

## 北京市 2018 年 1 起流行性腮腺炎暴发的腮腺炎病毒基因特征

舒高林<sup>1</sup>, 吴杨<sup>1</sup>, 张阳<sup>1</sup>, 赵炳岩<sup>1</sup>, 庄鹏<sup>1</sup>, 高进玺<sup>1</sup>, 陈萌<sup>2</sup>

(1. 北京市昌平区疾病预防控制中心, 北京 102200; 2. 北京市疾病预防控制中心, 北京 100013)

基金项目: 北京市自然科学基金(7172105)

通信作者: 陈萌, Email: chenmengxx@qq.com

舒高林和吴杨为共同第一作者, 第一作者 Email: 836363289@qq.com

**摘要:** **目的** 了解北京市某区 1 起流行性腮腺炎(流腮)暴发的腮腺炎病毒(MuV)基因特征。**方法** 对该起暴发中的疑似流腮病例采集咽拭子标本, 开展 MuV 核酸检测和病毒分离, 进行 SH 基因分型、亲缘关系和变异分析。**结果** 本起疫情共分离出 8 株 MuV 毒株, 其 SH 核苷酸序列完全相同, 均为 F 基因型。所有分离株与北京市历年 MuV 毒株之间核苷酸序列差异为 1-17 个(0.3%-5.4%), 属于同一个分支。**结论** 北京市优势 MuV 毒株仍为 F 基因型, 但型内差异较大, 需加强流腮的持续性病毒学监测。

**关键词:** 流行性腮腺炎; 暴发; 腮腺炎病毒; 基因型

中图分类号: R183.1; R512.1 文献标识码: A 文章编号: 1006-916X(2019)01-0028-05

**Genetic characteristics of mumps virus in a mumps outbreak in Beijing, 2018** Shu Gaolin<sup>1</sup>, Wu Yang<sup>1</sup>, Zhang Yang<sup>1</sup>, Zhao Bingyan<sup>1</sup>, Zhuang Peng<sup>1</sup>, Gao Jinxi<sup>1</sup>, Chen Meng<sup>2</sup> (1.Changping District Center for Disease Control and Prevention, Beijing 102200, China; 2.Beijing Municipal Center for Disease Control and Prevention, Beijing 100013, China)

**Abstract: Objective** To analyze genetic characteristics of mumps virus from a mumps outbreak in a district in Beijing. **Methods** We collected throat swabs from suspected mumps cases during the outbreak to test for mumps virus nucleic acid and to isolate virus. We determined SH-gene-based genotypes, genetic homology, and genetic variations. **Results** Eight strains of mumps virus were isolated from the outbreak; all were F genotype. There were 1-17 (0.3%-5.4%) nucleic acid differences between these isolates and strains isolated in previous years in Beijing, indicating that they belonged to the same phylogenetic branch. **Conclusions** F genotype was the predominant mumps genotype circulating in Beijing. There was a high variation within the F genotype across the years. We should strengthen continuous mumps virus monitoring.

**Key words:** Mumps; Outbreak; Mumps virus; Genotype

流行性腮腺炎(流腮)是由腮腺炎病毒(Mumps virus, MuV)引起的急性呼吸道传染病, 病毒由患者和健康携带者的唾液或呼吸道分泌液飞沫经空气传播, 主要发病人群为 15 岁以下儿童及青少年, 潜伏期为 16-18d<sup>[1-2]</sup>。临床表现主要为发烧、肌痛、头痛、腮腺肿大, 并可能伴有听力丧失、睾丸炎、卵巢炎等并发症<sup>[3-4]</sup>。流腮可通过接种麻腮风联合减毒活疫苗(MMR)来预防。MuV 为副黏病毒科 MuV 属, 单股负链 RNA 病毒。MuV 含有 15 384 个核苷酸, 共计编码 7 个蛋白, 其中 HN 蛋白是最主要的抗原, 该蛋白变异可引起病毒抗原性变化<sup>[3,5]</sup>, SH 基因变异程度最大, 被选为 MuV 基因型鉴定的靶基因。目前全球已发现 12 个 MuV 基因型, 分别命名为 A、B、C、D、F、G、H、I、J、K、L、

N 基因型, 中国流行的优势基因型为 F 基因型, G 基因型呈局部流行, F 型也是中国所特有的本土基因型<sup>[6]</sup>。北京市自 2006 年将腮腺炎疫苗纳入免疫规划后, 流腮发病率有所下降<sup>[7]</sup>。本研究基于北京市 1 起流腮暴发疫情, 对 MuV 毒株进行基因特征的分型, 为流腮预防与控制及疫苗免疫策略的修订提供依据。

### 材料与方 法

**1 标本采集** 采集北京市某区 2018 年 1 起流腮暴发疫情中疑似流腮病例咽拭子、血液样本(两种标本同时采集), 24h 内冷链运输至区疾病预防控制中心(CDC)检测。

**2 病毒分离** 将 0.2mL 咽拭子样本接种到已生长成片的 Vero/Slam

细胞中, 37℃ 吸附 1h 后加入维持液于 37℃ 培养, 逐日观察病变情况, 当细胞出现融合病变 (CPE) 时将病毒分离物于 -80℃ 反复冻融 3 次提取核酸, 并进行核酸检测, 如培养 7d 未发生 CPE, 进行病毒传代, 仍未发生 CPE 则判断为病毒分离阴性。

**3 血清学抗体检测** 使用 Virion/Serion 腮腺炎 IgM 抗体检测试剂盒进行 ELISA 检测, 将 10 $\mu$ L 血清样本稀释后孵育显色, 最后在 405nm 处读数, 根据读出的数值, 利用给出的界值判定阴性或阳性, 步骤参见试剂盒说明书。

**4 病毒核酸提取** 使用 MagNA Pure LC 2.0 全自动核酸提取仪提取 200 $\mu$ L 咽拭子样本中的总核酸, 病毒核酸溶于 60 $\mu$ L 无核酸酶水中, 立即用于扩增。

**5 病毒核酸检测** 使用江苏和创 MuV 核酸检测试剂盒 (实时荧光定量法) 检测 MuV 核酸。判定方法及步骤参照试剂盒说明书。

**6 病毒基因型别鉴定与 SH 基因变异分析** 利用 2 对引物对 MuV 的 SH 基因及两侧区域进行扩增, 引物序列为 P1-F: CAATATCAAGTAGTGTGCG, P2-R: TTCTGTGTTGTATTGTGA; P3-F: ATGATCTCATCAGGTAC, P4-R: TCCTAAGTTTGTCTGG。利用 PIP2 进行一次扩增, 以此为模板再进行二次扩增, 具体方法见文献<sup>[8]</sup>。PCR 体系: Ex Taq 0.25 $\mu$ L, 10 $\times$ Ex Taq Buffer 5 $\mu$ L, dNTP Mixture 4 $\mu$ L, 2 $\mu$ L 样品核酸, Forward Primer (10pmol/ $\mu$ L) 1 $\mu$ L; Reverse Primer (10pmol/ $\mu$ L) 1 $\mu$ L, 补足 ddH<sub>2</sub>O 至 50 $\mu$ L。扩增条件: 94 $^{\circ}$ C 3min, 94 $^{\circ}$ C 30s, 55 $^{\circ}$ C 30s, 72 $^{\circ}$ C 1min, 30 个循环, 72 $^{\circ}$ C 10min, 4 $^{\circ}$ C 保存。以 1.2% 琼脂糖凝胶电泳检测扩增

产物。将扩增出的序列送至北京擎科新业生物技术有限公司进行测序, 将测出的 SH 基因 (316bp) 在美国国立生物技术信息中心 (National Center for Biotechnology Information, NCBI) 进行比对, 使用 CLUSTAL W 软件和 MEGA6 软件进行序列同源性分析和基因亲缘性关系分析。参考序列为世界卫生组织 (WHO) 推荐的 12 个基因型的 22 个代表株及中国报道的部分参考株<sup>[9-10]</sup>。

## 结 果

### 1 疫情概况

2018 年 3 月 15 日 -4 月 12 日, 北京市某区哨点医院通过中国疾病预防信息系统共报告 26 例疑似流腮病例, 确诊流腮病例 23 例, 其中实验室诊断 17 例, 占 20 例实验室样本检测病例 (表 1) 的 85%; 临床诊断 6 例。在确诊病例中, 男性 12 例, 女性 11 例; 临床表现为发热、腮腺肿大, 初期伴随乏力、咳嗽、鼻塞; 所有病例均为在校大学生。

### 2 实验室检测结果

**2.1 总体情况** 在 20 例疑似流腮病例中, 血清 MuV IgM 抗体阳性率、咽拭子标本 MuV 核酸阳性率、MuV 分离阳性率分别为 45.0%、70.0%、40.0%。

表 1 20 例疑似流腮病例的实验室检测结果

Table 1 Laboratory results of 20 suspected mumps cases

病例编号 NO.	性别 Gender	发病周次 Week NO.	发病日期 Onset date	采样日期 Sample collection date	采样间隔 (d) Sample collection interval	免疫史 Vaccination history	IgM	病毒核酸 MuV RNA	病毒分离 MuV isolation
1	男 Male	11	2018-3-14	2018-4-2	19	否 No	+	+	-
2	女 Female	13	2018-3-28	2018-4-2	5	是 Yes	-	+	+
3	男 Male	13	2018-3-29	2018-4-2	4	是 Yes	+	+	+
4	男 Male	13	2018-3-30	2018-4-2	3	是 Yes	-	+	+
5	男 Male	13	2018-3-30	2018-4-2	3	是 Yes	+	+	+
6	男 Male	13	2018-3-30	2018-4-3	4	是 Yes	-	+	-
7	女 Female	13	2018-3-31	2018-4-2	2	是 Yes	+	+	+
8	男 Male	13	2018-3-31	2018-4-3	3	是 Yes	+	+	+
9	女 Female	13	2018-3-30	2018-4-8	9	是 Yes	-	+	-
10	男 Male	13	2018-3-30	2018-4-8	9	是 Yes	+	-	-
11	男 Male	14	2018-4-7	2018-4-9	2	是 Yes	-	+	+
12	女 Female	14	2018-4-6	2018-4-10	4	是 Yes	+	-	-
13	男 Male	14	2018-4-8	2018-4-11	3	否 No	-	+	+
14	男 Male	15	2018-4-10	2018-4-11	1	是 Yes	-	+	-
15	女 Female	13	2018-4-1	2018-4-11	10	是 Yes	+	+	-
16	男 Male	15	2018-4-10	2018-4-12	2	是 Yes	-	+	-
17	女 Female	14	2018-4-7	2018-4-12	5	是 Yes	+	-	-
18	男 Male	15	2018-4-9	2018-4-11	2	是 Yes	-	-	-
19	女 Female	15	2018-4-10	2018-4-12	2	是 Yes	-	-	-
20	男 Male	15	2018-4-12	2018-4-12	0	是 Yes	-	-	-

**2.2 采样间隔分布** 从发病到采样的时间间隔为 0-3d 的病例 IgM、MuV 核酸、MuV 分离阳性率分别为 27.3%、72.7%、54.5%;  $\geq 4$ d 的病例分别为 66.7%、

66.7%、22.2% (表 2)。

**2.3 免疫史分布** 有腮腺炎疫苗免疫史的病例 IgM、MuV 核酸、MuV 分离阳性率分别为 44.4%、66.7%、

表 2 实验室检测阳性率 (%) 的采样间隔和免疫史分布

Table 2 Positivity rates (%) of laboratory tests by sample collection time and vaccination history

变量 Variable	IgM	病毒核酸 MuV RNA	病毒分离 MuV isolation
采样间隔 Sample collection time			
0-3d	27.3(3/11)	72.7(8/11)	54.5(6/11)
≥4d	66.7(6/9)	66.7(6/9)	22.2(2/9)
免疫史 Vaccination history			
有 Yes	44.4(8/18)	66.7(12/18)	38.9(7/18)
无 No	50.0(1/2)	100(2/2)	50.0(1/2)
合计 Total	45.0(9/20)	70.0(14/20)	40.0(8/20)

38.9%;无免疫史的病例分别为 50.0%、100%、50.0%(表 2)。

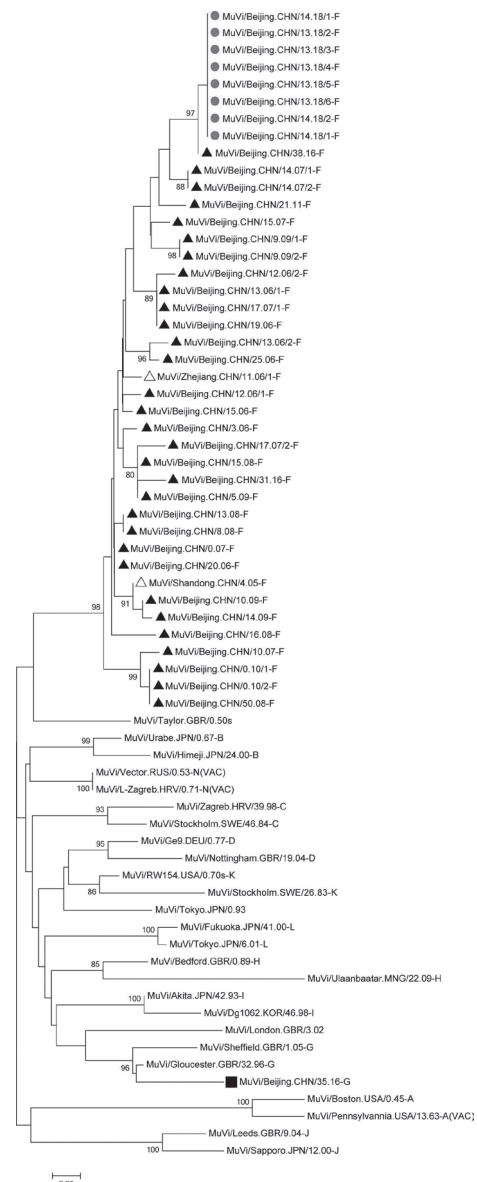
### 3 MuV 分离株基因型

3.1 核苷酸差异 将培养出的 8 株 MuV 毒株重新按照发病周次命名 (2: MuVi/Beijing.CHN /13.18 /1-F、3: MuVi/Beijing.CHN/13.18 /2-F、4: MuVi/Beijing.CHN /13.18 /3-F、5: MuVi /Beijing.CHN/13.18/4-F、7: MuVi /Beijing.CHN /13.18 /5-F、8: MuVi/Beijing.CHN /13.18 /6-F、11: MuVi/Beijing.CHN /14.18/1-F、13: MuVi/Beijing.CHN/14.18 /2-F)。所有分离株 SH 核苷酸序列完全相同,均为 F 型,8 株毒株与北京市历年 F 型毒株之间核苷酸序列差异在 1-17 个 (0.3%-5.4%) 之间;其中与 MuVi/Beijing.CHN/38.16-F 株差异最小(1 个,0.3%),与 MuVi/Beijing.CHN /10.07-F 株差异最大(17 个,5.4%),与其他 7 株 (MuVi/Beijing.CHN /0.10 /1-F、MuVi/Beijing.CHN /0.10/2-F、MuVi/Beijing.CHN/13.06/2-F、MuVi/Beijing.CHN/14.09-F、MuVi/Beijing.CHN /16.08-F、MuVi /Beijing.CHN/17.07/2-F、MuVi /Beijing.CHN/50.08-F) 的差异为 14-16 个 (4.4%-5.0%)。

3.2 亲缘关系 将本研究所得到毒株 SH 序列与 WHO 推荐的 12 个基因型的 22 个代表株及中国报道的部分参考株进行亲缘关系分析,结果显示,8 株疫情分离株与北京历年 F 型毒株在同一分支,与 MuVi /Beijing.CHN/38.16-F 亲缘关系最近;中国 F 型与 MuVi/Taylor.GBR/0.50s, 基因型 A、J、其他型别分属于三个不同分支, A、J 型与其他型别毒株亲缘关系较远,2016 年北京出现的 G 型毒株与 MuVi/Gloucester.GBR /32.96-G、MuVi/Sheffield.GBR/1.05-G、MuVi /London.GBR/3.02 属于同一分支,其中与 MuVi/ Gloucester.GBR /32.96-G 亲缘关系最近(图 1)。

## 讨 论

截止到 2017 年,全球已发现 MuV 12 个基因型(A、B、C、D、F、G、H、I、J、K、L、N 基因型),其中 C、G、H、J、K 基因型多来自于西半球, B、F、I、L 基因型主要集中在亚洲。中国大陆地区流行的 MuV 优势株为 F 基因型,全国 22 个省份均有检测到该型别<sup>[1]</sup>,此外中国某些



● 本疫情分离株 Strains from the outbreak  
▲ 北京历年 F 基因型病毒 Beijing F genotype virus from previous years  
△ 其他省份 F 基因型病毒 F genotype virus from other provinces  
■ 中国 G 基因型病毒 Chinese G genotype virus

图 1 MuV 疫情分离株与其他参考株的 SH 基因亲缘关系树  
Figure 1 Phylogenetic tree of SH genes between MuV strains from the outbreak and other reference strains



省份还出现了 G 基因型<sup>[7]</sup>。2015 年后在一些国家中主要流行的有 6 个基因型,并且不同基因型可在同一地区共同循环<sup>[12-13]</sup>。在腮腺炎疫苗普及之前,每年每 10 万人约有 100-1 000 人发生流腮,发病高峰为冬末春初<sup>[1]</sup>,每 2-5 年出现一次流腮大流行。20 世纪 80 年代起,60% 的 WHO 成员国将腮腺炎疫苗列入免疫规划,有效地降低了流腮发病<sup>[10]</sup>。

流腮病例的实验室诊断一般通过对血液、尿液或咽拭子样本进行检测。有研究发现<sup>[14]</sup>,对病例采集咽拭子、尿液、血液分别进行核酸及血清学 IgM 检测,咽拭子核酸阳性检出率最高,尿样在发病后 6-10d 检出率较高,而对于 IgM 检测,随着发病时间的推移(10d 内),阳性率逐渐升高。

本研究对 20 例疑似流腮病例的样本进行了检测,其中 MuV IgM 阳性率为 45.0%, MuV 核酸检测阳性率为 70.0%,高于 IgM 阳性率<sup>[15]</sup>。IgM 阳性率随时间推移而逐渐提高,采集样本在 4-11d 内,IgM 阳性率均处在较高水平;而病毒核酸在发病后 3d 内检出阳性率最高(72.7%)。所有样本中,核酸诊断为阳性而 IgM 抗体未能检出的样本有 8 份,且主要集中在发病 3d 以内,可能是由于发病早期采集的血液中 IgM 抗体还未升高或者继发性免疫失败的病例急性期血 IgM 抗体不升高造成的,这与 Alexandra Nunn 等人研究结果一致<sup>[7,14,16]</sup>。3 份样本(样本 10、12、17)采集时间在发病 3d 后,IgM 阳性而核酸检测为阴性,这可能是人体感染后病毒短时间内大量增值并达到顶峰,随后机体出现免疫应答,病毒载量降低的缘故。因此,无论发病早期还是晚期,都应该采集两种标本,互为补充。本研究中 20 例疑似流腮病例共分离出 8 株 MuV 毒株,分离率较低,这可能与腮腺炎疫苗的免疫史有关。自 2016 年以来,北京市有腮腺炎疫苗免疫史病例的比例增加到 70% 以上,有免疫史的病例更难分离出 MuV<sup>[7,17]</sup>。本研究中有免疫史的病例为 90%,单一 IgM 或者病毒核酸检测都不能有效地诊断出所有病例,并且随着发病时间推移,病毒分离率明显降低,发病后 3d 内病毒分离率可达 54.5%, $\geq 4d$  病毒分离率为 22.2%,其中 $\geq 8d$  病毒分离率为 0.0%(文中未给出),也说明样本中病毒载量较低,提示流腮发病后应及时采集样本,在检测中需要血清学和核酸检测相结合,以排除有免疫史病例对于检测结果的影响,避免出现漏检的可能。

利用基因序列建立亲缘性关系树图,对掌握该地区流腮病例的流行基因型别、传播途径以及变异情况具有重要意义。MuV 的 SH 基因由于其变化最大,

被用来作为分型依据,当分型结果不够明确时,还可以通过 HN 基因进行补充分型<sup>[10,18-19]</sup>。本研究中,分离出的 8 株病毒株 SH 基因核苷酸同源性为 100%,同处一个分支,说明本次感染病例来自同一病毒株。分离株与 2016 年北京出现的毒株(MuVi/Beijing.CHN/38.16-1-F)同源性最高,与北京历年其他毒株核苷酸差异在 1-17 个(0.3%-5.4%)之间。在亲缘性关系上,分离株与北京历年 F 型毒株最接近,与 MuVi/Taylor.GBR/0.50s 同处一个分支,2016 年北京首次出现的 G 型毒株与其他国家出现的 G 型属于同一分支,均与 F 型亲缘关系较远。在流腮流行过程中 F 基因型仍在不断变异,毒株之间的差异也在逐渐增大<sup>[11]</sup>,本研究得到的毒株与北京历年同型别个别毒株核苷酸差异仍然较大,呈现 F 型基因多样性。

近年来,一些地区出现主要 MuV 流行株向其他型别转移的现象<sup>[14,20-21]</sup>,虽然大多数国家已把腮腺炎疫苗纳入免疫规划,但某些疫情中腮腺炎疫苗未起到保护作用,可能是由于病毒抗原性发生变化,此外,流腮发病逐渐向大年龄组推移,疫苗接种剂次和接种年限都对疫苗保护效果影响很大,尤其是接种年限,疫苗接种几年后腮腺炎抗体水平随时间推移而明显下降。学校属于高度密接区域,更容易发生流腮暴发疫情,对新生入学时进行疫苗的查漏补种,延长疫苗保护年限变得尤为重要<sup>[22-27]</sup>。在出现流腮病例后应及时采取防控措施,迅速开展应急接种,尽早阻断病毒传播,一旦发现高度变异可疑毒株应立即上报,防止疫情扩散。

#### 参考文献:

- [1] 费方荣,冯录召,许真,等.2008-2010 年中国流行性腮腺炎流行病学特征分析[J].疾病监测,2011,26(9):691-693.  
FEI Fangrong, FENG Luzhao, XU Zhen, et al. Epidemiology of mumps in China, 2008-2010[J]. Disease Surveillance, 2011, 26(9): 691-693.
- [2] 符剑,陈恩富,李倩,等.2005-2009 年浙江省流行性腮腺炎监测和暴发疫情分析[J].疾病监测,2011,26(4):284-286.  
FU Jian, CHEN Enfu, LI Qian, et al. Surveillance of mumps in Zhejiang province, 2005-2009 [J]. Disease Surveillance, 2011, 26(4): 284-286.
- [3] CHENG WY, LIU MT. Molecular characteristics of mumps viruses isolated in Taiwan from 2006 to 2016[J]. Heliyon, 2018, 4(2): e00518.
- [4] LIU W, DENG L, LIN X, et al. Importation of mumps virus genotype K to China from Vietnam [J]. Emerg Infect Dis, 2018, 24(4): 774-778.
- [5] 陈萌.北京地区流行性腮腺炎野病毒基因特征及疫苗效果评价[D].北京:中国协和医科大学,2009.  
CHEN Meng. Genetic characteristics of mumps wild virus and evaluation of vaccine efficacy in Beijing [D]. Beijing: Chinese Peking Union Medical College, 2009.

- [6] 崔爱利, 朱贞, 王常银, 等. 中国 2006 ~ 2008 年流行性腮腺炎病毒的基因特征分析 [J]. 中国疫苗和免疫, 2009, 15(1):8-13.  
CUI Aili, ZHU Zhen, WANG Changyin, et al. Genetic characteristics of mumps virus in China from 2006 to 2008 [J]. Chinese Journal of Vaccines and Immunization, 2009, 15(1):8-13.
- [7] 陈萌, 崔爱利, 王斌, 等. 北京市 2016 年发现流行性腮腺炎 G 基因型病毒 [J]. 病毒学报, 2017, 33(5):706-711.  
CHEN Meng, CUI Aili, WANG Bin, et al. G genotype mumps virus found in Beijing, China in 2016 [J]. Chinese Journal of Virology, 2017, 33(5):706-711.
- [8] JIN L, RIMA B, BROWN D, et al. Proposal for genetic characterisation of wild-type mumps strains: preliminary standardisation of the nomenclature [J]. Arch Virol, 2005, 150(9):1903-1909.
- [9] CUI A, ZHU Z, HU Y, et al. Mumps epidemiology and mumps virus genotypes circulating in mainland China during 2013-2015 [J]. PloS One, 2017, 12(1):e0169561.
- [10] JIN L, ORVELL C, MYERS R, et al. Genomic diversity of mumps virus and global distribution of the 12 genotypes [J]. Reviews in Medical Virology, 2015, 25(2):85-101.
- [11] 崔爱利, 朱贞, 张燕, 等. 2001-2017 年中国流行性腮腺炎病毒学监测及基因特征分析 [J]. 中国疫苗和免疫, 2018, 24(3):249-255.  
CUI Aili, ZHU Zhen, ZHANG Yan, et al. Viral surveillance and genetic characteristics of mumps viruses in China during 2001-2017 [J]. Chinese Journal of Vaccines and Immunization, 2018, 24(3):249-255.
- [12] CUI A, RIVAILLER P, ZHU Z, et al. Evolutionary analysis of mumps viruses of genotype F collected in mainland China in 2001-2015 [J]. Sci Rep, 2017, 7(1):17144.
- [13] 邓丽丽, 刘巍, 马宇燕, 等. 2012 年广西壮族自治区一起成人流行性腮腺炎暴发的病原基因型特征 [J]. 中国疫苗和免疫, 2017, 23(1):67-71.  
DENG Lili, LIU Wei, MA Yuyan, et al. Genetic characteristics of mumps virus in a mumps outbreak among adults in Guangxi Zhuang Autonomous Region, 2012 [J]. Chinese Journal of Vaccines and Immunization, 2017, 23(1):67-71.
- [14] NUNN A, MASUD S, KRAJDEN M, et al. Diagnostic yield of laboratory methods and value of viral genotyping during an outbreak of mumps in a partially vaccinated population in British Columbia, Canada [J]. J Clin Microbiol, 2018, 56(5):JCM.01954-17.
- [15] ROTA JS, ROSEN JB, DOLL MK, et al. Comparison of the sensitivity of laboratory diagnostic methods from a well-characterized outbreak of mumps in New York city in 2009 [J]. Clin Vaccine Immunol, 2013, 20(3):391-396.
- [16] LATNER DR, MCGREW M, WILLIAMS N, et al. Enzyme-linked immunospot assay detection of mumps-specific antibody-secreting B cells as an alternative method of laboratory diagnosis [J]. Clin Vaccine Immunol, 2011, 18(1):35-42.
- [17] 陈萌, 陈丽娟, 杨洁, 等. 2004 ~ 2007 年北京地区流行性腮腺炎病原学及基因型分析 [J]. 中国卫生检验杂志, 2008, 18(9):1705-1707.  
CHEN Meng, CHEN Lijuan, YANG Jie, et al. Analysis on pathogenic characteristics and genotype of mumps virus strain circulating in Beijing from 2004 to 2007 [J]. Chinese Journal of Health Laboratory Technology, 2008, 18(9):1705-1707.
- [18] STAPLETON P, STAPLETON P. Molecular investigation of an Ontario mumps outbreak using whole genome sequencing [J]. Open Forum Infectious Diseases, 2017, 4(Suppl 1):S359-S359.
- [19] WHO. Mumps virus nomenclature update: 2012 [J]. Weekly Epidemiological Record, 2012, 87(22):217-224.
- [20] VAIDYA SR, TILAVAT SM, Hamde VS, et al. Outbreak of mumps virus genotype G infection in tribal individuals during 2016-17 in India [J]. Microbiol Immunol, 2018, 62(6):517-523.
- [21] GAVILAN AM, FERNANDEZ-GARCIA A, RUEDA A, et al. Genomic non-coding regions reveal hidden patterns of mumps virus circulation in Spain, 2005 to 2015 [J]. Euro Surveill, 2018, 23(15):1-8.
- [22] 贾成梅, 汪志国, 张磊, 等. 江苏省 2016 年入学小学生流行性腮腺炎抗体水平分析 [J]. 中国学校卫生, 2018, 39(5):738-740.  
JIA Chengmei, WANG Zhiguo, ZHANG Lei, et al. Antibodies to mumps among primary school students in Jiangsu province in 2016 [J]. Chinese Journal of School Health, 2018, 39(5):738-740.
- [23] 宋会荣, 贾娜. 不同流行性腮腺炎疫苗接种率及剂次保护效果比较评价 [J]. 世界最新医学信息文摘, 2018, 18(48):296.  
SONG Huirong, JIA Na. Comparison of vaccination rate and dose protection effect of different mumps [J]. World Latest Medicine Information, 2018, 18(48):296.
- [24] 梁静, 陈田木, 钟剑明. 广东省深圳市某中学流行性腮腺炎暴发疫情防控效果评价 [J]. 医学动物防制, 2018, 34(6):540-543+546.  
Liang Jing, Chen Tianmu, Zhong Jianming. Evaluation of the effectiveness of measures for mumps outbreak in a middle school in Shenzhen of Guangdong [J]. Journal of Medical Pest Control, 2018, 34(6):540-543+546.
- [25] 张磊. 流行性腮腺炎的流行病学特征及暴发原因的分析 [D]. 合肥: 安徽医科大学, 2013.  
ZHANG Lei. Analysis of epidemiological characteristics and outbreak causes of mumps [D]. Hefei: Anhui Medical University, 2013.
- [26] 吕海英, 王翠玲. 流行性腮腺炎疫苗在学校暴发疫情中的保护效果 [J]. 中国学校卫生, 2015, 36(12):1845-1847.  
LYU Haiying, WANG Cuiling. Protection effectiveness of mumps attenuated live vaccine against mump outbreak in schools [J]. Chinese Journal of School Health, 2015, 36(12):1845-1847.
- [27] 马飞飞, 程慧健, 来学惠, 等. 一起学校流行性腮腺炎暴发疫情及疫苗保护效果 [J]. 中国学校卫生, 2017, 38(1):137-139.  
MA Feifei, CHENG Huijian, LAI Xuehui, et al. Epidemic outbreak of mumps and protective effect of vaccine in a school [J]. Chinese Journal of School Health, 2017, 38(1):137-139.

(收稿日期: 2018-09-03)