在河南省东南部某县的一所实验中学附属小学。该校为非寄宿制学校，学生共计 3 072 人，教职工 192 人。该起麻疹暴发疫情共报告 3 例麻疹病例，均为 12 岁，为该小学 6 年级同班同学且座位邻近（该班级学生共 86 人，罹患率为 3.49%）。病例 1，首发病例，女生，曾在 2024 年 5 月 2—3 日前往邻近省份儿童医院陪其弟看病，并在附近商场购物；5 月 6 日发热 38.7 ℃，自行口服退烧药后正常返校上课；5 月 9 日，出现皮疹，下午放学后量体温至 39.3 ℃，前往一诊所就诊，诊断为“病毒疹”；5 月 10—11 日，前往该县医院就诊，以“感染性发热”收治于该县人民医院感染科。病例 2，男生，发病前 21 d 无旅游史，于 5 月 9 日出现发热，前往该县一诊所输液；5 月 13 日前往县人民医院发热门诊就诊，以“感染性发热”收治于县人民医院感染科。病例 3，女生，发病前 21 d 无旅游史，于 5 月 10 日出现发热 39.5 ℃，颈部出现散在红疹。5 月 11—12 日，持续高热，红疹增加，前往某卫生院就诊；医生问诊后未开药，嘱咐其回家继续观察。

表 1 2024 年河南省一起小学麻疹暴发疫情确诊病例情况
Table 1 Confirmed cases of a measles outbreak in an elementary school in Henan province, 2024

病例	性别	年龄/岁	发病日期/(年/月/日)	就诊日期/(年/月/日)	免疫史/剂	末次疫苗接种日期/(年/月/日)	诊断依据	基因型	转归
1	女生	12	2024/5/6	2024/5/8	2	2013/11/14	IgM、核酸阳性		痊愈
2	男生	12	2024/5/9	2024/5/9	2	2013/8/28	IgM、核酸阳性	B3	痊愈
3	女生	12	2024/5/10	2024/5/11	1	2014/6/28	IgM、核酸阳性	B3	痊愈

2.2 临床特征　本次确诊的 3 例病例症状典型，均出现发热、出疹，伴咳嗽、流涕等症状，面部、前胸、后背有散在红色斑丘疹，口腔、咽部周围有红晕的白色斑点。

2.3 病原学特征（图 1）　3 例麻疹病毒核酸检测均为阳性，其中病例 2 和病例 3 咽拭子样本经 RT-PCR 扩增后测序，聚类分析显示与 B3 基因型参考序列在同一分支。基因序列同源性分析显示，分离自病例 2 和病例 3 的麻疹核苷酸序列完全一致，同源性 100%，与 B3 型参考株序列（MVi/Ibadan.NGE/0.97/1）同源性最高，达到 97.0%。证明这是一起 B3 亚型麻疹野病毒引起的暴发疫情。



注：●为本次测序得到的基因序列。

图 1　2024 年河南省聚集性 B3 基因型麻疹病毒与 WHO 24 个基因型参考株序列的亲缘性关系树

Fig. 1　Phylogenetic tree of aggregated B3 genotype measles viruses in Henan province, 2024 and 24 genotype reference strain sequences of WHO

2.4 疫情处置措施

2.4.1 病例救治与密切接触者管理　对 3 例确诊病例立即进行隔离和对症治疗，均痊愈。对病例所在班级师生及其他密切接触者人员共计 119 人进行核酸和抗体检测，其中 9 人核酸或 IgM 阳性，但无麻疹相关症状，密切接触者按照方案要求居家隔离观察。观察期限为最后一次接触 21 d 后，无新发病例。该起暴发疫情结束。

2.4.2 疑似病例主动搜索　2024 年 5 月 13 日—6 月 3 日，对该县医疗机构、学校、病例所在小区开展病例主动搜索，以“发热、麻疹、疹”等为关键词搜索 HIS 系统，查阅医疗机构门诊日志、出入院登记等记录；对全县中小学校和托幼儿童进行晨午检和因病缺勤学生追踪调查，共搜索发热等症状病例 13 489 例，未发现麻疹疑似及确诊病例。

2.4.3 快速评估人群免疫状况（表 2、3）　对确诊病例所居住的小区进行接种率快速评估调查，共调查 108 人，其中 105 人达到起始免疫年龄，MCV1 接种率为 97.14%，MCV2 接种率为 94.62%，不同年龄组 MCV 接种率情况见表 2。对疫情发生学校开展接种证查验，共查验 3 072 人，有 471 人（15.33%）免疫史不详。查阅到接种证的学生中 82.01% 有≥ 2 剂次 MCV 免疫史，5.27% 无 MCV 免疫史，各年级有≥2 剂次 MCV 免疫史的学生占比在 74.94%～91.07%；病例所在年级≥2 剂次 MCV 免疫史的学生占 75.41%，8.47% 的学生无 MCV 免疫史，见表 3。疫情发生 3 天内对该校（3 264 人）及所属中学（1 287 人）共 4 551 名在校教职工和学生进行麻腮风疫苗应急接种，共计接种 4 173 人，应急接种率达 91.69%。在全县范围内，对<15 岁儿童开展麻疹疫苗查漏补种工作，查漏 10 774 人，实补种 10 257 人，补种率为 95.20%。

表 2 病例所在社区接种率快速评估结果
Table 2 Results of the rapid assessment of vaccination coverage in the community where the cases are located

年龄/岁	MCV1			MCV2		
	应种数/剂次	实种数/剂次	接种率/%	应种数/剂次	实种数/剂次	接种率/%
0～	5	4	80.00	0	0	0.00
1～	12	11	91.67	5	3	60.00
2～	21	20	95.24	21	20	95.24
3～	29	29	100.00	29	29	100.00
4～	11	11	100.00	11	11	100.00
5～	15	15	100.00	15	13	86.67
6～	12	12	100.00	12	12	100.00
合计	105	102	97.14	93	88	94.62

表 3 疫情发生学校接种证查验结果
Table 3 Results of vaccination certificate verification in the school with the outbreak

年级	总人数	持证人数	持证率/%	0剂次		1剂次		≥2剂次	
				人数	构成比/%	人数	构成比/%	人数	构成比/%
1	428	392	91.59	11	2.81	24	6.12	357	91.07
2	475	468	98.53	14	2.99	43	9.19	411	87.82
3	587	523	89.10	31	5.93	49	9.37	443	84.70
4	527	425	80.65	28	6.59	71	16.71	326	76.71
5	565	427	75.58	22	5.15	85	19.91	320	74.94
6	490	366	74.69	31	8.47	59	16.12	276	75.41
合计	3 072	2 601	84.67	137	5.27	331	12.73	2 133	82.01

3 讨 论

近年来，河南省 MCV 接种率一直维持在较高水平[7]。因此，发生大规模麻疹暴发疫情的风险较小，但局部暴发疫情的风险仍然存在。赵东阳等[8]研究显示，7～15 岁、学生和入托儿童的麻疹抗体浓度及阳性率相对其他人群较低。学校因人员密集且人群免疫屏障相对薄弱，历来是肠道及呼吸道等传染病暴发的高风险场所[9-10]。2016—2020 年我国共报告 344 起麻疹暴发疫情，其中发生在学校有 54 起[11]，可见学校依然是麻疹防控的重点场所。然而，国内针对学校麻疹暴发疫情调查处置的研究相对较少。

我国麻疹病毒学监测结果显示，H1 型是我国麻疹病毒流行的绝对优势本土基因型。自 2009 年起，我国陆续监测到国外输入的非 H1 基因型病毒，主要包括 D8、D9、B3 等[12-13]。目前 B3 基因型已经成为非洲大部分地区的本土优势流行基因型，并输入欧洲和美洲等多个国家[4,14-16]。2013 年中国首次在上海分离到 B3 基因型麻疹毒株[17]，之后在江苏省[18]、河北省[19]、福建省[20]等地区陆续有 B3 基因型麻疹病例的报道。本起疫情溯源追踪结果表明，病例 1 可能为传染源，但具体的感染来源尚不明确。此次监测到的麻疹病例与 H1a、D8 等基因型麻疹病例临床表现类似，出现发热、出疹、咳嗽等典型症状[18,21]。麻疹早期症状多为发热、咳嗽等非特异性表现，与其他病毒性感冒难以区分，易出现误诊情况[22]，往往不易引起重视，未及时隔离和治疗，引起疫情扩散。因此，应加强麻疹健康教育和知识培训，对医疗机构医务人员进行麻疹诊断培训，进一步提高麻疹的早期识别和诊断能力。

世界卫生组织认为疫苗接种率≥95% 时，可建立有效的免疫屏障[23]。但接种率现场评估结果显示，病例所在学校 82.01% 的学生有≥2 剂次 MCV 免疫史，其中病例所在年级仅为 75.41%，由于 15.33% 学生免疫史不详，MCV 接种率可能被低估，但是该校 5.27% 的学生无免疫史，且有 1 例确诊病例仅接种 1 剂次 MCV，表明该校免疫屏障相对薄弱，可能促进了本次疫情的传播；与陈泓泓等[24]、吕宛玉等[25]对麻疹暴发疫情的研究结果一致。建议教育部门联合卫生部门制定入学接种证查验及补种制度，提高 2 剂次 MCV 的接种率是预防和控制学校麻疹暴发流行的有效措施。尽管接种疫苗可以有效降低麻疹病毒感染的发生率，但研究表明，麻疹保护性抗体水平随年龄增长逐渐衰减[26]；这可能是确诊病例接种 MCV 后仍然发病的主要原因，与先前研究一致。Ma R 等[27]研究发现，距离末次接种 MCV 的时间

与麻疹发病风险显著相关，距离末次接种 MCV≥10 年的发病风险是<10 年的 4.6～5.5 倍。本次疫情中确诊的 3 例病例距离末剂 MCV 接种间隔为 10～11 年，麻疹抗体水平可能较低，或许是本次疫情暴发的原因之一。建议在疫苗接种后加强对血清抗体的监测，进一步研究疫苗诱导抗体的持久性，针对抗体水平较低的人群进行补充免疫接种。

在麻疹疫苗接种率高覆盖的情况下，对暴发疫情进行及时有效的处置，是我国消除麻疹工作的重点[11]。在此次疫情调查的同时，对病例所在学校、小区开展接种率快速评估，了解周围人群的免疫状况，据此进行应急接种、查漏补种，从而在短期内保护易感者、减少二代病例、阻断病毒持续传播。此外，积极开展全面排查、主动搜索疑似病例，对密切接触者进行排查与隔离是成功阻断此次学校疫情传播的重要措施。

本研究还存在一些局限性。本起暴发疫情，首例病例的感染来源尚不明确；未开展麻疹 IgG 抗体亲和力检测，因而无法判定是否存在原发性和继发性免疫失败。

综上所述，该起小学麻疹暴发疫情由麻疹病毒株 B3 基因型引起，学校人口密集以及免疫屏障薄弱是本次疫情暴发的主要因素。今后应完善学校入学接种证查验及补种制度，提高 MCV 覆盖率，筑牢免疫屏障。同时，应加强血清抗体水平监测，进一步研究疫苗诱导抗体的持久性，针对抗体水平较低的人群开展疫苗补充免疫。此外，加强健康教育和诊断培训对于早期识别病例具有重要意义，以便及时采取措施防止疫情扩散。

数据可用性声明　本研究经河南省疾病预防控制中心医学伦理委员会审批（批号：2026-KY-009-01），原始数据因涉及参与者隐私保护等原因无法公开共享。但经脱敏处理后的数据可在合理请求下向通信作者申请获取。申请需通过伦理委员会审批，并签署数据使用协议。

参考文献

[1] 李兰娟, 任红. 传染病学 [M]. 9 版. 北京: 人民卫生出版社, 2018.

[2] 路明霞, 肖占沛, 马雅婷, 等. 2001—2020 年河南省麻疹流行特征分析 [J]. 河南预防医学杂志, 2023, 34(1): 34-37, 76.

[3] 陈雪婷, 丁亚兴, 张颖. 2020—2022 年全球消除麻疹面临的挑战 [J]. 中华流行病学杂志, 2023, 44(11): 1837-1842.

[4] Minta A A, Ferrari M, Antoni S, et al. Progress toward measles elimination—worldwide, 2000–2023[J]. Morbidity and Mortality Weekly Report, 2024, 73(45): 1036-1042.

[5] Rey-Benito G, Pastor D, Whittembury A, et al. Sustaining the elimination of measles, rubella and congenital rubella syndrome in the Americas, 2019–2023: from challenges to opportunities[J]. Vaccines, 2024, 12(6): 690.

[6] 中国疾控中心免疫规划中心. 全国麻疹监测方案 [EB/OL]. (2015-07-01)[2024-10-12]. https://www.chinacdc.cn/jkyj/mygh02/jswj_mygh/jbfk/202409/t20240925_300910.html.

[7] 李致远, 欧柳阳, 白祎然, 等. 2022 年河南省 0～6 岁儿童国家免疫规划疫苗接种率调查 [J]. 中国疫苗和免疫, 2023, 29(2): 221-226.

[8] 赵东阳, 丰达星, 王文慧, 等. 2018 年河南省健康人群麻疹抗体水平及其影响因素分析 [J]. 微生物学免疫学进展, 2021, 49(4): 49-54.

[9] 汤巧雨, 高玺玉, 宋杨, 等. 2007—2021 年我国诺如病毒急性胃肠炎暴发疫情流行特征及影响因素分析 [J]. 中华流行病学杂志, 2023, 44(5): 751-758.

[10] 夏茄翔, 李杰, 吴朝学, 等. 2020 年四川省一起学校急性呼吸道暴发疫情调查 [J]. 疾病监测, 2024, 39(5): 661-665

[11] 黎祺, 李媛秋, 马超, 等. 2016—2020 年中国麻疹暴发疫情流行特征与处置情况分析 [J]. 中华流行病学杂志, 2021, 42(10): 1817-1822.

[12] 王慧玲, 许文波, 张燕. 中国麻疹消除进展 [J]. 中华医学杂志, 2023, 103(26): 2031-2036.

[13] Wang H, Zhu Z, Duan X, et al. Transmission pattern of measles virus circulating in China during 1993–2021: genotyping evidence supports that China is approaching measles elimination[J]. Clinical Infectious Diseases, 2023, 76(3): e1140-e1149.

[14] Dote J, Tricou V, Gnikpingo L K, et al. Molecular characterization of measles viruses in Central African Republic, 2012–2016[J]. Journal of Medical Virology, 2023, 95(8): e29003.

[15] Masresha B G, Hatcher C, Lebo E, et al. Progress toward measles elimination—African region, 2017–2021[J]. Morbidity and Mortality Weekly Report, 2023, 72(36): 985-991.

[16] Rota P A, Brown K, Mankertz A, et al. Global distribution of measles genotypes and measles molecular epidemiology[J]. The Journal of Infectious Diseases, 2011, 204(S1): S514-S523.

[17] 王淑蕾, 李崇山, 王慧玲, 等. 中国大陆首次发现输入性 B3 基因型麻疹病毒病例 [J]. 病毒学报, 2014, 30(5): 535-540.

[18] 邓秀英, 胡莹, 陆培善, 等. 2017—2019 年江苏省输入性 D8 和 B3 基因型麻疹的分子流行病学特征 [J]. 中国疫苗和免疫, 2020, 26(5): 498-503.

[19] 崔世恒, 王伟, 丛艳丽, 等. 2023 年河北省 2 例 B3 基因型麻疹病例的流行病学调查 [J]. 疾病监测, 2024, 39(9): 1227-1230.

[20] 陈李俊, 赖礼潜, 王瑜玥, 等. 晋江市 2018—2019 年输入性 B3 基因型麻疹疫情防控状况分析 [J]. 海峡预防医学杂志, 2021, 27(4): 49-50.

[21] 严睿, 何奔, 姚凤燕, 等. 浙江省平湖市 2017 年由 D8 基因型麻疹病毒引起的暴发调查 [J]. 中华流行病学杂志, 2018, 39(3): 333-336.

[22] 闫玉光, 马玉梅, 张明香. 1 例误诊误治麻疹病例分析 [J]. 中国感染控制杂志, 2015, 14(10): 715-716.

[23] World Health Organization. Measles vaccines: WHO position paper, April 2017—recommendations[J]. Vaccine, 2019, 37(2): 219-222.

[24] 陈泓泓, 张莉萍, 苏华林, 等. 2019 年上海市闵行区一起国际学校麻疹暴发疫情流行病学调查分析 [J]. 疾病监测, 2021, 36(7): 734-738.

[25] 吕宛玉, 杨建辉, 张璐, 等. 2015 年河南省某高校一起成人麻疹暴发疫情的调查分析 [J]. 中国病毒病杂志, 2017, 7(6): 478-480.

[26] Wang Q L, Wang W, Winter A K, et al. Long-term measles antibody profiles following different vaccine schedules in China, a longitudinal study[J]. Nature Communications, 2023, 14(1): 1746.

[27] Ma R, Lu L, Zhangzhu J Z, et al. A measles outbreak in a middle school with high vaccination coverage and evidence of prior immunity among cases, Beijing, P. R. China[J]. Vaccine, 2016, 34(15): 1853-1860.