

河南省 2017–2020 年发热伴血小板减少综合征监测分析

尤爱国 李懿 李东晓 杜燕华 王海峰 叶莹 许汴利 黄学勇

河南省疾病预防控制中心传染病预防控制所/河南省传染病病原生物重点实验室, 郑州 450016

通信作者: 黄学勇, Email: hxyzzu@163.com

【摘要】目的 了解河南省 2017–2020 年发热伴血小板减少综合征(SFTS)监测病例的流行病学和病原学特征。**方法** 利用描述流行病学方法对河南省 2017–2020 年 SFTS 病例特征进行分析。采集急性期病例血标本,应用实时荧光 RT-PCR 法检测新布尼亚病毒核酸。对部分分离到的病毒株扩增 S 片段基因,进行同源性分析,构建系统进化树。**结果** 2017–2020 年河南省共报告 SFTS 1 767 例(疑似病例 1 000 例、确诊病例 767 例),累计死亡 11 例(疑似病例 3 例、确诊病例 8 例),平均病死率为 0.62% (11/1 767);发病呈逐年下降趋势(趋势 $\chi^2=12.018, P=0.001$)。病例分布在 6 个城市 28 个县(区),信阳市报告 1 681 例,占病例总数的 95.13% (1 681/1 767)。病例主要发生在 4–10 月,占病例总数的 96.10% (1 698/1 767)。男性发病率(0.38/10 万)低于女性(0.54/10 万) ($\chi^2=54.855, P<0.001$); 40~84 岁占病例总数的 93.44% (1 651/1 767);农民占病例总数的 96.10% (1 698/1 767)。发生家庭聚集性疫情 1 起。共检测标本 1 110 份,新布尼亚病毒的平均阳性率为 39.19% (435/1 110),不同年份的差异有统计学意义($\chi^2=25.405, P<0.001$)。分离到 39 株新布尼亚病毒中, S 片段核苷酸同源性为 94.76%~99.82%。39 株病毒株完整 S 片段遗传进化分析结果显示, 34 株为 A 基因型, 2 株为 B 基因型, 3 株为 D 基因型。**结论** 2017–2020 年河南省 SFTS 以散发为主,发病呈逐年下降趋势,发病具有明显的地域性和季节性,发病范围不断扩大,女性、 ≥ 40 岁和农民多发,不同年份新布尼亚病毒阳性率差异较大,新布尼亚病毒主要流行型别为 A 基因型,但仍需持续开展病原学监测。

【关键词】 发热伴血小板减少综合征; 新布尼亚病毒; 流行病学特征; 监测; 基因分型

基金项目: 国家自然科学基金(81573204; 81773500); 河南省科技攻关(212102310613); 河南省医学科技攻关计划(201702283); 河南省中青年卫生健康科技创新领军人才培养项目(YXKC2020006)

Surveillance for severe fever with thrombocytopenia syndrome in Henan province, 2017-2020

You Aiguo, Li Yi, Li Dongxiao, Du Yanhua, Wang Haifeng, Ye Ying, Xu Bianli, Huang Xueyong

Institute for Infectious Disease Control and Prevention, Henan Provincial Center for Disease Control and Prevention/Henan Key Laboratory of Pathogenic Organism of Infectious Diseases, Zhengzhou, 450016, China

Corresponding author: Huang Xueyong, Email: hxyzzu@163.com

【Abstract】 Objective To analyze the epidemiological and etiological characteristics of severe fever with thrombocytopenia syndrome (SFTS) cases in Henan province during 2017-2020. **Methods** Descriptive epidemiology method was used to analyze the characteristics of SFTS cases in Henan during 2017-2020. Patients' sera in acute phase were collected and tested using real-time fluorescence RT-PCR. The S segment complete sequences of the isolated severe fever with thrombocytopenia syndrome virus (SFTSV) strains were amplified and homology analysis was

DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20210426-00345

收稿日期 2021-04-26 本文编辑 斗智

引用本文: 尤爱国, 李懿, 李东晓, 等. 河南省 2017–2020 年发热伴血小板减少综合征监测分析[J]. 中华流行病学杂志, 2021, 42(11): 2024–2029. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20210426-00345.



performed to construct the phylogenetic tree. **Results** A total of 1 767 SFTS cases, including 1 000 suspected cases and 767 confirmed cases, were reported in Henan during this period, and 11 cases, including 3 suspected cases and 8 confirmed cases died, the case fatality rate was 0.62% (11/1 767). The incidence decreased year by year. The cases were distributed in 28 counties of 6 cities, and 1 681 cases were reported in Xinyang, accounting for 95.13% (1 681/1 767) of the total. The cases mainly occurred from April to October, accounting for 96.10% (1 698/1 767) of the total. The incidence in males (0.38/100 000) was significantly lower than that in females (0.54/100 000) ($\chi^2=54.855, P<0.001$). Up to 93.44% (1 651/1 767) of the cases were aged between 40 and 84 years. Farmers accounted for 96.10% (1 698/1 767) of the total cases. One family cluster outbreak occurred in 4 years. A total of 1 110 samples were detected by Henan CDC, in which 435 were SFTS virus positive with an average positive rate of 39.19% (435/1 110). The differences in positive rates of SFTS virus among different years were significant ($\chi^2=25.405, P<0.001$). The sequence homology of complete S segment of the 39 SFTS virus strains ranged from 94.76% to 99.82%. The genetic evolution analysis on the complete S segment of the 39 SFTS virus strains showed that 34 strains belonged to genotype A, 2 strains belonged to genotype B, and 3 strains belonged to genotype D. **Conclusions** The incidence of SFTS in Henan was sporadic, and decreased year by year. SFTS had obvious regional and seasonal characteristics, and the area affected by SFTS expanded. The incidence of SFTS was high in elderly female farmers, and the positive rate of SFTS virus varied greatly in different years. The main type of SFTS virus in Henan was genotype A, but the etiological surveillance is still needed.

【Key words】 Sever fever with thrombocytopenia syndrome; Sever fever with thrombocytopenia syndrome virus; Epidemiological characteristics; Surveillance; Genotype

Fund programs: National Natural Science Foundation of China (81573204, 81773500); Key Scientific and Technological Project of Henan Province (212102310613); Henan Medical Science and Technology Research Project (201702283); Henan Province Young and Middle-aged Health Science and Technology Innovation Leader Training Project (YXKC2020006)

发热伴血小板减少综合征(SFTS)是近年来我国新发现的一种由新布尼亚病毒(SFTSV)感染引起的新发传染病^[1-2],病死率高^[3],不仅影响了公共健康卫生,而且也考验着世界各国公共卫生系统应对新发和烈性传染病的能力^[4]。近年来,我国SFTS发病呈逐年上升趋势,河南省SFTS发病数位居全国前列^[5]。因此,做好河南省SFTS疫情防控工作对于遏制我国SFTS疫情快速上升趋势具有十分重要的意义。本研究对2017-2020年河南省SFTS监测病例的流行病学特征和病原学检测资料进行分析,旨在为制定防控策略提供科学依据。

资料与方法

1. 资料来源:中国疾病预防控制中心传染病报告信息管理系统河南省2017-2020年SFTS病例报告资料。聚集性疫情数据来源于突发公共卫生事件管理信息系统和公开发表的文献。

2. 诊断标准:根据流行病学史、临床表现和实验室检测结果进行病例诊断,诊断标准参照《发热伴血小板减少综合征防治指南(2010版)》^[6],病例类型包括疑似病例和确诊病例。

3. 实验室检测:收集病例急性期血液标本,分离血清,应用实时荧光定量RT-PCR法检测SFTSV核酸,检测方法和试剂见文献^[7]。市级CDC实验室负责本地标本的检测与结果反馈,河南省CDC实验室负责检测结果的复核,对SFTSV核酸阳性血清标本进行病毒分离。选取处于对数生长期的Vero-E6细胞,以 2×10^5 个/ml的细胞浓度接种到6孔细胞培养板中,每孔3 ml细胞悬液,于 36.5°C 、5% CO_2 细胞培养箱中培养24 h。将细胞生长液换成病毒生长液,每孔接种血清标本300 μl ,继续培养,观察细胞病变情况。选取2017-2020年分离的39株病毒株,提取病毒株的RNA,使用特异性引物对病毒S片段基因进行PCR扩增,扩增方法参考文献^[8]。应用一代测序技术[生工生物工程(上海)股份有限公司]对S片段基因进行序列测定。将测序获得的S基因序列与NCBI(National Center for Biotechnology Information)数据库(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)进行BLAST比对。将测得的39条S基因序列以及从GenBank下载的18条SFTSV的S片段全长序列进行遗传进化分析。18条S片段基因序列中,A基因型7条(为2012-2016年河南株),B基因型3条(分别来自2010年山东株、2015年河南

株和 2016 年河北株), C 基因型 2 条(分别来自 2010 年江苏株和 2010 年山东株), D 基因型 6 条(来自为 2011–2016 年河南株)。

4. 统计学分析:应用描述流行病学方法对河南省 2017–2020 年 SFTS 的流行特征进行分析。利用 Mega 6.06 软件,采用邻接法构建系统发育树,使用 1 000 次引导复制来确定分支节点处指示的可靠性值。采用 Excel 2007 软件进行数据整理,采用 χ^2 检验进行率的比较。采用 SPSS 19.0 软件进行统计学分析,检验水准 $\alpha=0.05$ 。

结 果

1. 监测疫情概况:2017–2020 年河南省累计报告 SFTS 病例 1 767 例(疑似病例 1 000 例、确诊病例 767 例),年均发病率为 0.46/10 万。死亡 11 例(疑似病例 3 例、确诊病例 8 例),平均病死率为 0.62% (11/1 767);疑似病例和确诊病例的病死率分别为 0.30% (3/1 000) 和 1.04% (8/767)。2017–2020 年河南省 SFTS 发病呈逐年下降趋势(趋势 $\chi^2=12.018$, $P=0.001$),但 2020 年发病率高于 2019 年,差异有统计学意义($\chi^2=36.843$, $P<0.001$)。见图 1。

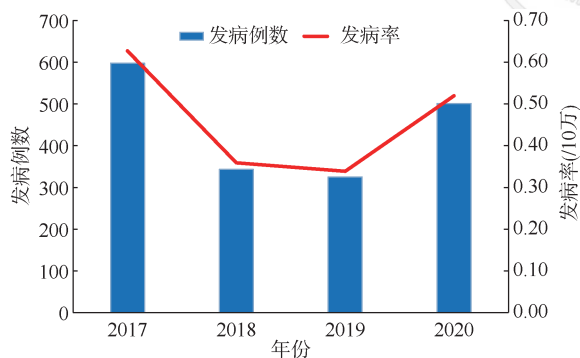


图 1 2017–2020 年河南省发热伴血小板减少综合征发病情况

2. 地区分布:2017–2020 年,6 个市和 28 个县(区)有 SFTS 病例报告。病例主要分布在豫南地区。信阳市报告病例数最多,占 95.13% (1 681/1 767),其次是南阳市(3.90%, 69/1 767)和驻马店市(0.74%, 13/1 767),周口市报告 2 例,三门峡市和濮阳市各报告 1 例。发病例数居前 5 位的县(区)分别为信阳市的商城县(425 例)、光山县(397 例)、淅河区(268 例)、平桥区(204 例)和罗山县(187 例),共报告 1 481 例,占河南省病例总数的 83.81% (1 481/1 767)。各县(区)年均发病率为 0.46/10 万,

有 SFTS 病例报告的县(区)年均发病率为 0.03/10 万~20.29/10 万,年均发病率位居前 5 位的县(区)分别为信阳市的商城县(20.29/10 万)、光山县(16.23/10 万)、淅河区(10.46/10 万)、新县(9.55/10 万)和罗山县(8.83/10 万),其余各县(区)年均发病率均不超过 7.50/10 万。

3. 时间分布:病例主要分布在 4–10 月,占病例总数的 96.10% (1 698/1 767);11 月至次年 3 月病例相对较少。5 月为发病高峰,占病例总数的 26.77% (473/1 767)。见图 2。

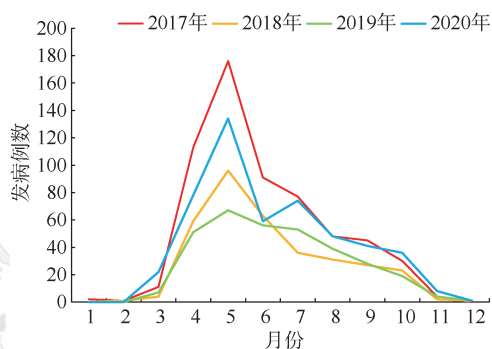


图 2 2017–2020 年河南省发热伴血小板减少综合征发病例数时间分布

4. 人群分布:

(1) 性别分布:男性 742 例,发病率为 0.38/10 万;女性 1 025 例,发病率为 0.54/10 万;差异有统计学意义($\chi^2=54.855$, $P<0.001$)。

(2) 年龄分布:年龄(61.56±13.05)岁,年龄范围 1~100 岁。40~84 岁年龄组为主,占病例总数的 93.44% (1 651/1 767)。见图 3。

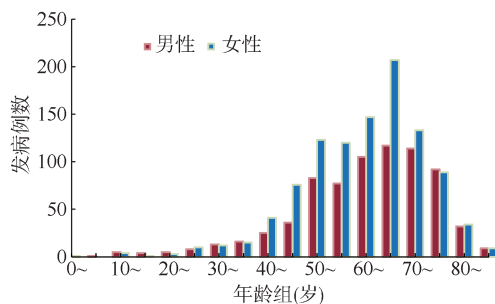


图 3 2017–2020 年河南省发热伴血小板减少综合征发病性别年龄分布

(3) 职业分布:以农民为主,占病例总数的 96.10% (1 698/1 767);家务/待业、离/退休人员和学生分别占病例总数的 1.25% (22/1 767)、0.96% (17/1 767) 和 0.57% (10/1 767);教师、干部职员、工人、散居儿童和商业服务等职业发病较少,均不超

过 5 例。

5. 聚集性疫情:2018 年 5 月,信阳市罗山县发生 1 起 SFTS 家庭聚集性疫情。首例病例为确诊病例,住院和死亡期间,先后有 5 名亲属参与护理和遗体处理,续发病例发生 3 例,续发率为 60.00%(3/5)。除首发病例死亡外,3 例续发病例经治疗后痊愈。

6. 病原学监测:1 110 份 SFTS 急性期血标本进行实时荧光 RT-PCR 复核检测,SFTSV 平均阳性率为 39.19%(435/1 110),不同年份阳性率差异有统计学意义($\chi^2=25.405, P<0.001$)。2017、2018 和 2019 年 SFTSV 阳性率的差异无统计学意义($\chi^2=3.566, P=0.168$)。2020 年 SFTSV 阳性率高于 2019 年,差异有统计学意义($\chi^2=21.143, P<0.001$)。见表 1。对 39 株病毒株 PCR 扩增 S 片段基因全长序列,S 片段全长为 1 744 bp。系统进化分析显示 39 株病毒株均属于布尼亚病毒科白蛉病毒属,S 片段核苷酸同源率为 94.76%~99.82%。对 39 株分离株完整 S 片段遗传进化分析,BLAST 比对结果显示,34 株病毒株与 7 株 2012–2016 年河南株(GenBank: KC292288.1、KF917435.1、KF917438.1、KP339920.1、MF574213.1、MF140449.1、MN147876.1) 同源性最高,同属于 A 基因型;2 株病毒株与 2010 年山东株、2015 年河南株、2016 年河北株(GenBank: HM802205.1、KT736097.1、KU664013.1) 同源性最高,同属于 B 基因型;3 株病毒株与 2011–2016 年河南株(GenBank: KF711899.1、KC292295.1、KP339892.1、KT721302.1、KT380647.1、MF045966.1) 同源性最高,同属于 D 基因型。见图 4。

表 1 2017–2020 年河南省发热伴血小板减少综合征实验室检测结果

年份	检测数	阳性数 (率,%)	分离新布尼亚病毒株数	S 片段测 序数量
2017	508	194(38.19)	35	16
2018	304	111(36.51)	25	10
2019	139	41(29.50)	10	7
2020	159	89(55.97)	20	6

讨 论

自 2007 年河南省发现 SFTS 病例以来^[9],河南省建立了专项监测系统,持续开展 SFTS 病例监测工作,并制定了相关技术文件,开展全面培训,加强病例随访工作,提高监测工作质量,早发现、早就

诊,提高病例发现率,降低病死率。河南省 SFTS 发病数由 2017 年及以前的全国首位降至 2018 年全国第 3 位^[10],发病呈逐年下降趋势,防控成效显著,河南省 SFTS 疫情快速上升势头得到有效遏制。与 2019 年相比,河南省 2020 年 SFTS 发病水平有所升高,原因可能是受新型冠状病毒肺炎疫情^[11],当地居民不能到外地务工,为了谋生,参与当地茶叶采摘等户外作业人员增多,暴露于蜱等媒介生物的机会增加,感染风险也增加。不可忽视人口流动和生活方式等社会因素对传染病流行过程的影响。

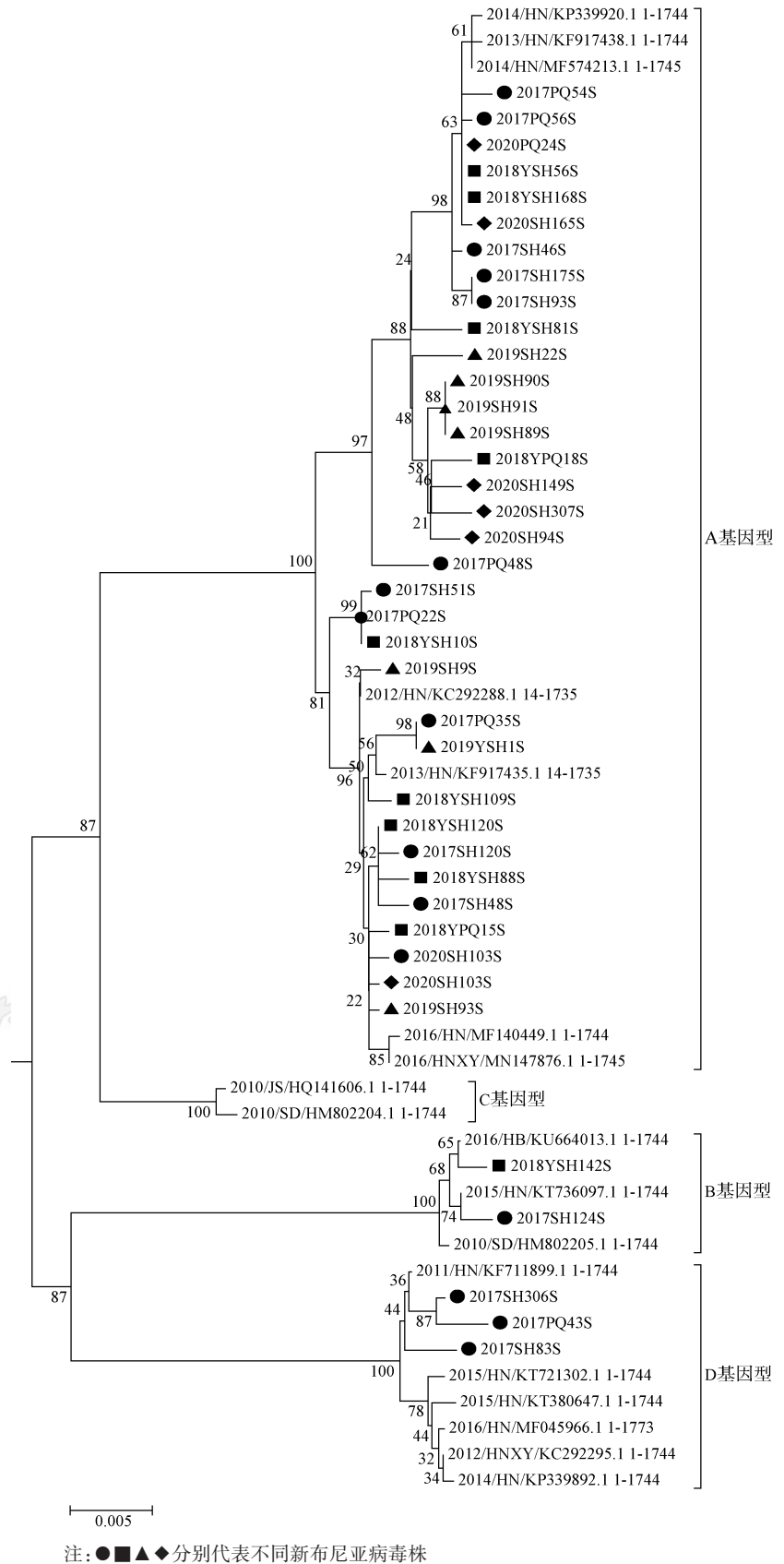
同 2014–2016 年疫情相比,虽然 2017–2020 年河南省 SFTS 发病数和发病率有所下降,但是疫区由 26 个县(区)增加到 28 个,由南向北逐渐扩散,这与监测系统的完善、医务人员对 SFTS 认识、诊治水平的提高及病毒传播规律等因素有关^[12]。SFTS 病例主要分布在豫南地区,尤其是信阳市,地处亚热带向暖温带过渡区,气候温暖湿润,适合蜱等媒介生物的生长繁殖^[13],且当地的长角血蜱具有较高的 SFTSV 携带率^[14]。信阳市还是盛产茶叶的地方,5 月为采茶旺季,人群暴露于蜱等媒介生物的机会较多,感染风险较高。虽然蜱在河南省各地区均有分布^[15],但目前豫西、豫北等地区尚未在蜱中检测和分离到 SFTSV。河南省 SFTS 病例主要分布在豫南地区。同既往疫情特征相比^[9],病例时间分布和人群分布特征未发生明显改变。病例主要集中在 4–10 月,5 月为发病高峰,发病时间与蜱的媒介密度变化是一致的。部分病例发病前,有明确的蜱叮咬史;长角血蜱是河南省绝对优势种,无论是游离蜱还是寄生蜱,均在 5–8 月密度较高,8 月下旬后密度锐减,10 月后基本消失^[16],病例的季节性分布特点与长角血蜱的季节消长有关。女性、大年龄组、农民高发,主要因素:一是信阳市农村地区青壮年多外出务工,本地留守人员年龄构成偏大;二是采茶是信阳市一项主要的野外工种,采茶工中女性所占比例较高^[9]。此外,信阳市的牛、羊、狗等家畜和黄鼠狼、野兔等野生动物中存在 SFTSV 抗体^[17],这些动物可能是 SFTSV 宿主动物,且蜱寄生在这些动物体表,一旦公众接触,有感染的风险。由于目前无有效的疫苗,需在流行季节对高危人群采取干预措施,加强健康教育宣传,提醒做好个人防护措施,提高高危人群个人防护意识,降低感染风险。江苏省、河南省、山东省等省份既往有家庭成员接触血液或血性分泌物感染的报道^[18–20],2018 年河南省信阳市罗山县再次发生 1 起 SFTS 家庭聚集性疫情,

首例病例为确诊病例,有 3 名亲属参与护理和尸体处理而感染 SFTSV^[21],提示蜱叮咬是 SFTS 主要传播途径,但不能忽视经血液或体液传播的可能^[22]。

本研究发现,2017-2019 年河南省 SFTSV 阳性率低于 2012 年的 57.14% 和 2013 年的 50.87%^[23],也低于 2010 年的 79.02% 和 2011 年的 62.90%,呈逐年下降趋势^[9],但是,2020 年河南省 SFTSV 阳性率又有所升高,达到了 55.97%,提示 SFTSV 阳性率的高低与 SFTS 发病水平密切相关。不同地区和不同时期的 SFTSV 主要分为 4 种亚谱系(A、B、C 和 D 基因型)^[24]。目前国内分离的 SFTSV 毒株大部分属于 A、B 和 D 基因型,C 基因型较为少见,主要分布在江苏省和山东省^[25],河南省大部分 SFTSV 毒株属于 A、B 和 D 基因型。本研究的遗传进化分析结果显示,2017-2020 年分离到的 SFTSV 大部分属于 A 基因型,仅有 2 株 B 基因型和 3 株 D 基因型,提示目前河南省 SFTSV 主要流行型别为 A 基因型。今后应持续开展 SFTS 病原学监测,了解 SFTSV 感染的动态变化规律,加强对病毒分离株的基因型分布和进化规律研究,为制定和调整 SFTS 防控策略和措施提供科学依据。

本研究存在不足。省 CDC 仅对各地送检的 SFTS 病例标本进行了复核检测,对分离到的部分 SFTSV 毒株进行了基因测序和 S 片段遗传进化特征分析,未能对所有 SFTS 病例标本进行核酸检测、病毒分离、基因测序和 SFTSV 的 L、M 片段遗传进化特征分析。

综上所述,2017-2020 年河南省 SFTS 以散发为主,发病呈逐年下降趋势,发病具有明显的地域性和季节性,发病范围不断扩大,女性、高龄和农民多发,不同年份



注:●■▲◆分别代表不同新布尼亚病毒株
图 4 2017-2020 年河南省新布尼亚病毒株完整 S 片段遗传进化分析

SFTSV 阳性率差异较大,河南省 SFTSV 主要流行型别为 A 基因型,但仍需持续开展病原学监测。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

参 考 文 献

- [1] Xu BL, Liu LC, Huang XY, et al. Metagenomic analysis of fever, thrombocytopenia and leukopenia syndrome (FTLS) in Henan province, China: discovery of a new bunyavirus[J]. PLoS Pathog, 2011, 7(11): e1002369. DOI: 10.1371/journal.ppat.1002369.
- [2] Yu XJ, Liang MF, Zhang SY, et al. Fever with thrombocytopenia associated with a novel bunyavirus in China[J]. N Engl J Med, 2011, 364(16): 1523-1532. DOI: 10.1056/NEJMoa1010095.
- [3] He ZQ, Wang BH, Li Y, et al. Severe fever with thrombocytopenia syndrome: a systematic review and Meta-analysis of epidemiology, clinical signs, routine laboratory diagnosis, risk factors, and outcomes[J]. BMC Infect Dis, 2020, 20(1): 575. DOI: 10.1186/s12879-020-05303-0.
- [4] 关武祥, 陈新文. 新发和烈性传染病的防控与生物安全[J]. 中国科学院院刊, 2016, 31(4): 423-431. DOI: 10.16418/j.issn.1000-3045.2016.04.006.
- [5] Guan WX, Chen XW. Prevention and control of emerging viral infectious diseases and biological security[J]. Bull Chin Acad Sci, 2016, 31(4): 423-431. DOI: 10.16418/j.issn.1000-3045.2016.04.006.
- [6] 李昱, 杨明, 牟笛, 等. 2010-2017 年全国发热伴血小板减少综合征流行特征分析[J]. 中国急救复苏与灾害医学杂志, 2018, 13(11): 1076-1079. DOI: 10.3969/j.issn.1673-6966.2018.11.011.
- [7] Li Y, Yang M, Mou D, et al. Epidemiological analysis of severe fever with thrombocytopenia syndrome from 2010 to 2017, China[J]. Chin J Emerg Resusc Disaster Med, 2018, 13(11): 1076-1079. DOI: 10.3969/j.issn.1673-6966.2018.11.011.
- [8] 中华人民共和国卫生部. 发热伴血小板减少综合征防治指南(2010 版)[J]. 中华临床感染病杂志, 2011, 4(4): 193-194. DOI: 10.3760/cma.j.issn.1674-2397.2011.04.001.
- [9] Ministry of Health, PRC. Guideline for prevention and treatment of severe fever with thrombocytopenia syndrome (2010 version)[J]. Chin J Clin Infect Dis, 2011, 4(4): 193-194. DOI: 10.3760/cma.j.issn.1674-2397.2011.04.001.
- [10] 杜燕华, 黄学勇, 王海峰, 等. 实时荧光 PCR 法与 ELISA 法在发热伴血小板减少综合征病例检测中的比较[J]. 中国人兽共患病学报, 2013, 29(1): 101-104. DOI: 10.3969/cjz.j.issn.1002-2694.2013.01.022.
- [11] Du YH, Huang XY, Wang HF, et al. Comparison on real-time PCR and ELISA methods in detection of severe fever with thrombocytopenia syndrome (SFTS) cases[J]. Chin J Zoonoses, 2013, 29(1): 101-104. DOI: 10.3969/cjz.j.issn.1002-2694.2013.01.022.
- [12] 杜燕华, 王海霞, 黄学勇, 等. 2013 年河南省新布尼亚病毒的分离与 S 片段基因特征分析[J]. 中国人兽共患病学报, 2014, 30(9): 919-922. DOI: 10.3969/cjz.j.issn.1002-2694.2014.09.009.
- [13] Du YH, Wang HX, Huang XY, et al. Novel bunyavirus and its S segment genome in Henan province, China, 2013[J]. Chin J Zoonoses, 2014, 30(9): 919-922. DOI: 10.3969/cjz.j.issn.1002-2694.2014.09.009.
- [14] 康锴, 唐晓燕, 许汴利, 等. 河南省 2007-2011 年发热伴血小板减少综合征流行特征分析[J]. 中华预防医学杂志, 2012, 46(2): 106-109. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2012.02.003.
- [15] Kang K, Tang XY, Xu BL, et al. Analysis of the epidemic characteristics of fever and thrombocytopenia syndrome in Henan province, 2007-2011[J]. Chin J Prev Med, 2012, 46(2): 106-109. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2012.02.003.
- [16] 黄晓霞, 李阿茜, 李德新, 等. 2018 年中国发热伴血小板减少综合征流行特征分析[J]. 中国病毒病杂志, 2020, 10(6): 417-420. DOI: 10.16505/j.2095-0136.2020.0059.
- [17] Huang XX, Li AQ, Li DX, et al. Epidemiological analysis of severe fever with thrombocytopenia syndrome in 2018, China[J]. Chin J Viral Dis, 2020, 10(6): 417-420. DOI: 10.16505/j.2095-0136.2020.0059.
- [18] Li Q, Guan XH, Wu P, et al. Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus-infected Pneumonia [J]. N Engl J Med, 2020, 382(13): 1199-1207. DOI: 10.1056/NEJMoa2001316.
- [19] 尤爱国, 杜燕华, 黄学勇, 等. 河南省 2014-2016 年发热伴血小板减少综合征时空分布特征研究[J]. 中华流行病学杂志, 2017, 38(10): 1386-1389. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2017.10.018.
- [20] You AG, Du YH, Huang XY, et al. Characteristics of spatiotemporal distribution on severe fever with thrombocytopenia syndrome in Henan province[J]. Chin J Epidemiol, 2017, 38(10): 1386-1389. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2017.10.018.
- [21] 张群芝, 罗海澜, 李新伟, 等. 河南信阳地区蜱及蜱寄生宿主血清病原体调查分析[J]. 河南师范大学学报: 自然科学版, 2016, 44(5): 126-130. DOI: 10.16366/j.cnki.1000-2367.2016.05.022.
- [22] Zhang QZ, Luo HL, Li XW, et al. Survey on ticks and pathogens in the serum of its host in Xinyang city, Henan province[J]. J Henan Norm Univ: Nat Sci Ed, 2016, 44(5): 126-130. DOI: 10.16366/j.cnki.1000-2367.2016.05.022.
- [23] 王黎源, 杨振东, 孙毅, 等. 长角血蜱携带发热伴血小板减少综合征病毒调查及基因特征分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2014, 9(7): 629-632. DOI: 10.13350/j.cjpb.140713.
- [24] Wang LY, Yang ZD, Sun Y, et al. Survey and genetic analysis of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus from *Haemaphysalis longicornis*[J]. J Path Biol, 2014, 9(7): 629-632. DOI: 10.13350/j.cjpb.140713.
- [25] 赵奇, 高丽君, 唐振强, 等. 河南省蜱种类和地理分布及季节消长调查[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2016, 26(1): 75-77. DOI: 10.11853/j.issn.1003.4692.2015.01.020.
- [26] Zhao Q, Gao LJ, Tang ZQ, et al. Investigation of species, temporal and spatial distribution of ticks in Henan province, China[J]. Chin J Vector Biol Control, 2015, 26(1): 75-77. DOI: 10.11853/j.issn.1003.4692.2015.01.020.
- [27] 刘洋, 黄学勇, 杜燕华, 等. 河南发热伴血小板减少综合征流行区蜱类分布及媒介携带新布尼亚病毒状况调查[J]. 中华预防医学杂志, 2012, 46(6): 500-504. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2012.06.005.
- [28] Liu Y, Huang XY, Du YH, et al. Survey on ticks and detection of new bunyavirus in some vech in the endemic areas of fever, thrombocytopenia and leukopenia syndrome (FTLS) in Henan province[J]. Chin J Prev Med, 2012, 46(6): 500-504. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2012.06.005.
- [29] Huang XY, Du YH, Wang HF, et al. Prevalence of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus in animals in Henan province, China[J]. Infect Dis Poverty, 2019, 8(1): 56. DOI: 10.1186/s40249-019-0569-x.
- [30] Bao CJ, Guo XL, Qi X, et al. A family cluster of infections by a newly recognized bunyavirus in eastern China, 2007: further evidence of person-to-person transmission[J]. Clin Infect Dis, 2011, 53(12): 1208-1214. DOI: 10.1093/cid/cir732.
- [31] Tang XY, Wu WL, Wang HF, et al. Human-to-human transmission of severe fever with thrombocytopenia syndrome bunyavirus through contact with infectious blood[J]. J Infect Dis, 2013, 207(5): 736-739. DOI: 10.1093/infdis/jis748.
- [32] Jiang XL, Zhang S, Jiang M, et al. A cluster of person-to-person transmission cases caused by SFTS virus in Penglai, China[J]. Clin Microbiol Infect, 2015, 21(3): 274-279. DOI: 10.1016/j.cmi.2014.10.006.
- [33] 陈金霞. 一起发热伴血小板减少综合征聚集性病例的流行病学调查报告[J]. 河南预防医学杂志, 2020, 31(9): 724-726. DOI: 10.13515/j.cnki.hnjpm.1006-8414.2020.09.028.
- [34] Chen JX. Epidemiological investigation of a cluster of severe fever with thrombocytopenia syndrome[J]. Henan J Prev Med, 2020, 31(9): 724-726. DOI: 10.13515/j.cnki.hnjpm.1006-8414.2020.09.028.
- [35] Huang XY, He ZQ, Wang BH, et al. Severe fever with thrombocytopenia syndrome virus: a systematic review and Meta-analysis of transmission mode[J]. Epidemiol Infect, 2020, 148: e239. DOI: 10.1017/S0950268820002290.
- [36] 尤爱国, 杨建华, 杜燕华, 等. 2012-2013 年河南省发热伴血小板减少综合征流行特征及病原学监测分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2014, 9(6): 552-555. DOI: 10.13350/j.cjpb.140620.
- [37] You AG, Yang JH, Du YH, et al. Analysis of the epidemiological and pathogenic characteristics of severe fever with thrombocytopenia syndrome (SFTS) in Henan province of China, 2012-2013[J]. J Path Biol, 2014, 9(6): 552-555. DOI: 10.13350/j.cjpb.140620.
- [38] Huang XY, Du YH, Hu XN, et al. Epidemiological and etiological characteristics of fever, thrombocytopenia and leukopenia syndrome in Henan province, China, 2011-2012[J]. PLoS One, 2014, 9(3): e91166. DOI: 10.1371/journal.pone.0091166.
- [39] Li ZF, Hu JL, Cui LB, et al. Increased prevalence of severe fever with thrombocytopenia syndrome in Eastern China clustered with multiple genotypes and reassorted virus during 2010-2015[J]. Sci Rep, 2017, 7(1): 6503. DOI: 10.1038/s41598-017-06853-1.