

## · 系统综述/Meta分析 ·

# 札如病毒急性胃肠炎暴发特征系统综述

于悦<sup>1</sup> 郭新慧<sup>2</sup> 严寒秋<sup>1</sup> 高志勇<sup>1</sup> 李伟红<sup>1</sup> 刘白薇<sup>1</sup> 王全意<sup>1</sup>

<sup>1</sup>北京市疾病预防控制中心传染病地方病控制所 北京市预防医学研究中心 100013; <sup>2</sup>北京市房山区疾病预防控制中心 102446

于悦和郭新慧对本文有同等贡献

通信作者:高志勇, Email:zhiyonggao1@163.com

**【摘要】 目的** 了解全球札如病毒(SaV)急性胃肠炎暴发的流行病学及病原学特征。**方法** 通过万方、中国知网、PubMed、Web of Science等数据库,检索2018年1月以前发表的SaV急性胃肠炎暴发文献,对文献进行评价和筛选,分析暴发的时间分布、地区分布、场所分布、人群分布、传播途径、病原学特征、患者临床症状等。**结果** 共收集到34篇SaV暴发文献,涉及146起暴发,发生时间范围为1976年10月至2016年4月。138起暴发报告了发生月份,均来自北半球,全年均有发生,8月发生最少,12月发生最多,主要发生于温度较低月份。报告暴发较多国家为日本、加拿大、美国和荷兰。共141起暴发提供了发生场所,常见的为托幼机构(48/141, 34.04%)、长期看护机构(41/141, 29.08%)和医院(16/141, 11.35%)。31起暴发共1 704例病例具有临床症状信息,腹泻最常见(1 331/1 704, 78.12%),然后分别为恶心(829/1 198, 69.20%)、腹痛(840/1 328, 63.25%)、呕吐(824/1 704, 48.36%)和发热(529/1 531, 34.53%)。119起暴发确定了病毒型别,其中G I组(51/119, 42.86%)和G IV组(45/119, 37.82%)SaV较为常见,G IV组SaV引起的暴发在2007年突然增加,G I组导致的暴发则在2008、2011—2013年报告较多。**结论** SaV暴发主要为发达国家报告,寒冷月份高发,常发生于托幼机构和长期看护机构,主要流行株为G I组和G IV组。我国SaV暴发防控工作较为落后,需开展相应的培训工作,在有条件的地区开展SaV暴发监测工作。

**【关键词】** 札如病毒; 急性胃肠炎; 暴发; 流行病学特征

DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.01.019

## Systematic review on the characteristics of acute gastroenteritis outbreaks caused by sapovirus

Yu Yue<sup>1</sup>, Guo Xinhui<sup>2</sup>, Yan Hanqiu<sup>1</sup>, Gao Zhiyong<sup>1</sup>, Li Weihong<sup>1</sup>, Liu Baiwei<sup>1</sup>, Wang Quanyi<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institute for Infectious Disease and Endemic Disease Control, Beijing Municipal Center for Diseases Control and Prevention, Beijing Research Center for Preventive Medicine, Beijing 100013, China; <sup>2</sup>Fangshan District Center for Diseases Control and Prevention, Beijing 102446, China

Yu Yue and Guo Xinhui contributed equally to the article

Corresponding author: Gao Zhiyong, Email: zhiyonggao1@163.com

**【Abstract】 Objective** To understand the epidemiological and etiological characteristics of outbreaks on acute gastroenteritis caused by sapovirus (SaV) worldwide. **Methods** Literature about the outbreaks on acute gastroenteritis caused by SaV were retrieved from the databases including WanFang, CNKI, PubMed and Web of Science after evaluation. Time, geography, setting and population distributions of outbreaks, transmission mode, SaV genotype and clinical characteristics of the patients were analyzed. **Results** A total of 34 papers about SaV were included, involving 146 outbreaks occurred between October 1976 and April 2016. In these papers, 138 outbreaks were reported on the related months. All these outbreaks occurred in northern hemisphere. SaV outbreaks occurred all year around, but mainly in cold season, the incidence was highest in December (25 outbreaks) and lowest in August (2 outbreaks). Most outbreaks were reported by Japan, followed by Canada, the United States of America and the Netherlands. There were 141 outbreaks for which the occurring settings were reported, child-care settings were most commonly reported setting (48/141, 34.04%), followed by long-term care facility (41/141, 29.08%) and hospital (16/141, 11.35%). Clinical symptoms of 1 704 cases in 31 outbreaks were reported, with the most common symptom was diarrhea (1 331/1 704, 78.12%), followed by nausea (829/1 198, 69.20%), abdominal pain (840/1 328, 63.25%), vomiting (824/1 704, 48.36%) and fever (529/1 531, 34.53%). Genotypes of SaV were determined for 119 outbreaks. G I (51/119, 42.86%) and G IV (45/119, 37.82%) were predominant. The outbreaks

of G IV SaV increased suddenly in 2007, and the outbreaks of G I SaV mainly occurred in 2008 and during 2011–2013. **Conclusions** SaV outbreaks were reported mainly by developed countries, with most outbreaks occurred in cold season, in child-care settings and long term care facility. G I and G IV were the most common genotypes of SaV. Prevention and control of SaV outbreak in China seemed relatively weak, and it is necessary to conduct related training and to strengthen the SaV outbreak surveillance in areas where service is in need.

**【Key words】** Sapovirus; Acute gastroenteritis; Outbreak; Epidemiological characteristic

DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.01.019

札如病毒(sapovirus, SaV)和诺如病毒同属于人杯状病毒,是引起人急性胃肠炎的重要病原体之一。SaV为单股正链RNA病毒,基因组全长7.3~7.5 kb,根据衣壳区蛋白全基因序列可将SaV分为5个基因组(G I~G V),其中G I、G II、G IV和G V感染人类<sup>[1]</sup>。世界范围内SaV急性胃肠炎暴发时有报道,为了解SaV急性胃肠炎暴发特征,为防控工作提供依据,本研究对发表的SaV急性胃肠炎暴发文献进行了系统综述。

## 资料与方法

1. 文献检索:以“札如病毒”或“扎如病毒”或“札幌样病毒”或“札幌病毒”或“扎幌病毒”或“札幌样病毒”为关键词在中国知网、万方数据库检索,或以“Sapovirus”或“Sapporo-like virus”在PubMed、Web of Science数据库检索,再从搜索到的文献确定SaV急性胃肠炎暴发文献。

2. 文献纳入标准:①发表于2018年1月以前;②能提供SaV急性胃肠炎暴发发生时间、发生地点等流行病学信息;③PCR检测患者粪便或呕吐物SaV核酸阳性。

3. 文献排除标准:符合其中之一即被排除:①可疑SaV感染;②与其他病原混合感染;③未找到全文且摘要未提及有效信息的文献;④语言不是中文或英文,且无英文摘要的文献;⑤综述类文献。

4. 数据提取和统计学分析:用WPS 2016软件建立数据库,进行数据录入、整理。重复报道的案例仅统计1次,将重复报道文献包含的信息进行归纳整合。文献信息收集内容包括疫情发生时间、地点、场所、发病人数、人群分布、传播途径、病毒基因型、患者临床症状等。从文献检索、评价、数据提取均采用双人独立分析,结果不一致时再由第3人进行仲裁。采用SPSS 20.0统计学软件分析,不同组间率的比较采用 $\chi^2$ 检验。以 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

## 结 果

1. 文献整理情况:根据检索策略,通过Note

Express去重,初步检索得到1 578篇文献。通过阅读题目和摘要,筛选出52篇SaV急性胃肠炎暴发相关文献。排除18篇,其中12篇涉及混合感染,2篇涉及重复报告,3篇非中/英文文献且无法获得具体信息,1篇信息不全。最终纳入34篇文献。见表1。

2. 流行病学特征:34篇文献报告SaV急性胃肠炎暴发146起,发生时间范围为1976年10月至2016年4月。46起暴发提供了具体病例数,单起暴发涉及病例5~656人,中位数为23人,共涉及病例3 298人。40起暴发提供疫情持续时间,中位数为8 d(1~31 d)。18起暴发有罹患率信息,最高76.47%,最低5.54%,中位数为20.71%。仅2起报告了SaV潜伏期,但结果较为相近,最短分别为14.5 h和18.0 h,最长分别为64.0 h和66.5 h,中位数分别为32 h和38 h。26起暴发可获得患者年龄信息,发病人群以<18岁未成年人为主,占67.16%(906/1 349)。

(1)时间分布:共140起暴发获得疫情发生年份资料,最早报告于1976年,年份分布见图1。其中,2007—2008年以及2011—2013年属高发年份。

138起暴发报告了发生月份,均发生于北半球。SaV急性胃肠炎四季均有报告,疫情主要发生在冬春季。8月发生暴发最少(2起);12月发生暴发最多(25起),主要发生于温度较低月份,见图2。

(2)地区分布:146起暴发报告来自亚洲、北美洲和欧洲地区,分布在11个国家,均位于北半球。日本报告暴发最多(49起),其次为加拿大(43起)、美国(19起)、荷兰(19起)、中国(6起)、德国(2起)、瑞典(2起)、西班牙(2起)、克罗地亚(2起)、奥地利(1起)和匈牙利(1起)。我国报告的6起SaV急性胃肠炎暴发均来自东南沿海地区,其中厦门市2起、深圳市2起、上海市1起、台湾地区1起。

(3)场所分布:共141起暴发可以获得发生场所资料,报告最多的为托幼机构(48/141, 34.04%),其次是长期看护机构(41/141, 29.08%)、医院(16/141, 11.35%)、学校(13/141, 9.22%)、养老院(8/141, 5.67%)和社区(6/141, 4.26%),酒店或餐馆(4/141, 2.84%),福利院、轮船、公司和康复中心各1起。

表1 札如病毒急性胃肠炎暴发纳入文献情况

第一作者	发表年份	发生年份	国家/地区	场所	疫情起数	病例数	札如病毒型别	传播方式
Kobayashi <sup>[2]</sup>	2012	2010	日本	-	1	655	G I .2	食源性
Usuku <sup>[3]</sup>	2014	2010	日本	学校	1	46	G V	-
Johansson <sup>[4]</sup>	2009	2004	瑞典	医院	1	23	G IV	-
Wu <sup>[5]</sup>	2008	2007	中国台湾地区	学校	1	55	G I .2	-
Usuku <sup>[6]</sup>	2008	2007	日本	学校	1	65	G IV	食源性
Chiba <sup>[7]</sup>	1979	1977	日本	托幼机构	1	26	-	-
Yoshida <sup>[8]</sup>	2009	2004、2007	日本	托幼机构、酒店	2	45	G I 、G IV	-
Miyoshi <sup>[9]</sup>	2010	2009	日本	学校	1	26	G I .3	人-人
Hergens <sup>[10]</sup>	2017	2016	瑞典	学校	1	656	G V	食源性
Yamashita <sup>[11]</sup>	2010	2007	日本	酒店	1	109	G IV	食源性
Akihara <sup>[12]</sup>	2005	2000	日本	托幼机构	1	6	G IV	-
Hansman <sup>[13]</sup>	2007	2006	日本	托幼机构	1	67	G I	-
Nidaira <sup>[14]</sup>	2014	2012	日本	福利院	1	13	G I .2	-
Hansman <sup>[15]</sup>	2007	2000、2005	日本	学校、托幼机构	2	35	G IV 、G II	-
Hassan-Rios <sup>[16]</sup>	2013	2011	美国	托幼机构	1	9	-	人-人
Torner <sup>[17]</sup>	2016	2010—2011	克罗地亚	-	2	-	-	人-人
Oka <sup>[18]</sup>	2017	2010	日本	酒店	1	78	G II .5	疑似食源性
Herman <sup>[19]</sup>	2015	1973—2012	美国	-	1	-	-	食源性
Ike <sup>[20]</sup>	2008	2002	德国	托幼机构	2	-	G I .1 、G II .1	-
Iritani <sup>[21]</sup>	2016	2008—2013	日本	托幼机构、学校、护理中心	30	765	G I 、G II 、G IV	人-人
Svraka <sup>[22]</sup>	2010	2007—2008	荷兰	护理中心、医院、托幼机构	19	90	G I 、G IV	-
Pang <sup>[23]</sup>	2008	2004—2007	加拿大	看护中心、社区、托幼机构、学校、养老院、医院	43	-	G I 、G II 、G IV 、G V	-
Lee <sup>[24]</sup>	2012	2002	美国	看护中心、学校、轮船、酒店、医院	17	15	G I 、G II 、G IV 、G V	人-人、疑似食源性
徐春华 <sup>[25]</sup>	2014	2013	中国上海	学校	1	32	-	人-人
龙冬玲 <sup>[26]</sup>	2017	2016	中国深圳	托幼机构	1	14	G II .3	人-人
何雅青 <sup>[27]</sup>	2012	2011	中国深圳	公司	1	27	G I .2	-
颜玉炳 <sup>[28]</sup>	2016	2013、2014	中国厦门	托幼机构	2	23	-	人-人
Sakai <sup>[29]</sup>	2001	1994、1995	日本	托幼机构	2	48	-	人-人
Mikula <sup>[30]</sup>	2010	2008	奥地利	康复中心	1	33	G II .2-G IV 重组株	-
Sala <sup>[31]</sup>	2014	2010—2011	西班牙	托幼机构	2	-	G I	人-人
Ishida <sup>[32]</sup>	2008	2007	日本	看护中心	1	-	G II	-
Iritani <sup>[33]</sup>	2014	2001—2012	日本	-	1	-	-	食源性
Mori <sup>[34]</sup>	2017	1976	日本	-	1	-	G I .2	食源性
Péter <sup>[35]</sup>	2009	2008	匈牙利	看护中心	1	17	G I .2	人-人

注:-为信息缺失

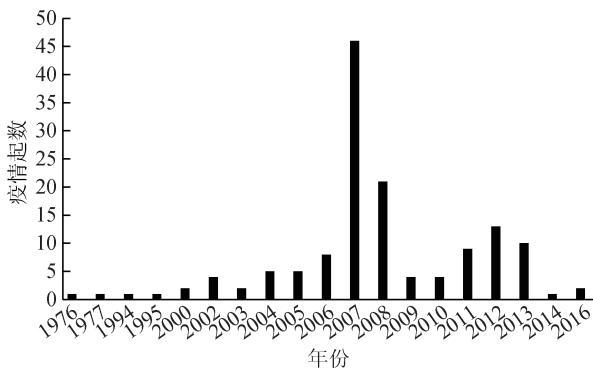


图1 1976—2016年札如病毒急性胃肠炎暴发报告疫情起数

(4)传播途径:146起疫情中,39起报告了传播途径,其中29起为人与人传播(74.36%),7起(17.95%)为食源性传播,3起(7.69%)疑似食源性传播。

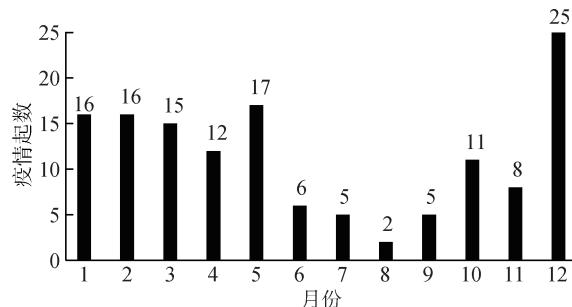


图2 1976—2016年札如病毒急性胃肠炎暴发按月累计报告疫情起数

(5)病原学特征:146起暴发中,确定病毒组别的有119起。其中,51起疫情(42.86%)由G I 组SaV引起,45起(37.82%)由G IV 组SaV引起,18起(15.13%)由G II 组SaV引起,4起(3.36%)由G V 组

SaV引起,1起(0.84%)由G II–G IV组重组SaV引起。57起暴发报告了基因型别,G I .2占比最多(28/57,49.12%),其次为G I .1(8)、G IV .1(7)、G II .3(6)、G I .3(3)、G II .1(3)、G II .2(1)和G II .5(1)。SaV暴发在2007—2008年和2011—2013年出现报告高峰,2007年SaV的优势流行株为G IV组,2008、2011—2013年的流行优势株则为G I组。

(6)临床症状:31起暴发共1 704例病例具有临床症状信息,腹泻最常见(1 331/1 704,78.12%),然后分别为恶心(829/1 198,69.20%)、腹痛(840/1 328,63.25%)、呕吐(824/1 704,48.36%)以及发热(529/1 531,34.53%)。

25起基因型明确的暴发中,G I组和G IV组SaV感染所致胃肠炎临床表现以腹泻(722/808,89.34%;310/416,74.54%)为主,G V组SaV感染呕吐较多(206/309,66.67%)。3种基因组SaV感染患者之间腹泻和呕吐发生率两两比较差异均有统计学意义( $P<0.001$ )。

## 讨 论

日本学者于1979年报告了发生于札幌市的1起SaV急性胃肠炎暴发<sup>[7]</sup>,本研究中1976年的SaV疫情为日本学者2017年对历史保存样本回顾性调查发现<sup>[34]</sup>。1976—2006年文献报告的SaV暴发数量较少,2007—2008年以及2011—2013年报告较多。本研究结果显示,SaV暴发偏好温度较低月份,冬季高发。Dey等<sup>[36]</sup>对2003—2009年日本5个地区(札幌、东京、舞鹤、大阪、佐贺)共3 232例散发婴幼儿胃肠炎患者进行了SaV检测,10月至次年3月检出率最高,与本研究结果相似。冬季人们室外活动减少,集体单位室内人员密度较大,SaV在封闭的空间内便于传播,因而易发生感染暴发。日本、加拿大、美国和荷兰等国报告疫情较多,这些国家大多属于温带气候。分析原因:这些国家传染病的防控工作开展较好,检验技术水平更先进,能够及时发现并报告疫情;另一方面,这些地区冬季相对较长,温度较低,有利于SaV的生存传播;此外,这些国家都为沿海国家,沿海地区贝类的生产和消费较为常见,贝类可被SaV污染<sup>[37]</sup>,人类接触或食用贝类可能导致暴发<sup>[33]</sup>。从场所来看,暴发主要发生在托幼机构、长期看护机构、医院和学校等。分析可能的原因其一是由于儿童、老年人等人群免疫力较为低下,且没有养成良好的卫生习惯或卫生意识较差,是SaV的易感人群;其二是这些场所大多人口密集,且共同用餐、使用公共

餐具、使用公共空间,易造成传染病的传播。

本研究发现,G I组和G IV组病毒是SaV暴发中的优势流行株,而在散发病例中优势流行株主要为G I组和G II组<sup>[38]</sup>。可能不同型别SaV感染特点有所差异,但仍需更多研究证实。2007年SaV的优势流行株为G IV组,2008、2011—2013年的流行优势株则为G I组。SaV感染后可产生短期的基因型特异性免疫,但对其他基因型无免疫保护<sup>[39]</sup>。2007年G IV组毒株出现引起疫情报告增加,感染过G IV组毒株的人群获得对该基因型的免疫保护,但对其他基因型无保护性免疫。随后2008年G I组毒株活动增加,由于感染后免疫保护期较短,2011—2013年G I组毒株又引起疫情报告增加。本研究结果显示不同基因型SaV感染者的临床症状不完全相同,G I组和G IV组SaV感染者腹泻症状多见,G V组SaV感染者较多有呕吐症状。这些差异可能是不同型别病原特性不同,也可能是患者年龄因素干扰所致,尚需进一步研究。目前SaV监测和研究对象主要是腹泻患者,但并非所有患者均有腹泻症状,因此在选择监测或研究对象时要予以注意。本研究仅有57起暴发报告了具体基因型,而且多数仅有衣壳区基因分型,大多数暴发没有确定基因型,不利于流行病学研究和疾病防控。建议以后的研究尽可能进行病原型别鉴定,最好同时确定聚合酶区和衣壳区分型,以及时发现重组株。

世界范围内SaV暴发的报告不多,远少于诺如病毒。分析原因:SaV可能不易感染人类且传播力不如诺如病毒;感染后症状轻于诺如病毒<sup>[1]</sup>,暴发可能不易被识别;检测手段尚不普及,许多国家和地区没有开展SaV检测,无法发现暴发。目前SaV的致病机制、感染量、在外环境中的存活能力、机体免疫保护机制、宿主易感性等尚不明确<sup>[1]</sup>。因而前述的一些推测尚无证据支持。

本研究存在不足。多数疫情没有报告暴发持续时间、达到峰值时间、罹患率等,因而无法对相关流行病学特征进行详细分析;经济发达国家及地区SaV暴发更容易被报告和发表,导致地区分布分析可能存在偏倚;绝大多数长期看护机构发生的暴发没有报告患者的具体年龄,患者年龄分析时低估了老年人患者比例;多数暴发没有报告传播途径,水源性传播没有报告,可能对暴发传播途径占比有一定影响;受实验室检测技术限制,多数毒株没有详细的基因分型,无法详细分析其分子流行病学特征。

近年来我国诺如病毒急性胃肠炎暴发监测工作

已取得较大进展,其流行特征已有基本了解,也出台了相应防控方案。但我国SaV暴发报告较少,开展检测工作的地区不多,其流行特征尚不明确,亦需要开展相应的培训工作和制定相应的防控方案,在有条件的地区开展监测工作。实际工作中如果疑似诺如病毒的疫情未有检测到病原,需排除SaV感染。

综上所述,SaV暴发主要为发达国家报告,寒冷月份高发,常发生于托幼机构和长期看护机构,主要流行株为GI组和GIV组。我国SaV暴发防控工作较为落后,需开展相应的培训工作,在有条件的地区开展SaV暴发监测工作。

**利益冲突** 所有作者均声明不存在利益冲突

## 参 考 文 献

- [1] Oka T, Wang QH, Katayama K, et al. Comprehensive review of human sapoviruses[J]. Clin Microbiol Rev, 2015, 28(1):32–53. DOI: 10.1128/CMR.00011-14.
- [2] Kobayashi S, Fujiwara N, Yasui Y, et al. A foodborne outbreak of sapovirus linked to catered box lunches in Japan[J]. Arch Virol, 2012, 157(10):1995–1997. DOI: 10.1007/s00705-012-1394-8.
- [3] Usuku S, Kumazaki M. A gastroenteritis outbreak attributed to sapovirusgenogroup V in Yokohama, Japan[J]. Jpn J Infect Dis, 2014, 67(5):411–412. DOI: 10.7883/yoken.67.411.
- [4] Johansson PJH, Bergentoft K, Larsson PA, et al. A nosocomial sapovirus-associated outbreak of gastroenteritis in adults [J]. Scand J Infect Dis, 2005, 37(3):200–204. DOI: 10.1080/00365540410020974.
- [5] Wu FT, Oka T, Takeda N, et al. Acute gastroenteritis caused by Gi/2 sapovirus, Taiwan, 2007 [J]. Emerg Infect Dis, 2008, 14(7):1169–1171. DOI: 10.3201/eid1407.071531.
- [6] Usuku S, Kumazaki M, Kitamura K, et al. An outbreak of food-borne gastroenteritis due to sapovirus among junior high school students [J]. Jpn J Infect Dis, 2008, 61(6):438–441. DOI: 10.1097/QAI.0b013e31817c1ed0.
- [7] Chiba S, Sakuma Y, Kogasaka R, et al. An outbreak of gastroenteritis associated with calicivirus in an infant home[J]. J Med Virol, 1979, 4(4):249–254. DOI: 10.1002/jmv.1890040402.
- [8] Yoshida T, Kasuo S, Azegami Y, et al. Characterization of sapoviruses detected in gastroenteritis outbreaks and identification of asymptomatic adults with high viral load [J]. J Clin Virol, 2009, 45(1):67–71. DOI: 10.1016/j.jcv.2009.03.003.
- [9] Miyoshi M, Yoshizumi S, Kanda N, et al. Different genotypic sapoviruses detected in two simultaneous outbreaks of gastroenteritis among schoolchildren in the same school district in Hokkaido, Japan[J]. Jpn J Infect Dis, 2010, 63(1):75–78. DOI: 10.1258/ijsa.2009.008500.
- [10] Hergens MP, Öhd JN, Alm E, et al. Investigation of a food-borne outbreak of gastroenteritis in a school canteen revealed a variant of sapovirusgenogroup V not detected by standard PCR, Sollentuna, Sweden, 2016 [J]. Eurosurveillance, 2017, 22(22):30543. DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.22.30543.
- [11] Yamashita Y, Ootsuka Y, Kondo R, et al. Molecular characterization of Sapovirus detected in a gastroenteritis outbreak at a wedding hall[J]. J Med Virol, 2010, 82(4):720–726. DOI: 10.1002/jmv.21646.
- [12] Akihara S, Phan TG, Nguyen TA, et al. Existence of multiple outbreaks of viral gastroenteritis among infants in a day care center in Japan[J]. Arch Virol, 2005, 150(10):2061–2075. DOI: 10.1007/s00705-005-0540-y.
- [13] Hansman GS, Saito H, Shibata C, et al. Outbreak of gastroenteritis due to sapovirus[J]. J Clin Microbiol, 2007, 45(4):1347–1349. DOI: 10.1128/JCM.01854-06.
- [14] Nidaira M, Taira K, Kato T, et al. Phylogenetic analysis of sapovirus detected from an outbreak of acute gastroenteritis on Ishigaki Island (Okinawa Prefecture, Japan) in 2012 [J]. Jpn J Infect Dis, 2014, 67(2):141–143. DOI: 10.7883/yoken.67.141.
- [15] Hansman GS, Ishida S, Yoshizumi S, et al. Recombinant sapovirus gastroenteritis, Japan[J]. Emerg Infect Dis, 2007, 13(5):786–788. DOI: 10.3201/eid1305.070049.
- [16] Hassan-Rios E, Torres P, Munoz E, et al. Sapovirus gastroenteritis in preschool center, Puerto Rico, 2011[J]. Emerg Infect Dis, 2013, 19(1):174–175. DOI: 10.3201/eid1901.120690.
- [17] Torner N, Martinez A, Broner S, et al. Epidemiology of acute gastroenteritis outbreaks caused by human calicivirus (norovirus and sapovirus) in Catalonia: a two year prospective study, 2010–2011 [J]. PLoS One, 2016, 11(4):e0152503. DOI: 10.1371/journal.pone.0152503.
- [18] Oka T, Doan YH, Haga K, et al. Genetic characterization of rare genotype GII.5 sapovirus strain detected from a suspected food-borne gastroenteritis outbreak among adults in Japan in 2010 [J]. Jpn J Infect Dis, 2017, 70(2):223–224. DOI: 10.7883/yoken.JJID.2016.468.
- [19] Herman KM, Hall AJ, Gould LH. Outbreaks attributed to fresh leafy vegetables, United States, 1973–2012[J]. Epidemiol Infect, 2015, 143(14):3011–3021. DOI: 10.1017/S0950268815000047.
- [20] Ike AC, Hartelt K, Oehme RM, et al. Detection and characterization of sapoviruses in outbreaks of gastroenteritis in southwest Germany[J]. J Clin Virol, 2008, 43(1):37–41. DOI: 10.1016/j.jcv.2008.04.003.
- [21] Iritani N, Yamamoto SP, Abe N, et al. Epidemics of GI.2 sapovirus in gastroenteritis outbreaks during 2012–2013 in Osaka city, Japan[J]. J Med Virol, 2016, 88(7):1187–1193. DOI: 10.1002/jmv.24451.
- [22] Svraka S, Vennema H, van der Veer B, et al. Epidemiology and genotype analysis of emerging sapovirus-associated infections across Europe [J]. J Clin Microbiol, 2010, 48(6):2191–2198. DOI: 10.1128/JCM.02427-09.
- [23] Pang XL, Lee BE, Tyrrell GJ, et al. Epidemiology and genotype analysis of sapovirus associated with gastroenteritis outbreaks in Alberta, Canada: 2004–2007 [J]. J Infect Dis, 2009, 199(4):547–551. DOI: 10.1086/596210.
- [24] Lee LE, Cebelinski EA, Fuller C, et al. Sapovirus outbreaks in

- long-term care facilities, Oregon and Minnesota, USA, 2002–2009 [J]. *Emerg Infect Dis*, 2012, 18 (5) : 873–876. DOI: 10.3201/eid1805.111843.

[25] 徐春华,王志,王健.一起小学札如病毒急性胃肠炎聚集性疫情调查[J].中国消毒学杂志,2014,31(5):490–492.

Xu CH, Wang Z, Wang J. Investigation on the cause of clustering outbreak of acute sapovirus gastroenteritis epidemic in primary students[J]. *Chin J Disinfect*, 2014, 31(5):490–492.

[26] 龙冬玲,庄辉元,靳森,等.一起由札如病毒引起的急性胃肠炎暴发疫情的分子流行病学研究[J].国际病毒学杂志,2017,24 (3):183–186. DOI: 10.3760/cma.j.issn.1673–4092.2017.03.009.

Long DL, Zhuang HY, Jin M, et al. Molecular epidemiology of an acute gastroenteritis outbreak caused by sapovirus [J]. *Int J Virol*, 2017, 24(3) : 183–186. DOI: 10.3760/cma.j.issn.1673–4092.2017.03.009.

[27] 何雅青,卓菲,张海龙,等.一起札如病毒所致成年人急性胃肠炎暴发的分子流行病学研究[J].疾病监测,2012,27 (2) : 101–103. DOI: 10.3784/j.issn.1003–9961.2012.2.006.

He YQ, Zhuo F, Zhang HL, et al. Molecular epidemiology of a acute gastroenteritis outbreak caused by Sapovirus in Adults [J]. *Dis Surveill*, 2012, 27 (2) : 101–103. DOI: 10.3784/j.issn.1003–9961.2012.2.006.

[28] 颜玉炳,苏成豪.札如病毒致幼托儿童急性胃肠炎爆发疫情特征分析[J].中国校医,2016,30(5):364–366.

Yan YB, Su CH. Analysis of epidemiological characteristics of acute gastroenteritis outbreaks caused by sapovirus in preschool children[J]. *Chin J School Doctor*, 2016, 30(5) : 364–366.

[29] Sakai Y, Nakata S, Tatsumi M, et al. Clinical severity of norwalk virus and sapporo virus gastroenteritis in children in Hokkaido, Japan [J]. *Pediatr Infect Dis J*, 2001, 20 (9) : 849–853. DOI: 10.1097/00006454–200109000–00005.

[30] Mikula C, Springer B, Reichart S, et al. Sapovirus in adults in rehabilitation center, upper Austria[J]. *Emerg Infect Dis*, 2010, 16(7):1186–1187. DOI: 10.3201/eid1607.091789.

[31] Sala MR, Broner S, Moreno A, et al. Cases of acute gastroenteritis due to calicivirus in outbreaks: clinical differences by age and aetiological agent[J]. *Clin Microbiol Infect*, 2014, 20 (8):793–798. DOI: 10.1111/1469–0691.12522.

[32] Ishida S, Yoshizumi S, Miyoshi M, et al. Characterization of sapoviruses detected in Hokkaido, Japan [J]. *Jpn J Infect Dis*, 2008, 61(6):504–506.

[33] Iritani N, Kaida A, Abe N, et al. Detection and genetic characterization of human enteric viruses in oyster-associated gastroenteritis outbreaks between 2001 and 2012 in Osaka city, Japan [J]. *J Med Virol*, 2014, 86 (12) : 2019–2025. DOI: 10.1002/jmv.23883.

[34] Mori K, Nagano M, Kimoto K, et al. Detection of enteric viruses in fecal specimens from nonbacterial foodborne gastroenteritis outbreaks in Tokyo, Japan between 1966 and 1983 [J]. *Jpn J Infect Dis*, 2017, 70 (2) : 143–151. DOI: 10.7883/yoken.JJID.2015.456.

[35] Péter P, Zoltán K, Andrea K, et al. First gastroenteritis outbreak caused by sapovirus (GI 2) in Hungary-part of an international epidemic? [J]. *Orv Hetil*, 2009, 150 (26) : 1223–1229. DOI: 10.1556/OH.2009.28628.

[36] Dey SK, Phathammavong O, Nguyen TD, et al. Seasonal pattern and genotype distribution of sapovirus infection in Japan, 2003–2009 [J]. *Epidemiol Infect*, 2012, 140 (1) : 74–77. DOI: 10.1017/S0950268811000240.

[37] Varela MF, Hooper AS, Rivadulla E, et al. Human sapovirus in mussels from Ría do Burgo, A Coruña (Spain)[J]. *Food Environ Virol*, 2016, 8(3):187–193. DOI: 10.1007/s12560–016–9242–8.

[38] 周锦辉,严寒秋,高志勇.人类札如病毒流行概况[J].国际病毒学杂志,2017,24(2) : 133–136. DOI: 10.3760/cma.j.issn.1673–4092.2017.02.016.

Zhou JH, Yan HQ, Gao ZY. Advances in epidemiology of human sapovirus [J]. *Int J Virol*, 2017, 24 (2) : 133–136. DOI: 10.3760/cma.j.issn.1673–4092.2017.02.016.

[39] Harada S, Oka T, Tokuoka E, et al. A confirmation of sapovirus re-infection gastroenteritis cases with different genogroups and genetic shifts in the evolving sapovirus genotypes, 2002–2011 [J]. *Arch Virol*, 2013, 158 (12) : 2641–2642. DOI: 10.1007/s00705–013–1757–9.

(收稿日期:2018-07-19)

(本文编辑:斗智)

中华流行病学杂志第七届编辑委员会通讯编委名单

(按姓氏汉语拼音排序)

陈 曦	党少农	窦丰满	高 婷	高立冬	还锡萍	贾曼红	金连梅	荆春霞	李 琦	李十月
李秀央	林 玮	林 鹏	刘 莉	刘 玮	刘爱忠	马家奇	倪明健	欧剑鸣	潘晓红	彭晓旻
彭志行	任泽舫	施国庆	汤奋扬	田庆宝	王 丽	王 璐	王金桃	王丽敏	王志萍	武 鸣
谢 娟	解恒革	严卫丽	阎丽静	么鸿雁	余运贤	张宏伟	张茂俊	张卫东	郑 莹	郑素华
周脉耕	朱益民	祖荣强								