

· 临床研究 · doi:10.3969/j.issn.1671-8348.2026.03.021

网络首发 [https://link.cnki.net/urlid/50.1097.R.20251112.1520.004\(2025-11-12\)](https://link.cnki.net/urlid/50.1097.R.20251112.1520.004(2025-11-12))

衢州地区食源性疾病患者的诺如病毒感染情况 及其与肠道菌群的关系*

陈焱¹ 王胜² 徐慧敏¹ 何振洁¹

(1. 江山市人民医院检验科, 浙江衢州 324100; 2. 衢州市人民医院检验科, 浙江衢州 324000)

[摘要] **目的** 分析衢州地区食源性疾病患者的诺如病毒感染检测结果及其与肠道菌群的关系。**方法** 收集 2023 年衢州地区食源性疾病主动监测相关哨点医院采集的食源性疾病患者粪便标本 496 份, 根据诺如病毒感染检测结果, 将诺如病毒检测阳性粪便标本纳入诺如病毒组, 将健康者粪便标本 10 份作为对照组, 比较两组肠道菌群的 Alpha 多样性、物种丰度。**结果** 食源性疾病患者 496 份粪便标本中共检出诺如病毒阳性 95 份 (19.15%), 包括 G I 型 9.47%、G II 型 85.26%、G I / G II 混合型 5.26%; <5 岁患者诺如病毒检出率、G II 型检出率明显高于其他年龄段患者 ($P < 0.05$), 冬季、春季发病患者诺如病毒感染检出率、G II 型检出率明显高于夏季、秋季发病患者 ($P < 0.05$); 两组肠道菌群的 Alpha 多样性指数 chao、shannon 比较差异无统计学意义 ($P > 0.05$); 诺如病毒组拟杆菌门及厚壁菌门相对丰度明显高于对照组 ($P < 0.05$), 变形菌门相对丰度明显低于对照组 ($P < 0.05$); 两组链球菌属相对丰度比较差异无统计学意义 ($P > 0.05$), 诺如病毒组假单胞菌属及埃希菌属相对丰度明显低于对照组 ($P < 0.05$), 拟杆菌属相对丰度明显高于对照组 ($P < 0.05$)。**结论** 衢州地区食源性疾病患者诺如病毒感染以 G II 型为主, 好发于 <5 岁群体及春冬季, 与肠道菌群变化密切相关。

[关键词] 衢州; 食源性疾病; 诺如病毒; 肠道菌群; 关系

[中图法分类号] R155.3 **[文献标识码]** A **[文章编号]** 1671-8348(2026)03-0598-05

Norovirus infection in patients with foodborne diseases in Quzhou region and its relationship with intestinal microbiota*

CHEN Yan¹, WANG Sheng², XU Huimin¹, HE Zhenjie¹

(1. Department of Laboratory Medicine, Jiangshan People's Hospital, Quzhou, Zhejiang 324100, China; 2. Department of Laboratory Medicine, Quzhou People's Hospital, Quzhou, Zhejiang 324000, China)

[Abstract] **Objective** To analyze the detection results of Norovirus infection in patients with foodborne diseases in Quzhou region and its relationship with intestinal microbiota. **Methods** A total of 496 fecal samples were collected from patients with foodborne diseases at sentinel hospitals under active surveillance for foodborne diseases in Quzhou region in 2023. According to Norovirus test results, patients with positive Norovirus infection were assigned to the Norovirus group, and 10 fecal samples from healthy individuals served as the control group. Alpha diversity and species abundance of intestinal microbiota were compared between the two groups. **Results** Among 496 fecal samples from foodborne disease patients, 95 (19.15%) were positive for Norovirus infection, including 9.47% genotype G I, 85.26% genotype G II, and 5.26% mixed G I / G II. The detection rates of Norovirus infection and G II genotype in patients under 5 years old were significantly higher than those in other age groups ($P < 0.05$). The detection rates of Norovirus infection and G II genotype in patients with onset in winter and spring were significantly higher than those in summer and autumn ($P < 0.05$). There were no significant differences in the Alpha diversity indexes chao and shannon between the two groups ($P > 0.05$). The relative abundances of Bacteroidetes and Firmicutes in the Norovirus group were significantly higher than those in the control group ($P < 0.05$), while the relative abundance of Proteobacteria was significantly lower ($P < 0.05$). There was no significant difference in the relative abundance of Streptococcus between the two groups ($P > 0.05$). The relative abundances of Pseudomonas and Escherichia in the Norovirus group were significantly lower than those in the control group ($P < 0.05$), whereas the relative abundance of Bacteroides was significantly higher ($P < 0.05$). **Conclusion** Norovirus infection in patients of food-

* 基金项目:衢州市科学技术局 2023 年度指导性科技攻关项目(2023ZD032)。

borne diseases in Quzhou region is predominantly genotype GII, with high incidence in children under 5 years old and in spring and winter. Norovirus infection is closely associated with changes in intestinal microbiota.

[Key words] Quzhou; foodborne diseases; Norovirus; intestinal microbiota; relationship

食源性疾病主要指由食品内所含致病因素经口进入人体诱发的中毒性或感染性疾病,是全球卫生领域中的突出问题^[1]。诺如病毒为诱发食源性疾病的常见病原体,可见于各年龄段人群^[2-4]。按照基因组同源性特点,诺如病毒可分为 GI~GVI 共 6 个基因组,并以 GI、GII 相对常见,为诱发人类急性胃肠炎的常见基因组^[5-6]。诺如病毒具有感染剂量小及抵抗力强等特征,主要传播途径为粪-口途径饮食受到污染的水及食物等,能在人群聚集场所快速流行。相关研究表明,全世界每年由诺如病毒致腹泻患者达 6.86 亿例,死亡患者 21 万例,并且 85% 的腹泻患者和 99% 的死亡患者来自发展中国家^[7-9]。目前,临床上尚未完全明确诺如病毒的感染机制,无特效治疗药物和疫苗。相关研究指出,肠道菌群变化与诺如病毒感染密切相关^[10],但关于肠道菌群在诺如病毒感染中的作用和具体机制尚缺乏足够的理论证据支持。基于此,本文探究了衢州地区食源性疾病患者中诺如病毒的感染特征及其与肠道菌群的关系,以期为该地区诺如病毒感染的防治提供一定参考。

1 资料与方法

1.1 一般资料

收集 2023 年衢州地区食源性疾病主动监测相关哨点医院采集的食源性疾病患者粪便标本 496 份。纳入标准:(1)主要表现为腹泻,且为食物/怀疑食物所致食源性散发腹泻;(2)腹泻患者 24 h 内排便 ≥ 3 次,同时粪便性状异常,包括脓血便、稀便、黏液便及水样便等。排除标准:(1)粪便标本受到污染;(2)暴发病例。根据诺如病毒检测结果,将阳性粪便标本纳入诺如病毒组,另收集健康者的粪便标本 10 份作为对照组,将粪便标本存储于 $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 条件下以备检测。本研究已通过江山市人民医院伦理委员会批准。

1.2 方法

1.2.1 资料收集

通过自制调查表收集患者的性别、年龄、发病季节、户籍等资料。

1.2.2 诺如病毒检测

按照《2017 年国家食源性疾病监测工作手册》相关要求完成诺如病毒检测,先制备浓度 10% 粪便悬液,使用核酸提取试剂盒(上海联祖生物科技有限公司)进行总 RNA 的提取,通过实时荧光逆转录聚合酶链式反应(reverse transcription-polymerase chain reaction, RT-PCR)进行 GI 型、GII 型诺如病毒的检测。根据扩增循环阈值大小,即 Ct 值进行判断,其中 Ct 值 ≤ 38 为诺如病毒感染阳性,Ct 值 ≥ 45 为阴性,如果 Ct 值为 $>38\sim<45$,则需重新进行检测,如果重

新检测仍为 $>38\sim<45$,则判断为阴性^[11]。

1.2.3 肠道菌群检测

通过物化法提取菌群 DNA,以 PCR 扩增仪[大龙兴创实验仪器(北京)股份公司,TC1000-S]对 16S rRNA V4~V5 可变区进行扩增,同时于高通量测序平台(美国 illumina 公司)选取 PCR 扩增产物进行测序,完成菌群多样性分析。采用 Prodigal 软件对开放阅读框(open reading frame, ORF)进行预测,采用 Mmseqs 软件完成 ORF 预测结果的基因聚类处理与去冗余处理,获取非冗余基因集,然后对比该基因集具体 Unigenes 序列,以及美国国立生物技术信息中心(National Center for Biotechnology Information, NCBI)-非冗余蛋白序列(non-redundant protein sequence database, NR)数据库完成 Unigenes 物种注释,参照基因丰度表,获得不同分类层级的具体物种构成及其相对丰度。

1.3 统计学处理

采用 SPSS26.0 软件进行处理,计数资料以例数或百分比表示,比较采取 χ^2 检验或 Fisher 确切概率法;计量资料以 $\bar{x}\pm s$ 表示,组间比较采取独立样本 *t* 检验;采用 Qiime 软件分析 Alpha 多样性指数,依据可操作分类单元(operational taxonomic units, OTU)分类及注释结果进行物种丰度分析。以 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 诺如病毒检出情况

496 份检测标本中共检出诺如病毒阳性 95 份(19.15%),包括 GI 型 9 份(9.47%)、GII 型 81 份(85.26%)、GI/GII 混合型 5 份(5.26%)。 <5 岁患者的诺如病毒检出率明显高于其他年龄段患者($P<0.05$),冬季、春季发病患者的诺如病毒检出率明显高于夏季、秋季发病患者($P<0.05$),见表 1。

表 1 诺如病毒感染检出情况 [n (%)]

项目	<i>n</i>	诺如病毒阳性	χ^2/H	<i>P</i>
性别			1.119	0.290
男	263	55(20.91)		
女	233	40(17.17)		
年龄			18.576	0.005
<5 岁	155	46(29.68)		
5~<21 岁	74	10(13.51)		
21~<31 岁	86	12(13.95)		
31~<41 岁	63	10(15.87)		
41~<51 岁	28	6(21.43)		
51~<60 岁	41	7(17.07)		
≥ 60 岁	49	4(8.16)		
发病季节			22.405	<0.001
春季	118	31(26.27)		
夏季	138	13(9.42)		

续表 1 诺如病毒感染检出情况[n(%)]

项目	n	诺如病毒阳性	χ^2/H	P
秋季	124	17(13.71)		
冬季	116	34(29.31)		
户籍			3.497	0.062
城镇	234	53(22.65)		
农村	262	42(16.03)		

2.2 不同年龄、发病季节 G I 型、G II 型、G I /G II 混合型检出率比较

表 2 不同年龄、发病季节 G I 型、G II 型、G I /G II 混合型检出情况比较[n(%)]

项目	n	G I 型	H	P	G II 型	H	P	G I /G II 混合型	H	P
年龄				0.956		19.979	0.003			0.718
<5 岁	155	3(1.94)			41(26.45)			2(1.29)		
5~<21 岁	74	1(1.35)			7(9.46)			2(2.70)		
21~<31 岁	86	2(2.33)			10(11.63)			0		
31~<41 岁	63	1(1.59)			8(12.70)			1(1.59)		
41~<51 岁	28	1(3.57)			5(17.86)			0		
51~<60 岁	41	0			7(17.07)			0		
≥60 岁	49	1(2.04)			3(6.12)			0		
发病季节			3.716	0.294		15.498	0.001		2.610	0.456
春季	118	3(2.54)			26(22.03)			2(1.69)		
夏季	138	1(0.72)			12(8.70)			0		
秋季	124	1(0.81)			15(12.10)			1(0.81)		
冬季	116	4(3.45)			28(24.14)			2(1.72)		

表 3 两组肠道菌群 Alpha 多样性指数比较($\bar{x} \pm s$)

组别	n	chao	shannon
诺如病毒组	95	406.07±69.23	238.67±45.19
对照组	10	392.14±63.85	249.91±48.02
t		0.609	0.744
P		0.544	0.459

2.4 物种相对丰度比较

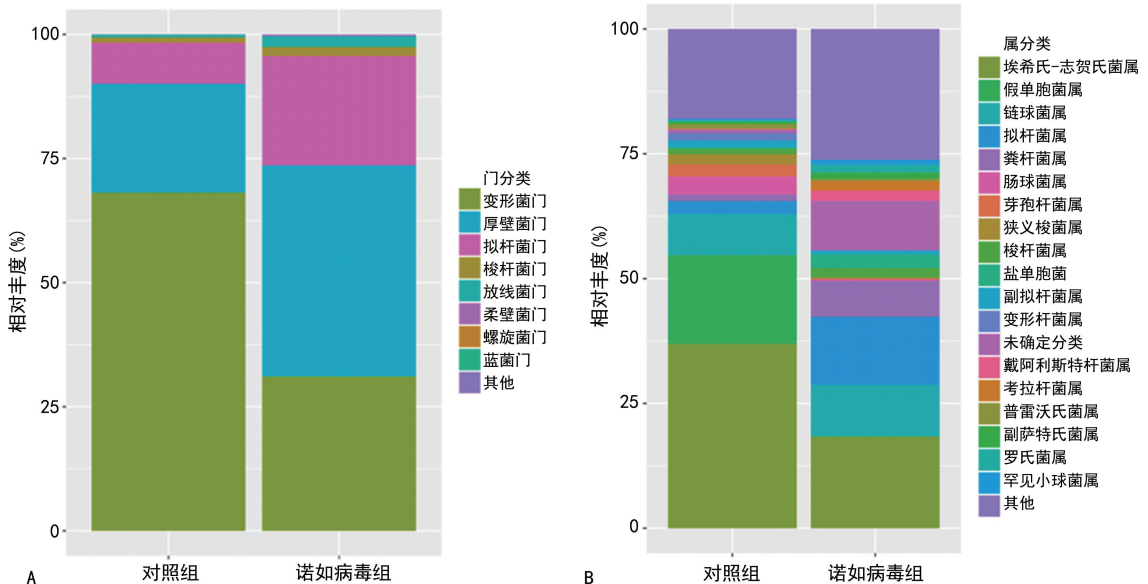


图 1 两组门属分类水平的相对丰度柱状图

不同年龄、发病季节患者 GI 型检出率、GI/GII 混合型检出率比较差异无统计学意义 ($P > 0.05$), <5 岁患者 GII 型检出率明显高于其他年龄段患者 ($P < 0.05$), 冬季、春季发病患者 GII 型检出率明显高于夏季、秋季发病患者 ($P < 0.05$), 见表 2。

2.3 肠道菌群 Alpha 多样性指数比较

诺如病毒组与对照组 Alpha 多样性指数 chao、shannon 比较差异无统计学意义 ($P > 0.05$), 见表 3。

诺如病毒组拟杆菌门及厚壁菌门的相对丰度明显高于对照组 ($P < 0.05$), 变形菌门的相对丰度明显低于对照组 ($P < 0.05$); 两组链球菌属的相对丰度比较差异无统计学意义 ($P > 0.05$), 诺如病毒组假单胞菌属及埃希菌属的相对丰度明显低于对照组 ($P < 0.05$), 拟杆菌属的相对丰度明显高于对照组 ($P < 0.05$), 见表 4, 两组分类水平丰度柱状图见图 1。

表 4 两组物种相对丰度比较($\bar{x} \pm s, \%$)

组别	n	拟杆菌门	变形菌门	厚壁菌门	假单胞菌属	链球菌属	拟杆菌属	埃希菌属
诺如病毒组	95	20.19±5.14	23.79±5.07	42.08±7.92	2.67±0.58	13.05±2.49	27.13±5.16	2.59±0.54
对照组	10	12.76±2.35	63.18±10.42	19.97±3.84	13.17±2.69	12.86±2.35	3.38±6.57	3.48±0.62
t		4.507	20.642	8.693	32.588	0.231	13.484	4.890
P		<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	0.818	<0.001	<0.001

3 讨 论

以往尚无关于衢州地区食源性疾病诺如病毒感染检测分析的报道,本研究针对该地区诺如病毒感染情况进行了创新性分析,以期为该地区诺如病毒感染的防治提供参考。本研究中,衢州地区食源性疾病诺如病毒感染检出率 19.15%,与江油市检出率 17.61%^[12]接近。但也有研究表明,食源性疾病患者中诺如病毒感染仅占 6.03%^[13],与本研究结果差异较大,提示诺如病毒感染检出率存在一定的地区差异,可能与不同地区的气候、居民饮食结构与习惯不同有关。衢州属亚热带季风气候区,四季分明,冬季时间较长,而诺如病毒喜潮湿及低温环境,因此检出率相对较高。本研究发现,诺如病毒感染患者中 85.26%为 G II 型。可能由于 G II 型为世界范围内最常见的病毒株,包含多种基因型,与其他基因型相比毒株变异更快,所以传播更广泛^[14]。进一步比较发现,<5 岁患者、春冬季发病患者的诺如病毒检出率、G II 型检出率明显更高,主要由于<5 岁群体免疫功能未发育完善,机体抵抗力差,同时由于认知不完善,容易出现异食行为;关于季节性的不同,可能因为诺如病毒适合于潮湿、低温环境生存,冬季与春季符合该环境特征,病毒复制活跃,具有更强的感染能力^[15-16]。在进行诺如病毒污染食品安全监测工作及居民健康宣教时,应该依据病毒传播规律,将<5 岁群体监护人作为重点健康知识宣教对象,并指导居民、托幼机构与学校等在春冬季注意开窗通风,做好消毒工作。

肠道菌群构成与人类经协同进化之后形成了互相依赖的关系,该类关系受多种因素影响,包括遗传、饮食及外界环境等,最终通过影响代谢方式影响人体各种生理功能的发挥^[17-18]。该类稳态对机体抵抗肠道病原菌诱发的感染性疾病非常重要^[19]。以往研究指出,肠道菌群变化对肠道病毒的感染风险有着明显且多样的影响^[20]。本研究显示,两组 Alpha 多样性指数 chao、shannon 比较差异无统计学意义,与林璧慧等^[21]研究结果基本相符,提示诺如病毒感染对肠道菌群 Alpha 多样性影响不大。分析原因为肠道菌群对这种病毒感染具有一定程度的特异性响应,导致菌群整体丰度未产生明显变化,但是个别物种丰度呈现较大变化。本研究创新地比较了两组的物种相对丰度,

发现诺如病毒组拟杆菌门及厚壁菌门相对丰度明显升高,变形菌门相对丰度明显降低,考虑与诺如病毒感染直接导致肠道菌群改变、发生肠道免疫反应等密切相关^[22-24]。拟杆菌门及厚壁菌门属于人体肠道内部优势菌门,后者具有较强的抵抗脱水等各种极端环境的能力,诺如病毒感染诱发腹泻及呕吐症状,非常容易造成脱水,肠道厚壁菌门异常增多即为抵抗特殊环境的主要表现。本研究中,相较于对照组,诺如病毒组假单胞菌属及埃希菌属相对丰度明显降低,拟杆菌属相对丰度明显升高,提示诺如病毒感染使人类肠道中最常见菌群失调,导致肠道功能障碍。假单胞菌属及埃希菌属增多可能与诺如病毒感染引起肠道炎症有关。拟杆菌属是人体革兰氏阴性厌氧杆菌,其相对丰度升高提示机体抵抗力变弱^[25-26],容易发生诺如病毒感染。

综上所述,衢州地区食源性疾病患者的诺如病毒感染常见为 G II 型,<5 岁婴幼儿为其高发群体,春冬季为易感季节,其感染与肠道菌群变化可能存在密切关系,临床可根据肠道菌群检测结果早期干预诺如病毒感染,及时调整患者的日常生活与饮食习惯。

利益冲突:所有作者声明不存在利益冲突

参考文献

- [1] 郑美惠,赖天兵,贾华云,等. 湖南省 2017—2021 年食源性疾病主动监测病原学及流行特征分析[J]. 现代预防医学,2023,50(7):1327-1332.
- [2] DEB S, MONDAL R, LAHIRI D, et al. Norovirus-associated neurological manifestations: summarizing the evidence [J]. J Neurovirol, 2023,29(4):492-506.
- [3] RIMKUTE I, CHAIMONGKOL N, WOODS K D, et al. A non-human primate model for human norovirus infection [J]. Nat Microbiol, 2024,9(3):776-786.
- [4] RAYMOND P, PAUL S, PERRON A, et al. No-rovirus extraction from frozen raspberries using magnetic silica beads [J]. Food Environ Virol, 2021,13(2):248-258.
- [5] YANG M, ZHAO F, TONG L, et al. Contami-

- nation, bioaccumulation mechanism, detection, and control of human Norovirus in bivalve shellfish: a review[J]. *Crit Rev Food Sci Nutr*, 2022, 62(32): 8972-8985.
- [6] KAMBHAMPATI A K, CALDERWOOD L, WI-KSWO M E, et al. Spatiotemporal trends in Norovirus outbreaks in the United States, 2009-2019[J]. *Clin Infect Dis*, 2023, 76(4): 667-673.
- [7] DEGIUSEPPE J I, ROITMAN K L, RIVERO K A, et al. Norovirus passive surveillance as an alternative strategy for genetic diversity assessment in developing countries[J]. *J Infect Public Health*, 2021, 14(8): 990-993.
- [8] GE Y, BILLINGS W Z, OPEKUN A, et al. Effect of Norovirus inoculum dose on virus kinetics, shedding, and symptoms[J]. *Emerg Infect Dis*, 2023, 29(7): 1349-1356.
- [9] CALDERWOOD L E, WIKSWO M E, MATTISON C P, et al. Norovirus outbreaks in long-term care facilities in the United States, 2009-2018: a decade of surveillance[J]. *Clin Infect Dis*, 2022, 74(1): 113-119.
- [10] GRAU K R, ZHU S, PETERSON S T, et al. The intestinal regionalization of acute Norovirus infection is regulated by the microbiota via bile acid-mediated priming of type III interferon[J]. *Nat Microbiol*, 2020, 5(1): 84-92.
- [11] KÕIVUMÄGI K, GELLER J, TOOMPERE K, et al. Norovirus strains among children aged 0-18 years hospitalized with acute gastroenteritis in Estonia 2015-2016[J]. *J Med Virol*, 2022, 94(6): 2632-2639.
- [12] 钱亚利, 张艳, 杜雨珂. 2020-2021 年江油市某三级医院食源性诺如病毒感染流行病学特征分析[J]. *实用预防医学*, 2023, 30(12): 1495-1498.
- [13] 范萍, 王珥梅, 陈宝林, 等. 2016-2020 年常州市哨点医院食源性疾病监测结果分析[J]. *公共卫生与预防医学*, 2023, 34(4): 101-105.
- [14] 张海龙, 孟君, 朱曦, 等. 2019-2021 年深圳地区诺如病毒暴发分子流行特征[J]. *国际病毒学杂志*, 2023, 30(1): 10-15.
- [15] 顾秀丽, 张晓飞, 刘颖, 等. 2021 年至 2022 年单中心急性胃肠炎患儿诺如病毒感染流行情况分析[J]. *国际儿科学杂志*, 2024, 51(3): 193-197.
- [16] 顾文超, 唐海丰, 吴婷婷, 等. 上海市普陀区食源性疾病病例检出的诺如病毒的分子流行病学分析[J]. *现代预防医学*, 2022, 49(1): 41-46, 87.
- [17] 赵成燕, 周欣怡, 高冉冉, 等. 乙型肝炎病毒感染性疾病患者肠道菌群结构和多样性分析[J]. *肝脏*, 2023, 28(11): 1339-1345, 1368.
- [18] 卢耀鸣, 郭达, 卢晓敏, 等. 中国广东地区膝关节炎患者与健康人群肠道菌群差异性分析[J]. *中国骨质疏松杂志*, 2020, 26(11): 1679-1684.
- [19] 黎卓华, 李文丹, 范宏英. 两种儿童常见腹泻病毒感染的肠道菌群特征研究[J]. *现代消化及介入诊疗*, 2024, 29(5): 528-533.
- [20] 路钰夏, 杨辉, 王向辉, 等. 病毒感染性腹泻对儿童人群肠道菌群及 IL-6、TNF- α 、hs-CRP、IFN- γ 水平的影响[J]. *中国实验诊断学*, 2022, 26(6): 842-846.
- [21] 林璧慧, 戴迎春, 朱翠娟, 等. 儿童诺如病毒急性胃肠炎肠道菌群特征分析[J]. *中国病原生物学杂志*, 2023, 18(5): 519-524.
- [22] SEKIYA S, MASUOKA H, MIZUNO Y, et al. Asymptomatic enteric virus infections and association with the gut microbiome in rural residents of Northern Laos[J]. *Am J Trop Med Hyg*, 2024, 110(4): 759-767.
- [23] 王保东, 刘伦光, 吴朝学, 等. 绵阳市某中学一起诺如病毒感染引起的急性肠胃炎暴发疫情调查[J]. *预防医学情报杂志*, 2022, 38(6): 814-818.
- [24] 陈晓彬, 陈少雄, 李登峰, 等. 广东省潮州市 2022 年某中学 1 起札如病毒感染暴发疫情调查[J]. *中国热带医学*, 2024, 24(5): 603-607.
- [25] 赵红玉, 陈如枫, 郑冬雪, 等. 加味半夏泻心汤对多囊卵巢综合征合并胰岛素抵抗模型大鼠肠道菌群及炎症因子的影响[J]. *中医杂志*, 2022, 63(21): 2072-2080.
- [26] 古文鹏, 吕迪, 周晓芳, 等. 感染性腹泻患者肠道菌群失衡特征分析[J]. *中国人兽共患病学报*, 2024, 40(5): 408-414.

(收稿日期: 2025-08-28 修回日期: 2025-10-28)

(编辑: 成卓)