中国农业大学学报 2026,31(11):229-242
Journal of China Agricultural University http://zgnydxxb.ijournals.cn

辜银萍,刘宇昕,王海杰,张琬玓,马文阁,于越洋,左学智,戴海越,吴文学. 北方地区犊牛腹泻相关病原监测和流行病学分析[J]. 中国农业大学学报,2026,31(11):229-242.
GU Yinping, LIU Yuxin, WANG Haijie, ZHANG Wandi, MA Wenge, YU Yueyang, ZUO Xuezhi, DAI Haiyue, WU Wenxue. Surveillance and epidemiological analysis of pathogens associated with calf diarrhea in northern regions[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2026, 31(11): 229-242.
DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2026.11.17

北方地区犊牛腹泻相关病原监测和流行病学分析

辜银萍[1] 刘宇昕[1] 王海杰[1] 张琬玓[1] 马文阁[1] 于越洋[1]
左学智[1] 戴海越[2*] 吴文学[1*]
(1. 中国农业大学 动物医学院,北京 100193;
2. 佳木斯大学 生物与农业学院,黑龙江 佳木斯 154007)

摘 要 为了解北方地区规模化养殖场中犊牛腹泻主要病原的流行特征,于2019—2024年采集北方地区规模化养殖场腹泻犊牛病料样本1 623份,采用实时荧光定量PCR(Quantitative real-time PCR,qPCR)检测牛腹泻病原的核酸阳性率,采用酶联免疫吸附试验法(Enzyme linked immunosorbent assay, ELISA)检测牛病毒性腹泻病毒(Bovine viral diarrhea virus, BVDV)抗体阳性率,系统分析了不同地区、不同季节的病原感染差异。结果表明:1)犊牛腹泻病毒性病原以牛诺如病毒(Bovine norovirus, BNoV)阳性率最高(41.10%),牛环曲病毒(Bovine torovirus, BToV)次之(20.55%);细菌性病原以大肠杆菌(*Escherichia coli*)检出率最高(36.25%),副结核分枝杆菌(*Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis*)次之(23.64%)。2)不同病原呈现明显地域分布特征,其中牛星状病毒(Bovine astrovirus, BAstV)、牛冠状病毒Bovine coronavirus, BCoV)、牛轮状病毒Bovine rotavirus, BRoV)和BToV在河北阳性率最高,分别为11.36%、19.32%、19.32%和52.00%;BVDV在北京阳性率最高(31.55%);*E. coli*、产气荚膜梭菌(*Clostridium perfringens*)、*MAP*和BNoV则在天津检出率最高。3)BAstV、BCoV和BRoV主要流行于秋冬季,而BVDV则在春夏季检出率较高。4)病原混合感染现象普遍存在,其中单一病毒感染占57.87%,多重感染以二重感染为主,占24.16%。5)BVDV血清学调查显示,北方地区抗体阳性率达85.26%。综上,北方地区规模化养殖场犊牛腹泻呈现多病原共流行和混合感染普遍存在的流行特征,不同病原具有明显的地域和季节分布规律。本研究更新了相关病原的流行病学资料,为犊牛腹泻的精准监测和综合防控提供了参考依据。

关键词 犊牛腹泻;病毒性病原;细菌性病原;混合感染;流行病学调查
中图分类号 S858.28 **文章编号** 1007-4333(2026)11-0229-14 **文献标志码** A

Surveillance and epidemiological analysis of pathogens associated with calf diarrhea in northern regions

GU Yinping[1], LIU Yuxin[1], WANG Haijie[1], ZHANG Wandi[1], MA Wenge[1],
YU Yueyang[1], ZUO Xuezhi[1], DAI Haiyue[2*], WU Wenxue[1*]
(1. College of Veterinary Medicine , China Agricultural University, Beijing 100193, China;
2. College of Biology and Agriculture, Jiamusi University, Jiamusi 154007, China)

Abstract To characterize the epidemiological profiles of major pathogens associated with calf diarrhea in northern China, 1 623 clinical samples were collected from diarrheic dairy calves on large-scale dairy farms between 2019 and 2024. Real-time quantitative PCR (qPCR) was used to determine the prevalence of major enteric pathogens,

收稿日期:2026-04-15;接受日期:2026-06-20
基金项目:"十四五"国家重点研发计划(2022YFD1800700);财政部和农业农村部:国家现代农业产业技术体系建设专项资金(CARS-35);中国博士后科学基金面上项目(2024M753562)
第一作者:辜银萍(ORCID:0009-0001-8259-6105),博士研究生,E-mail:gyp13427568927@163.com
通讯作者:戴海越(ORCID:0000-0001-7019-446X),讲师,主要从事奶牛疾病诊断与防治技术研究,E-mail:HaiyueDai@163.com
吴文学(ORCID:0000-0003-2449-751X),研究员,主要从事牛羊传染病新型诊断技术和疫苗研发研究,E-mail:wuwenxue@cau.edu.cn

and enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) was employed to detect antibodies against bovine viral diarrhea virus (BVDV). Spatial and seasonal variations in pathogen distribution were systematically analyzed. The results showed that: 1) Among viral pathogens, bovine norovirus (BNoV) showed the highest prevalence (41.10%), followed by bovine torovirus (BToV) (20.55%). Among bacterial pathogens, *Escherichia coli* was most frequently detected (36.25%), followed by *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (23.64%). 2) Spatially, Distinct geographic distribution patterns were observed across pathogens. The highest prevalence rates of bovine astrovirus (BAstV), bovine coronavirus (BCoV), bovine rotavirus (BRoV), and BToV were recorded in Hebei Province (11.36%, 19.32%, 19.32%, and 52.00%, respectively). BVDV exhibited the highest prevalence in Beijing (31.55%), whereas *E. coli*, *Clostridium perfringens* (*C. perfringens*), *MAP*, and BNoV were most prevalent in Tianjin. 3) In terms of time, BAstV, BCoV, and BRoV infections occurred predominantly in autumn and winter, while BVDV was more frequently detected in spring and summer. 4) Mixed infections were common among diarrheic dairy calves. Single-virus infections accounted for 57.87% of virus-positive cases; among co-infections, dual infections represented the predominant form. 5) Serological survey of BVDV indicated that the antibody positivity rate of BVDV was 85.26% in northern China. In conclusion, calf diarrhea on large-scale dairy farms in northern China is characterized by the co-circulation of multiple enteric pathogens and frequent co-infections, with pronounced geographic and seasonal variation in pathogen prevalence. These findings provide updated epidemiological evidence on major calf diarrhea-associated pathogens and support targeted surveillance and integrated disease control strategies.

Keywords calf diarrhea; viral pathogens; bacterial pathogens; mixed infection; epidemiological investigation

犊牛腹泻对全球养牛业来说仍是一个重要挑战，导致犊牛生长缓慢以及发病率和死亡率上升，造成重大经济损失[1]。该病病因复杂，与病原感染、饲养环境、营养供给以及生理应激等因素密切相关。引起犊牛腹泻的病原微生物主要包括牛星状病毒（Bovine astrovirus，BAstV）、牛病毒性腹泻病毒（Bovine viral diarrhea virus，BVDV）、牛冠状病毒（Bovine coronavirus，BCoV）、牛轮状病毒（Bovine rotavirus，BRoV）、牛环曲病毒（Bovine torovirus，BToV）、牛诺如病毒（Bovine norovirus，BNoV）、牛纽布病毒（Bovine nebovirus，BNeV）、大肠杆菌（*Escherichia coli*）、沙门菌（*Salmonella*）、产气荚膜梭菌（*Clostridium perfringens*）以及副结核分枝杆菌（*Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis*）[2-4]。一项对2022年前中国奶牛犊牛腹泻开展的荟萃分析表明，中国奶牛犊牛腹泻总体患病率为27.2%，其中东北、西北地区最为高发，患病率分别为27.5%和25.2%，且细菌性致病最为常见[5]。多项研究显示，我国BCoV的患病率为18%～30.8%，BRoV为35.7%～46%，BNoV为2%～25%[6-8]。Zhu等[9]通过病毒宏基因组测序结合细菌16S测序从东北58个养殖场1 120份粪便样品中识别出191种牛腹泻相关病毒，其中BAstV为10.4%、BVDV 3.2%、BCoV 12.2%、BRV 8.8%、BToV 5.0%、BNeV 6.9%、BNoV 4.7%，且细菌性病原也在腹泻样品中富集，混合感染较为普遍。上述报道表明，BAstV、BVDV、BCoV、BRV、BToV、BNoV、BNeV和*E. coli*、*Salmonella*、*C. perfringens*及*MAP*在我国犊牛中普遍流行，且常呈混合感染。但是，目前关于这11种犊牛腹泻病原的监测数据仍较为有限，现有研究多集中于单个省份，北方地区系统性流行病学调查尚显不足。

值得一提的是，这些病原体引起的犊牛腹泻临床症状常常难以区分，且混合感染进一步加剧诊断的复杂性。传统诊断方法（如病原体分离）难以实现快速、准确的鉴定，因此往往需借助特异性抗原检测进行鉴别诊断。多重实时荧光定量PCR（Quantitative real-time PCR，qPCR）借助不同的荧光探针同时识别多个病原靶标，能快速甄别混合感染情况，比单一检测更贴合临床需求，尤其适用于流行病学调查中大批量样本的筛查工作。此外，多重qPCR具有灵敏度高、特异性强等特点，已被广泛应用于多种病原检测及规模化监测[10]。本研究团队成功建立了腹泻相关病毒和细菌的多重qPCR检测方法，为疫情预警和有效防控提供了关键技术支持[11-13]。对于多数病原体而言，采用酶联免疫吸附试验（Enzyme linked immunosorbent assay，ELISA）

检测动物体内抗体，可判断动物近期或既往是否接触过该病原体。因此血清抗体阳性率能够判断牛群近期或当前是否存在病原体暴露情况。该方法操作简单，成本可控，已被广泛应用于牛群传染病筛查，BVDV的监测便是典型案例[14]。

本研究从区域分布、季节动态与感染模式多维度解析11种犊牛腹泻相关病原的流行特征，整合核酸检测与BVDV血清抗体联合分析，旨在了解北方地区犊牛腹泻相关病原的流行现状，弥补北方地区多病原联合监测的不足，为犊牛腹泻的精准诊断、综合防控提供参考数据。

1　材料与方法

1.1　样品基本信息

2019年5月—2024年7月，从北京、天津、河北、山西、黑龙江、吉林、宁夏、内蒙古和新疆收集了1 623份样品，包括血样1 002份、粪样535份、鼻拭子49份以及其他样品（胃内容物10份、脾研磨液10份和口腔黏液17份）37份，所有样品经干冰运输，于－80 ℃保存，以保持样本完整性。

所有用于qPCR检测抗原核酸的1 216份样品均采自自然感染腹泻犊牛，患病犊牛多表现为水样腹泻、脱水、食欲不振和精神沉郁。用于BVDV抗体检测的407份血样均来自未采食初乳、未进行疫苗免疫的犊牛。

1.2　主要试剂

病毒DNA/RNA提取试剂盒，购自江苏康为世纪生物科技股份有限公司；细菌基因组DNA提取试剂盒，购自北京天根生化科技有限公司；HiScript II U^{+} One Step qRT-PCR Probe试剂盒，购自南京诺唯赞生物科技股份有限公司；牛病毒性腹泻病毒抗体检测试剂盒，购自北京爱德士生物科技有限公司。BAstV、BVDV、BCoV、BRoV、BToV、BNoV、BNeV、*E. coli*、*Salmonella*、*C. perfringens* 和 *MAP* 阳性样品均由中国农业大学动物医学院动物疫病快速诊断实验室鉴定保存。

1.3　引物探针的设计与合成

BAstV、BVDV、BCoV、BRoV、BToV、BNoV、BNeV、*E. coli*、*Salmonella*、*C. perfringens* 和 *MAP* 引物设计参照孙佳琪等[11]、刘梦瑶等[12]、王馨钰[13]，委托生工生物工程（上海）股份有限公司合成。引物探针序列见表1。

表1　引物及探针序列

Table 1　Primer and probe sequence

基因 Gene	引物名称 Primer name	引物序列（5′→3′） Primer sequence（5′→3′）	产物大小/bp Product length
ORF1	BAstV-F	ACGTTCGTCCTCGATGT	113
	BAstV-R	TTCTCAGAYCTGTCRTGCA	
	BAstV-P	FAM-GGCCTCCACAAAGCG-MGB	
5′UTR	BVDV-F	CAGGGTAGTCGTCAGTGGTTCG	141
	BVDV-R	GGCTGTATTCGTAGCGGTTGGT	
	BVDV-P	HEX-CCACGTGGACGAGGG-MGB	
N	BCoV-F	TTGACGGTGTCTTCTGGG	115
	BCoV-R	GTGCCAGGCGGAAACCTA	
	BCoV-P	TexasRed-CCCAAGTAGCGATGAGG-MGB	
VP6	BRoV-F	GTGACATCTGTTAGACAAGAATACG	121
	BRoV-R	ATACACGCTGCAAGTTATCCTC	
	BRoV-P	CY5-CGATACCAGTTGGACCAGT-MGB	
RdRp	BNoV-F	ATGARGTTCAGAAGAAGCG	127
	BNoV-R	CCGATCTTGATGGGGAGCT	
	BNoV-P	FAM-CCATGGCGGCCCTGATCACA-MGB	
M	BToV-F	TATATGGCGCGGTTTGGAG	104
	BToV-R	AGGCCCAATARCCWGTAAAG	

表1（续）

基因 Gene	引物名称 Primer name	引物序列（5′→3′） Primer sequence（5′→3′）	产物大小/bp Product length
	BToV-P	VIC-ATWGCCTATTGGTGGCTTCCCAGT ATG-MGB	
RdRp	BNeV-F	GCGCTCTGCTKGACCTAAC	152
	BNeV-R	CGCGGGCTTCTTCTAGAGA	
	BNeV-P	ROX-CCTCGGCGTTCCGTGTGGGACCA-MGB	
irp2	*E. coli*-F	GCGGAAGGCTATTTCAACGAT	114
	E. coli-R	GATTGTGCCATCTGGCCAGTA	
	E. coli-P	FAM-CCTGCGTAGCGAGCA-MGB	
fimy	*Salmonella*-F	GGAAAGACACCGCCGTTTAA	120
	Salmonella-R	ACCGGCAAGGCATAATTGAG	
	Salmonella-P	VIC-CAGATATTTGATCGCCTTGAG-MGB	
PLC	*C. perfringens*-F	ACTCCATATCATCCTGCTAATGTTACTG	115
	C. perfringens-R	TTTTGCAACCTGCTGTGTTTATTT	
	C. perfringens-P	CY5-TTGATAGCGCAGGACAT-MGB	
ISMav2	*MAP*-F	GAGGTGCTCTTTGATGCGATCT	113
	MAP-R	ACGGCCGCTAAGGAACTCA	
	MAP-P	TexasRed-CCGGCAAAATCGA-MGB	

1.4 样品处理

粪便样品：将粪便样品用PBS进行3倍稀释，反复冻融3次，4℃，10 000 g，离心10 min，取上清用作病原核酸提取。

血液样品及脾研磨液：反复冻融3次后4℃，10 000 g，离心10 min，取上清用作病原核酸提取。

鼻拭子等分泌物：4℃，10 000 g，离心10 min，取上清用作病原核酸提取。病原核酸提取按照试剂盒说明书操作，核酸样品冻存于－80 ℃。

1.5 qPCR检测抗原核酸

根据实验室建立的腹泻病原单重/多重实时荧光定量检测方法，qPCR反应体系20 μL：模板2 μL、2×One Step U$^+$ Mix 10 μL、One Step U$^+$ Enzyme-Mix 1 μL、对应上下游引物各0.4 μL、探针0.2 μL、RNase-free ddH_2O补足至20 μL。经优化后qPCR扩增条件：55 ℃反转录5 min；95 ℃预变性5 min；95℃变性30 s，退火30 s，72℃延伸10 s，共40个循环；37 ℃条件下冷却。所有反应均做3个重复。

1.6 ELISA检测BVDV抗体

将采集到的407份犊牛血清按照牛病毒性腹泻病毒抗体检测试剂盒说明书的操作步骤和判定方法进行检测和结果判定。所有反应均做3个重复。

1.7 统计与分析

试验数据采用Origin 2024软件进行绘图统计分析，使用SPSS 26.0软件中的卡方检验分析不同地区腹泻主要病原差异情况。

为探究季节与腹泻病原检出情况之间的潜在关联，采用多重对应分析（Multiple correspondence analysis，MCA）对分类变量进行了降维与可视化分析。MCA通过基于卡方距离的算法，将变量类别间的关系投射到二维空间，以图中点间的距离直观反映变量之间的关联强度，适用于多个分类变量的关联模式探索，且不要求数据满足正态分布假设。本研究纳入的季节和病原检出状态均为分类变量，符合MCA的适用条件。$P<0.05$表示差异显著；$P<0.01$表示差异极显著。

2 结果与分析

2.1 犊牛腹泻病原体检出情况

通过qPCR方法对1 216份临床样本进行病原检测，受样本质量和检测条件限制，各病原检测数量不完全一致。如表2所示，病毒性病原中，BNoV为优势病毒（41.10%），其次为BToV（20.55%）、BVDV（12.12%），其余病毒检出率均低于10%。

表 2　犊牛腹泻病原阳性检出情况

Table 2　Detection results of pathogen in diarrheal calves

病原 Pathogen	样本数/份 Total samples	阳性数/份 Positive count	核酸阳性率/% Nucleic acid positive rate
BAstV	892	26	2.91
BCoV	892	73	8.18
BRoV	892	61	6.84
BVDV	1 205	146	12.12
BNoV	73	30	41.10
BToV	73	15	20.55
BNeV	25	0	0.00
E. coli	80	29	36.25
Salmonella	80	3	3.75
C. perfringens	80	14	17.50
MAP	55	13	23.64
总计 Total	1 216	178	14.64

腹泻相关细菌中，*E. coli* 为主要致病菌（36.25%），*MAP*（23.64%）和 *C. perfringens*（17.50%）次之，*Salmonella* 仅 3.75%。此结果表明，在本次调研的犊牛腹泻病例中，病毒性病原以 BNoV 为主，细菌性病原中则以 *E. coli* 为首要致病菌，且不同病原的检出率差异较大。

2.2　犊牛腹泻病原混合感染情况

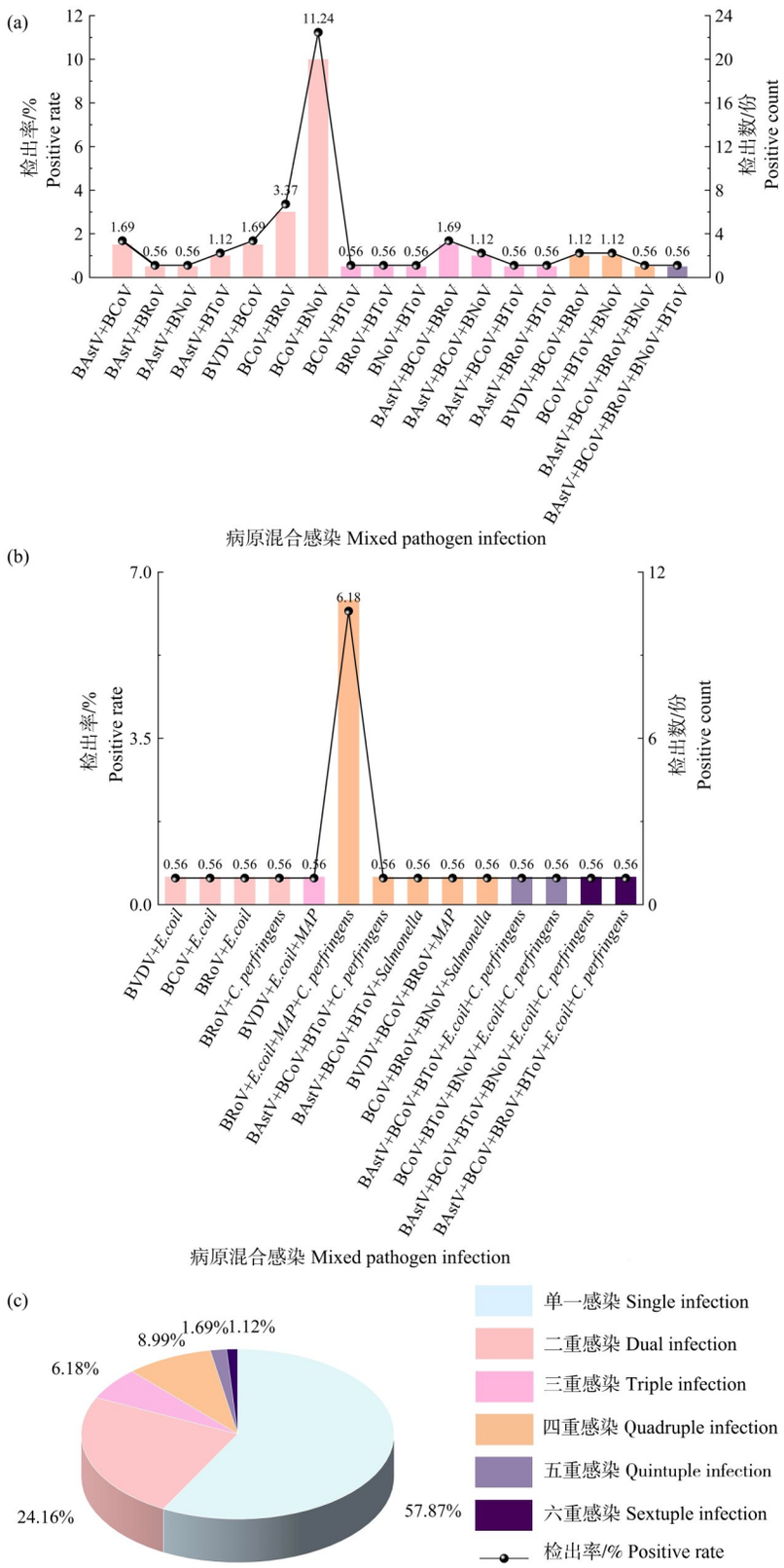
在进行腹泻病原多重 qPCR 检测的 178 份阳性样本中 11 种病原混合感染检测结果见图 1。如图 1 所示，单种病毒感染情况最为常见，感染率为 57.87%（103/178），二重感染次之，为 24.16%（43/178），三重、四重、五重、六重感染占比分别为 6.74%（11/178）、8.99%（16/178）、1.69%（3/178）和 1.12%（2/178）。在二重感染中，最常见的是 BCoV 和 BNoV 混合感染，占比达 46.51%（20/43）；其次是 BCoV 和 BRoV 混合感染，为 13.95%（6/20）。三重感染中，BAstV＋BCoV＋BRoV 检出率较高，为 27.27%（3/11）；BAstV＋BCoV＋BNoV 和 BVDV＋BCoV＋BRoV 检出率均为 18.18%（2/11）。四重感染中，BRoV＋*E. coli*＋*MAP*＋*C. perfringens* 检出率最高，为 68.75%（11/16），其余均仅有一例。五重感染和六重感染出现的频率较低，组合仅 2～3 种。此结果表明我国北方地区犊牛腹泻相关病原呈现复杂的混合感染模式。

2.3　不同季节犊牛腹泻病原感染情况

为探究腹泻病原的季节性分布特征，本研究以春夏秋冬均有检测的 BAstV、BVDV、BCoV、BRoV 为例分析不同季节犊牛腹泻主要病原的感染情况。如图 2 所示，各季节优势病原体及其检出率分别为：春季、夏季为 BVDV，分别为 18.70%（75/401）和 21.18%（54/255），秋季 BRoV 18.72%（35/187），冬季 BCoV 18.55%（41/221）。MCA 分析结果见表 3，季节与不同病毒检出类型之间存在显著关联（$\chi^2(9)=73\,658.38$，$P<0.01$）。由图 3 可知，各病毒与季节之间存在明显的聚集性关系：BAstV 和 BCoV 主要聚集于第四象限，与冬季距离较近，提示在冬季检出率较高；BVDV 位于第三象限，与春季和夏季距离相近，提示在春季和夏季中检出率较高；BCoV 位于第四象限，与冬季距离相近，表明在冬季检出率较高。结果表明，犊牛腹泻相关病原（BAstV、BVDV、BCoV、BRoV）的感染与流行具有极显著（$P<0.01$）的季节性分布特征，不同病原体在特定季节呈现出明显的优势聚集规律。

2.4　不同地区犊牛腹泻病原感染情况

不同腹泻病原在不同地区阳性率不同，如图 4 所示，BAstV、BCoV、BRoV 和 BToV 在河北阳性率最高，分别为 11.36%（10/88）、19.32%（17/88）、19.32%（17/88）和 52.00%（13/25）。BVDV 在北



（a）病毒性病原混合感染情况；（b）病毒与细菌混合感染情况；（c）腹泻病原混合感染占比。

（a）Mixed infections of virus；（b）Mixed infections of virus and bacteria；（c）Proportion of diarrhea pathogens mixed infection.

图 1 犊牛腹泻病原混合感染阳性检出情况

Fig. 1 Positive detection of mixed pathogen infections in calf diarrhea

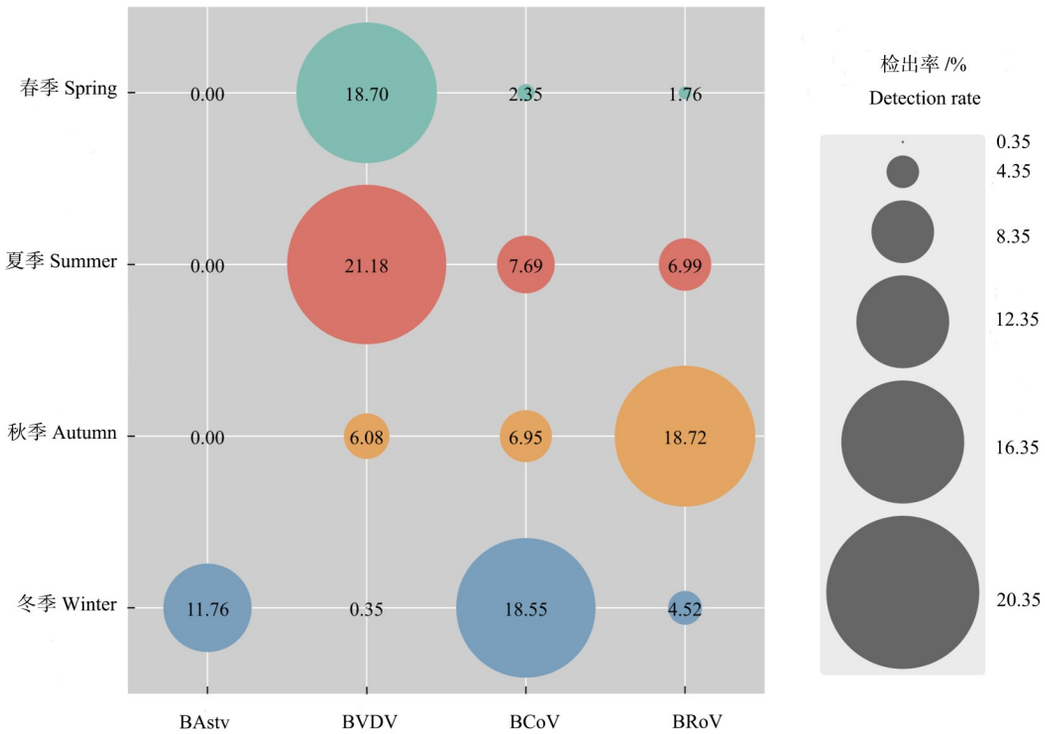


图 2　不同季节 4 种犊牛腹泻病毒检出情况

Fig. 2　Detection results of four calf diarrhea viruses in different seasons

表 3　不同季节各犊牛腹泻病毒阳性检出情况的 MCA 结果

Table 3　MCA results of positive detection of calf diarrhea viruses in different seasons

维度 Dimension	奇异值 Singular value	惯量 Inertness	惯量比例/% Proportion of inertia	累积惯量比/% Cumulative inertia ratio
1	13.196 7	174.152 9	72.35	72.35
2	8.145 5	66.348 8	27.56	99.91
3	0.460 5	0.212 0	0.09	100.00
总计 Total		240.713 7	100.00	

维度 Dimension	标准差 Standard deviation	卡方统计量 Chi-square statistics	显著性 Conspicuousness
1	13.196 7	73 658.382 4	<0.01
2	8.145 5		
3	0.460 5		
总计 Total			

京阳性率最高，为 31.55%（124/393）。*E. coli*、*C. perfringens*、*MAP* 和 BNoV 在天津检出率最高，分别为 100%（11/11）、100%（11/11）、100%（11/11）和 27.08%（13/25）。*Salmonella* 在河北检出率最高，为 10%（3/30）。值得注意的是，本研究天津地区样本量仅 11 份，样本规模有限，致使 *E. coli*、*C. perfringens* 及 *MAP* 检出率均为 100%，该结果存在一定抽样偶然性，无法完全代表天津地区整体流行水平，仅为本批次样本检测结果。

2.5　BVDV 血清学调查

采集的 407 份血清样品，检出 BVDV 抗体阳性 347 份，阳性率为 85.26%。该数值与本研究 BVDV 核酸阳性率存在明显差异。按省份划分，北京、山西阳性率最高，均为 100%（10/10，30/30）；吉林省阳性率最低，为 68.83%（53/77）；其余省份中，河北为 91.25%（219/240），黑龙江为 70%（35/50）。

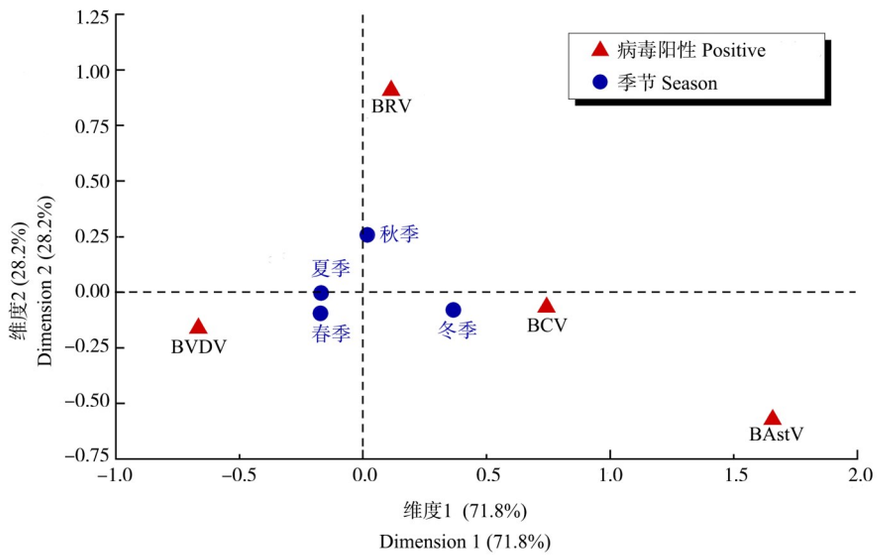


图 3 不同季节与 4 种犊牛腹泻病毒阳性检出情况的 MCA 双标图

Fig. 3 MCA double plot of positive detection between different seasons and four calf diarrhea viruses

3 讨 论

犊牛腹泻是养牛业面临的一项重大挑战，导致重大经济损失并影响动物的整体健康和生产性能。作为一种多因素疾病，犊牛腹泻通常是由病毒和细菌诱发的，病因复杂且相互交织。病原感染后，持续时间长、传播速度快、流行范围广，可能引发大规模暴发并加剧经济损失，因此进行流行病学调查、识别特定的传染源对有效的靶向治疗和防控至关重要。

犊牛腹泻虽可全年发生，但不同病原流行强度存在一定的季节性差异。本研究结果表明，不同病原检出率与季节之间存在显著相关性，提示季节因素可能在犊牛腹泻相关病原的传播流行中发挥重要作用。本研究中，BAstV 在冬季检出率高，可能与冬季寒冷、干燥的环境条件有关。北方地区冬季低温环境易诱发犊牛冷应激，导致机体免疫功能下降，从而增加病原感染风险。但目前关于 BAstV 季节分布规律的研究报道仍较少，尚需更多长期、大范围的流行病学监测数据加以验证。本研究还发现，BVDV 在春夏季的检出率显著高于秋冬季，该结果与赵苏苏等[15]、丁鼎等[16]报道一致。然而，一项针对我国肉牛“北繁南育”核心流通链的调查显示，BVDV 感染存在明显季节差异，冬季血清阳性率及感染风险显著高于春季[17]。上述差异提示，BVDV 的季节性流行特征存在地理异质性，这一现象可能与牛群种类、不同区域气候差异、检测技术及样本类型有关。此外，本研究中 BCoV 和 BRoV 在检出率、地方流行情况及季节分布方面具有相似规律，这与何艳飞等[18]的研究发现一致。已有研究显示，国内不同地区 BCoV 阳性率差异较大，为 1%～70%，可能与地理位置、监测样本量有关[19]。Hou 等[20]对 2023—2024 年河北省生长阶段奶牛群 BRoV 流行情况进行调查，结果显示各年龄组年平均阳性率为 4.29%。本研究中，BCoV 和 BRoV 检出率在秋冬寒冷季节达到较高水平，表明这 2 种病毒均具有较明显的季节性特征，与 Elkady[21]、Chen 等[22]研究一致。全球流行病学数据显示，BCoV 的流行率为 16%～57%，而 BRoV 为 1.4%～38.9%[23]。在我国，BCoV 的感染率为 30.6%，主要表现为“西高东低，寒区易感”的地域流行特点[24]。犊牛感染后不久便会向外界大量分泌病毒，持续排毒可达 2 周。北方地区冬季寒冷干燥，可显著延长病毒在环境中的存活时间，病毒可能在环境表面如地面、饲料槽、饮水器和喂奶瓶上持续数小时甚至数天，这可能会大大提高 BCoV 和 BRoV 的发病率。规模化奶牛养殖的快速推广，并未推动管理设备和防疫设施同步升级。奶牛场粪便污水处理压力与日俱增，这不仅拉低了生产环境的整体效能，更加剧了腹泻相关病原的传播风险。上述结果提示，在制定犊牛腹泻防控策略时，应充分考虑不同病原的季节性流行特征，实行分季节精细化防控：春夏季为 BVDV

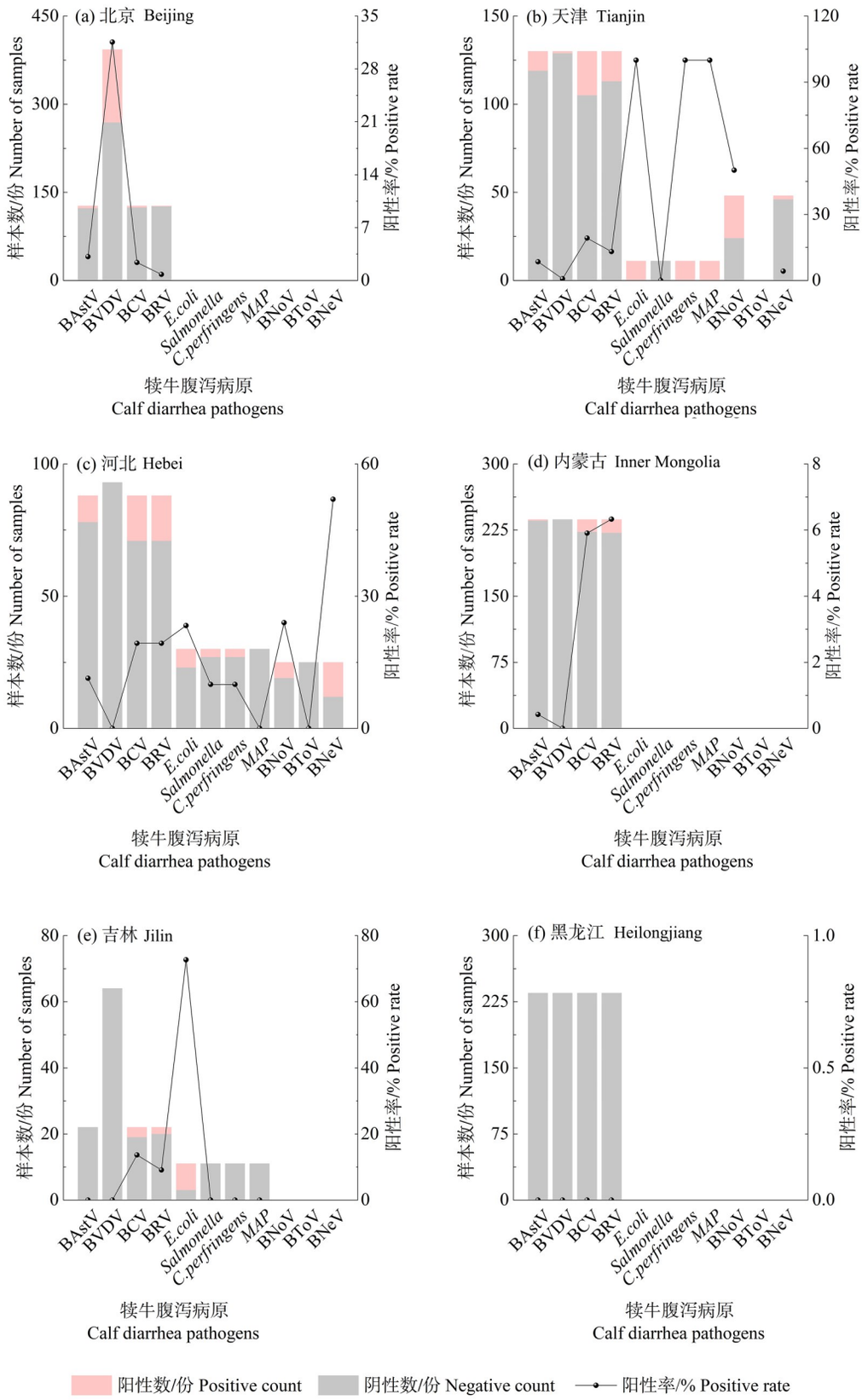


图 4　不同地区犊牛腹泻病原检出情况

Fig. 4　Detection results of calf diarrhoea pathogens in different regions

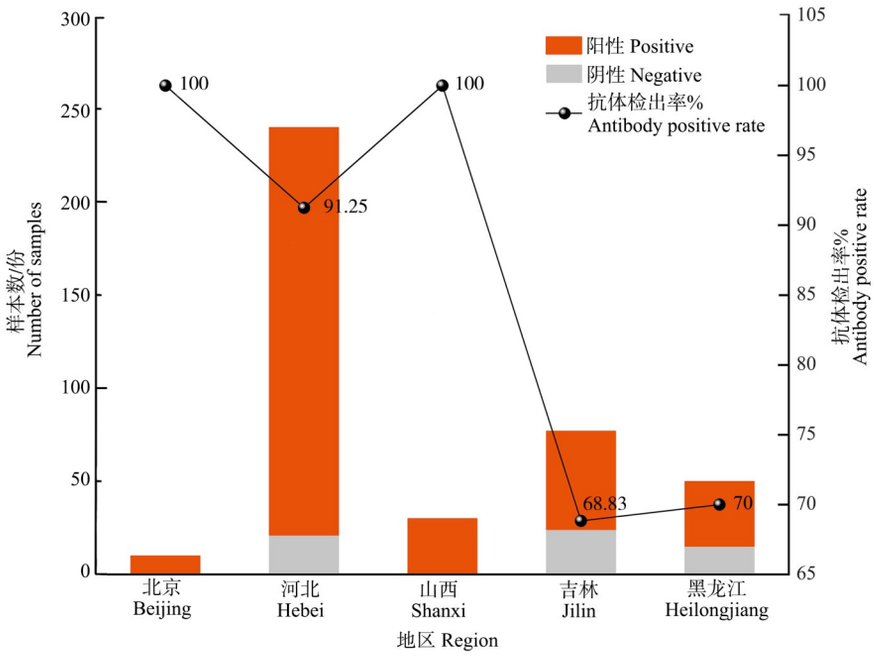


图 5 不同地区 BVDV 抗体检测

Fig. 5 BVDV antibody detection in different provinces

高发期，应加强犊牛引种检疫与 PI 牛筛查，适时开展群体免疫，减少内部隐性传染源扩散；秋冬季 BCoV 与 BRoV 集中流行，重点做好产房环境消杀、犊牛初乳饲喂管理，在高发期针对性补强免疫，严控病毒经消化道传播。此外，结合地域养殖条件，在各病原流行窗口期提前落实预防性管控，多举措并行减少犊牛腹泻。

多种病原体共感染在犊牛腹泻病例中非常常见，但目前关于混合感染机制及病原协同致病效应的研究尚不深入，存在明显空白。本研究中 42.13% 的阳性样本存在多种病原体的混合感染，这一比例低于宁夏的调查结果（67.3%），与甘肃的 48.14% 相当，提示混合感染在犊牛腹泻病原学中普遍存在[25-26]。一项全国范围内奶牛犊牛腹泻的流行病学荟萃分析表明，细菌是导致犊牛腹泻的主要病原，流行率为 39.2%[5]。本研究中 *E. coli*、*C. perfringens* 和 *MAP* 也表现出较高感染率。值得注意的是，本研究中以 BCoV 与 BNoV 的混合感染最为常见，其检出率略高于前人报道的 10.05%（20/199），但这一结果与近年来国内 BNoV 阳性率呈逐年上升的趋势基本吻合[27]。此外，本研究发现与全球趋势一致，BCoV 在各类混合感染中检出频次较高，提示该病毒在犊牛腹泻共感染体系中处于核心地位[28]。BCoV 与 BNoV 高发共感染现象，可能主要归因于二者传播途径高度一致，均以粪-口传播为主，且均能在外界环境中长期存活；同时，BCoV 感染后可在肠上皮细胞内大量复制，造成肠道细胞骨架形态异常，损伤肠道黏膜屏障，二者由此形成明显的协同致病作用，为 BNoV 侵袭机体创造有利条件[29]。而 BCoV 与 BRoV 均易感染幼龄犊牛，且二者流行窗口高度重合。此阶段犊牛自身免疫系统尚未发育成熟，对病毒入侵的抵御能力较为薄弱；与此同时，母源抗体水平随日龄增长而持续减退，难以再为其构建充分的免疫屏障。两种病毒共同侵染时，BRoV 对 TLR3-NF-κB 通路的强力激活诱导大量促炎因子释放，而 BCoV 借助 N 蛋白抑制 β 干扰素的产生，共同作用下形成失衡的先天免疫信号网络，可能引发过度的肠道病理损伤，同时削弱病毒清除效率，这可能是混合感染犊牛重度腹泻比例显著升高的免疫学基础[30]。已有研究证实，二者协同侵染下，犊牛重度腹泻的天数和发病占比均显著上升[31]。综上，BCoV 参与的混合感染主要由传播途径叠加与肠道屏障受损继发感染两大机制共同驱动，后续仍需借助动物共感染模型开展试验验证，进一步阐明相关致病机理。犊牛多病原混合感染现象频发，若仅针对单一病原进行治疗，其

他共存病原仍可持续致病，导致病程延长、治疗效果下降甚至治疗失败。因此，对混合感染谱系的早期识别与综合干预，是提高治愈率、降低死亡率的关键环节。犊牛腹泻的防控工作应重点依托饲养管理综合措施，具体包括保障初乳足量摄入、强化场区卫生管控、降低养殖密度，以及优化产犊饲养模式等。

BVDV具有传播快速、变异性高、宿主范围广泛的流行特征，本研究中北方地区核酸阳性率为12.53%，为BVDV的普遍感染提供了直接和明确的证据。既往研究亦表明，我国不同地区牛群中BVDV感染较为常见，牛的患病率为2%～44.7%[32]。本研究中，BVDV抗体阳性率为85.26%，各地区抗体阳性率为68.83%～100%，反映了牛群既往感染或暴露水平较高。随着动物及血清、胚胎、精液等动物产品进出口贸易的发展，畜牧业发达的国家已成为BVDV的重灾区。易感宿主范围的扩大也进一步促进了BVDV在全球的快速传播。亚洲各国牛群的BVDV血清阳性率在11.7%～66.8%不等，多个欧洲和非洲国家亦报道了高BVDV抗体阳性率（53.6%～87.1%），分析还表明BVDV血清流行率呈上升趋势[33]。BVDV可以通过抗体和抗原来检测，抗体阳性表明动物正处于感染过程或一过性感染。本研究中，BVDV抗体阳性率极显著高于核酸阳性率（$P<0.01$）。这一差异可能源于多重因素：其一，BVDV并非犊牛腹泻的唯一病原，且急性感染期病毒血症持续时间较短，存在一定漏检可能，因此核酸阳性率相对较低；其二，BVDV感染还可形成持续性感染（Persistent infection，PI），但PI动物未必表现腹泻症状，故以腹泻犊牛为检测对象可能低估牛群中BVDV的实际活跃感染水平。此外，BVDV与猪瘟病毒（Classical swine fever virus，CSFV）的核苷酸序列同源性约为66%，氨基酸同源性约为85%。当前畜牧生产中，BVDV和CSFV混合感染情况相当复杂，因此，2种病毒抗体之间的交叉反应可能影响抗体检测技术的准确性[34]。最后，样本来源的差异也会导致BVDV流行病学调查的结果存在差异。综合来看，本研究结果提示，北方地区牛群中BVDV暴露较为普遍，但基于腹泻病例所观察到的感染比例相对有限。近年来，国内多个地区关于BVDV的监测结果均提示其流行风险持续存在，这可能与其垂直传播及持续性感染等特征密切相关。其中，PI动物作为BVDV传播的核心传染源，可长期持续排毒，是造成牛群内持续传播和疫病暴发的重要因素。基于此，厘清牛群中BVDV的血清学暴露水平，对理解该区域腹泻病原整体流行态势具有重要参考价值。因此，BVDV防控应在加强监测的基础上，重视PI动物的筛查与清除；同时，开发具有广泛保护作用、改进免疫策略的新型疫苗是防控BVDV的关键手段。

本研究中，BNoV主要集中在天津、河北两地，检出率为41.10%。BNeV检测样品数相对较少，在本研究中未检出。该结果可能由多重因素共同作用：一是采样区域受限，BNeV流行存在明显地域差异性，受试区域田间本底感染率偏低；二是该病毒仅在犊牛急性感染短期内持续排毒，若采样错开病毒排毒高峰期易造成漏检；三是BNeV多呈散发性混合感染，极少单独大范围暴发，群体阳性占比偏低；四是本研究BNeV送检样本数量有限，样本规模不足进一步降低了阳性检出概率。总体而言，本研究中BNoV的患病率高于BNeV，与大多数先前研究的结果一致[35]。自1976年英国首次报道BNoV感染以来，该病毒已在全球范围内流行，阳性率在7.5%～61.67%[36]。相比之下，国内相关研究起步较晚，直到2017年才首次确诊，此后，在新疆、云南、山西、辽宁等地陆续检出，阳性率为1.24%～55.6%[37-38]，与本研究所得的BNoV流行病学数据高度吻合。各地区流行率存在差异，可能是由地理位置、饲养管理模式和场区环境条件不同所致。目前国内尚无BNoV和BNeV的商品化疫苗，亟需建立完善的预防性防控体系。疫苗免疫是防控这两类病原的最有效手段，但当前疫苗开发仍面临两大挑战：一方面，缺乏合适的体外培养系统，严重制约了病毒传播与致病机制的研究；另一方面，病毒基因组遗传多样性高，易发生抗原漂移，从而削弱交叉保护的效力。受制于上述难题，常规疫苗研发难以落地，亚单位疫苗因此成为现阶段疫苗开发的重点攻关方向。

本研究中BToV个体阳性率达到20.55%，这一结果与四川、辽宁、山西等地区报道的平均阳性率（21.73%）基本一致[39]。BToV作为全球广泛流行的犊牛腹泻病原，自1979年在美国首次被发现以来，迄今至少在17个国家检出，阳性率为1.10%～

43.20%[40]。在我国,不同地区的阳性检出率亦有差异:内蒙古53.67%,西藏11.76%,宁夏4.09%,广东0.34%[41]。本研究中,河北省检出率偏高(52.00%)且高度集中于保定市这一特定区域,这一现象可能归因于地域差异、养殖管理方式、样本量分布和采样偏倚等因素。由于BToV宿主范围广、病毒分离难度大且分离株易丧失感染力,相关研究进展相对迟缓,目前我国尚缺乏系统的流行病学数据。本研究补充了天津、河北等地区的BToV流行病学基础资料,对推动该病毒的基础及应用研究具有重要意义。

本研究通过对9个省、自治区近五年犊牛腹泻相关病原的监测,较好地揭示了我国北方地区犊牛腹泻主要病原的流行特点,为制定高效精准的犊牛腹泻防控策略提供了科学依据。但还存在以下不足:一方面,受限于部分病原的低流行率及采样难度,本研究纳入的有效样本量相对匮乏,检测结果未必能全面、精准地反映流行现状。另一方面,因多病原同步抗体检测存在技术与成本限制(如*MAP* ELISA主要适配于成年牛的监测,在犊牛腹泻检测时灵敏度严重不足,*C. perfringens*毒素抗体检测未商品化,BToV、BNoV、BNeV等新发病毒尚无成熟试剂盒),本研究仅对BVDV进行了血清抗体检测,未能全面获取其他病原的血清学数据。此外,隐孢子虫和球虫感染也是全球范围内致犊牛腹泻的重要病原,亦应对其开展流行病学监测,以便更全面地理解腹泻病因[42-43]。

4 结 论

2019—2024年,北方规模化牛场腹泻犊牛中11种病原呈现混合流行特征。病毒以BNoV与BToV占主导,细菌则以*E. coli*和*MAP*最为常见。各病原在地域与季节分布上差异显著:BAstV、BCoV、BRoV及BToV集中于秋冬季流行,而BVDV则在春夏季呈现更高的流行水平。场内混合感染广泛存在,其中二重感染为主要形式,BCoV分别与BNoV、BRoV形成协同致病组合。牛群BVDV高抗体、低核酸特征突出。综上,本研究构建了多重qPCR联合ELISA的同步检测体系,填补了北方多区域、多年份、多病原流行病学基线资料的空白。基于流行差异,建议推行分区、分季的精准饲养免疫策略,并辅以早期分子筛查,从而为北方规模化牧场犊牛腹泻的综合防控提供实证依据。

参考文献 References

[1] Wilson D J, Habing G, Winder C B, Renaud D L. A scoping review of neonatal calf diarrhea case definitions[J]. *Preventive Veterinary Medicine*, 2023, 211: 105818

[2] Brar A P S, Sood N K, Singla L D. In situ interactions between coccidian and bacterial pathogens in calf diarrhoea: An immunohistochemical investigation[J]. *Journal of Parasitic Diseases*, 2026, 50(1): 183-189

[3] Karahutová L, Čobanová K, Bujňáková D. Virulence profiling and biofilm-forming capacity of different *E. coli* pathotypes and phylogroups isolated from calf diarrhoea[J]. *Veterinary and Animal Science*, 2026, 33: 100710

[4] Chae J B, Kim W G, Song S, Chae J S. Molecular characterization of ten viral pathogens causing calf diarrhea in Hanwoo (Bos Taurus coreanae) by next generation sequencing[J]. *BMC Veterinary Research*, 2025, 21(1): 464

[5] Qu J C, Meng C, Li L Y, Zhu H, Yin G A. Epidemiology of diarrhea for Chinese dairy calves: A systematic review and meta-analysis[J]. *Indian Journal of Animal Research*, 2023, 57(2): 139-146

[6] Geng H L, Meng X Z, Yan W L, Li X M, Jiang J, Ni H B, Liu W H. Prevalence of bovine coronavirus in cattle in China: A systematic review and meta-analysis[J]. *Microbial Pathogenesis*, 2023, 176: 106009

[7] Ghonaim A H, Lei M K, Zeng Y, Xu Q, Hong B, Li D F, Yang Z X, Zhou J R, Liu C C, He Q G, Zhang Y F, Li W T. Molecular surveillance and whole genomic characterization of bovine rotavirus a G6P [1] reveals interspecies reassortment with human and feline strains in China [J]. *Veterinary Sciences*, 2025, 12(8): 742

[8] Xie L X, Zhang J J, Zhang W F, Wei Z K, Ma J, Xie R X, Pan X H, Chen S Y, Li J T. Prevalence and genetic characterization of diarrhea viruses among cattle in Guangdong, China[J]. *BMC Veterinary Research*, 2025, 21(1): 637

[9] Zhu Q H, Qi S S, Guo D H, Li C Q, Su M J, Wang J F, Li Z J, Yang D, Sun H B, Wang X R, Wang M J, Wu H Y, Yu S P, Bai W F, Zhang Y C, Yang X, Jiang L M, Liu J Y, Zhao Y Y, Xing X X, Shi D, Feng L, Sun D B. A survey of fecal virome and bacterial community of the diarrhea-affected cattle in northeast China reveals novel disease-associated ecological risk factors[J]. *mSystems*, 2024, 9: e00842-e00823

[10] Yang D Q, Ma L, Yang Z P, Yang X C, Wang J, Ju H B, Lu C G, Weng Y G, Zhao H P, Shen H X, Li X, Ge F F, Wang X X, Wu X J, Xiang M, Feng G D, Tang C S, Huang S X, Zhao H J. Development of a one-step multiplex RT-qPCR method for rapid detection of bovine diarrhea viruses[J]. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 2025, 14: 1540710

[11] 孙佳琪,吴浩,刘梦瑶,王朋朋,吴彤,王爽,吴文学. 犊牛腹泻主要病原菌四重实时荧光定量PCR检测方法的建立[J]. 中国兽医杂志, 2026, 62(5): 51-58
Sun J Q, Wu H, Liu M Y, Wang P P, Wu T, Wang S, Wu W X. Establishment of a quadruplex real-time fluorescence quantitative PCR assay for detecting of major pathogenic bacterial pathogens causing calf diarrhea [J]. *Chinese Journal of Veterinary Medicine*, 2026, 62(5): 51-58 (in Chinese)

[12] 刘梦瑶,王展慧,吴浩,谷月,吴文学. 牛星状病毒、牛病毒性腹泻病毒1型、牛冠状病毒和牛轮状病毒四重实时荧光定量RT-PCR检测方法的建立[J]. 畜牧兽医学报, 2021, 52(7): 1942-1952
Liu M Y, Wang Z H, Wu H, Gu Y, Wu W X. The development of the quadruple real-time RT-PCR for bovine astroviruses, bovine viral diarrhea virus 1, bovine coronavirus and bovine rotavirus[J]. *Acta Veterinaria et*

Zootechnica Sinica, 2021, 52(7): 1942-1952 (in Chinese)

[13] 王馨钰. 犊牛腹泻4种病毒性病原多重荧光定量PCR检测方法的建立[D]. 北京:中国农业大学, 2025
Wang X Y. Development of a multiplex fluorescent quantitative PCR method for the detection of four viruses associated with calf diarrhea[D]. Beijing: China Agricultural University, 2025 (in Chinese)

[14] Humphry R W, Reeves A, Gunn G J. Strategies for screening young stock for antibodies - optimising numbers to test, cut-points, & predictive values for bovine viral diarrhoea virus[J]. *Scientific Reports*, 2018, 8: 9532

[15] 赵苏苏,刘玉梅,关平原,张彦婷,陈学飞,辛颖,张鸣华,刘东霞,杨晓婷,莫绍江,赵利平. 2023年牛呼吸系统疾病综合征病原检测分析[J]. 中国动物传染病学报, 1-8[2026-04-08]. https://doi.org/10.19958/j.cnki.cn31-2031/s.20250221.001
Zhao S S, Liu Y M, Guan P Y, Zhang Y T, Chen X F, Xin Y, Zhang M H, Liu D X, Yang X T, Mo S J, Zhao L P. Pathogen detection and analysis of bovine respiratory disease complex in 2023[J]. *Chinese Journal of Animal Infectious Diseases*:1-8[2026-04-08]. https://doi.org/10.19958/j.cnki.cn31-2031/s.20250221.001 (in Chinese)

[16] 丁鼎,丁晓军,穆萨·热合曼,甄杰,萨拉麦提·斯拉吉丁,李娜,孙亚伟,陈如龙,姚刚,马雪连. 新疆部分规模化牛场犊牛腹泻病毒性病原检测与流行特点分析[J]. 中国畜牧兽医,2025, 52(3): 1272-1280
Ding D, Ding X J, Musa R, Zhen J, Salamaiti S, Li N, Sun Y W, Chen R L, Yao G, Ma X L. Analysis of viral pathogen detection and epidemic characteristics of calf diarrhea in some large-scale cattle farms in Xinjiang[J]. *China Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2025, 52(3): 1272-1280 (in Chinese)

[17] Ren L, Tian C X, Shen C, Hao Y X, Yan X J, Zuo Z C. Epidemiological Insights Into BVDV and IBRV in Feeder Cattle After Cross-Regional Transport in China 2022 - 2024: Coinfection Dynamics and Implications for BRDC Control[J]. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2026, 2026(1): 3614383

[18] 何艳飞,覃城皇,徐肖文,冼茵儿,项志杰,陈颖钰,郭爱珍. 致犊牛腹泻常见病毒的检测及风险因素分析[J]. 华中农业大学学报,2025, 44(1): 174-182
He Y F, Qin C H, Xu X W, Xian Y E, Xiang Z J, Chen Y Y, Guo A Z. Detection of common viruses causing calf diarrhea and analysis of risk factors [J]. *Journal of Huazhong Agricultural University*, 2025, 44(1): 174-182 (in Chinese)

[19] 阿拉坦巴根,杨波,张勇,白刚,柱拉吉日嘎拉,吉雅图. 鄂尔多斯市部分规模化肉牛养殖场腹泻疾病的流行情况检测报告[J]. 畜牧业环境, 2025(5): 58-60
Alatan Bagen, Yang B, Zhang Y, Bai G, Zhulajirigala, Ji Y T. Detection report on the epidemic situation of diarrhea in some large-scale beef cattle farms in Ordos city[J]. *Animal Industry and Environment*, 2025(5): 58-60 (in Chinese)

[20] Hou X F, Niu Z, Wu S R, Du Q, Liu G L, Nie L C, Zhu C L, Qiu Y D, Huang Y, Cao Y C, Tong D W. Dairy cattle infection with bovine rotavirus at different growth stages and its impact on health and productivity[J]. *Animals*, 2025, 15(11): 1628

[21] Elkady G, Zhu J, Peng Q J, Chen M, Liu X, Chen Y Y, Hu C M, Chen H C, Guo A Z. Isolation and whole protein characterization of species A and B bovine rotaviruses from Chinese calves[J]. *Infection, Genetics and Evolution*, 2021, 89: 104715

[22] Chen S Y, Zhang W, Zhai J J, Chen X L, Qi Y P. Prevalence of bovine rotavirus among cattle in mainland China: A meta-analysis[J]. *Microbial Pathogenesis*, 2022, 170: 105727

[23] Ates O, Yesilbag K. Molecular epidemiology of group A rotavirus (RVA) and bovine coronavirus (BCoV) associated with neonatal calf diarrhea in Türkiye[J]. *Tropical Animal Health and Production*, 2026, 58(3): 188

[24] Niu Z, Xu J Y, Hou X F, Liu G L, Yao J H, Cao Y C, Du Q, Tong D W, Wu S R. Multi-omics atlas of the bovine coronavirus-infected calf jejunum: Reduction of phocaeicola coprophilus and deoxycholic acid linked to Th17/Treg imbalance[J]. *NPJ Biofilms and Microbiomes*, 2026

[25] Zhao J Q, Fan Y Y, Lei Y D, Liu D, Wang J W, Yang X, Song J K, Zhao G H. Molecular characterization of common zoonotic protozoan parasites and bacteria causing diarrhea in dairy calves in Ningxia Hui Autonomous Region, China[J]. *Parasite*, 2024, 31: 60

[26] Li Y J, Wang L, Xu G W, Zhang J Y, Hanyurwumutima E, Zhao Y D, Li J H, Feng X W, Zhou Y, Wang T, Chen X L, Wei L, Zhang K, Li J X. Pathogen detection and analysis of non-infectious factors in calf diarrhea at a large-scale dairy farm in Wuwei City[J]. *Veterinary Sciences*, 2025, 12(12): 1150

[27] 徐国栋,曹建平,骆维,曹蕊. 我国12种犊牛腹泻病原体调查汇总分析[J]. 天津农林科技,2024(2):8-13
Xu G D, Cao J P, Luo W, Cao R. Analysi and summarys on 12 pathogens investigation of calf diarrheic in China[J]. *Science and Technology of Tianjin Agricultural and Forestry*, 2024(2): 8-13 (in Chinese)

[28] Torreggiani C, Pupillo G, Garbarino C A, Rugna G, Prosperi A, Chiapponi C, Luppi A. Major etiological agents isolated from neonatal calf diarrhea outbreaks in northern Italy[J]. *Pathogens*, 2025, 14(9): 847

[29] Jiménez-Meléndez A, Shakya R, Markussen T, Robertson L J, Myrmel M, Makvandi-Nejad S. Gene expression profile of HCT-8 cells following single or co-infections with Cryptosporidium parvum and bovine coronavirus[J]. *Scientific Reports*, 2023, 13(1): 22106

[30] Zhang X B, Yuan Z F, Geng J J, Gong Z D, Wei S C. Bovine coronavirus nucleocapsid suppresses IFN-β production by inhibiting RIG-I-like receptors pathway in host cells[J]. *Archives of Microbiology*, 2022, 204(8): 536

[31] Brunauer M, Roch F F, Conrady B. Prevalence of worldwide neonatal calf diarrhoea caused by bovine rotavirus in combination with bovine coronavirus, *Escherichia coli K99* and *Cryptosporidium spp*: A meta-analysis [J]. *Animals*, 2021, 11(4): 1014

[32] Liu Y, Zhou F, Wang X A, Chen X M, Zheng L L, Chen H Y, Ma S J. Molecular detection and genotyping of bovine viral diarrhea virus in four provinces of China[J]. *Archives of Virology*, 2025, 170(6): 114

[33] Rana E A, Gogoi-Tiwari J, Sarker S, Uddin J M. Molecular characterization of genetically related co-circulating bovine viral diarrhea virus in cattle and water buffalo within mixed-herd production systems [J]. *Preventive Veterinary Medicine*, 2026, 254: 106917

[34] Ganges L, Crooke H R, Bohórquez J A, Postel A, Sakoda Y, Becher P, Ruggli N. Classical swine fever virus: The past, present and future[J]. *Virus Research*, 2020, 289: 198151

[35] López-Novo C, Díaz P, Díaz-Cao J M, Couso-Pérez S, García-Dios D, López-Lorenzo G, Remesar S, Ares-Mazás E, Morrondo P, Gómez-Couso H, Prieto A. Importance and Characterisation of concurrent pathogens in diarrhoeic calves from north-western Spain[J]. *Animals*, 2025, 15(18): 2735

[36] Ma Z G, Ma X L, Tao X Y, Huang Y, Jiang Q, Ding X J, Min F, Chu Y C, Li R, Zhang X Y, Liu L, Zhang C Y, Zhong Q, Yao G. Immunogenicity of virus-like particles based on VP1 protein of bovine norovirus [J]. *Veterinary Sciences*, 2025, 12(9): 802

[37] Guo Z J, He Q F, Yue H, Zhang B, Tang C. First detection of nebovirus and norovirus from cattle in China[J]. *Archives of Virology*, 2018, 163(2): 475-478

[38] 施徐森. 云南部分地区牛腹泻病毒性病原遗传进化分析[D]. 昆明:云南农业大学, 2023

Shi X S. Genetic evolution analysis of bovine diarrhea virus pathogen in some areas of Yunnan[D]. Kunming: Yunnan Agricultural University, 2023 (in Chinese)

[39] Li H, Zhang B, Yue H, Tang C. First detection and genomic characteristics of bovine torovirus in dairy calves in China[J]. *Archives of Virology*, 2020, 165(7): 1577-1583

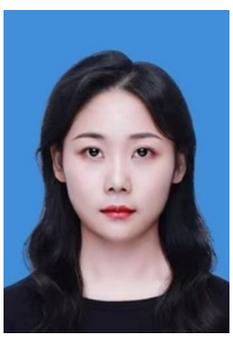
[40] Castells M, Benítez-Galeano M J, Marandino A, Caffarena R D, Casaux M L, Pérez R, Giannitti F, Colina R. Detection and genetic characterization of bovine torovirus in Uruguay[J]. *Viruses*, 2024, 16(6): 835

[41] Chen J P, Meng W X, Zeng H J, Wang J Y, Liu S Z, Jiang Q F, Chen Z H, Ma Z H, Wang Z, Li S J, Jia K. Epidemiological survey of calf diarrhea related viruses in several areas of Guangdong Province[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2024, 15: 1441419

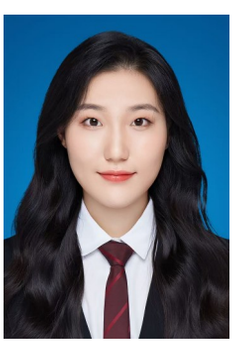
[42] Buchanan R, Wieckowski P, Matechou E, Katzer F, Tsaousis A D, Farré M. Global prevalence of Cryptosporidium infections in cattle: A meta-analysis [J]. *Current Research in Parasitology & Vector-Borne Diseases*, 2025, 7: 100264

[43] Brar A P S, Sood N K, Singla L D. In situ interactions between coccidian and bacterial pathogens in calf diarrhoea: An immunohistochemical investigation[J]. *Journal of Parasitic Diseases*, 2026, 50(1): 183-189

责任编辑: 秦梅



第一作者简介: 辜银萍,中国农业大学博士研究生,主要从事牛传染病流行病学调查与抗病育种研究。2024年、2025年分别获得博士一等奖学金和博士二等奖学金;2024年、2025年获得两次中国农业大学“优秀共青团干部”、动物医学院“优秀党员”称号。参与的基金项目有“十四五”国家重点研发计划(2022YFD1800702)、财政部和农业农村部:国家现代农业产业技术体系建设专项资金(CARS-36)、中国博士后科学基金面上资助(2024M753562);参与横向课题牛病毒性腹泻疫苗研发。



通讯作者简介: 戴海越,博士,讲师,佳木斯大学硕导,主要研究方向为牛传染性病原致病分子机制。主持中国博士后科学基金面上项目(2024M753562),参与国家自然科学基金面上项目(32473006),已获授权中国发明专利1项(CN202111446165.8),发表SCI Q1期刊论文2篇,中文期刊论文1篇。教学工作中坚持教研融合,恪守立德树人根本任务,做到言传身教,立足专业研究服务行业与社会发展。



通讯作者简介: 吴文学,博士,研究员,动物医学院博导兼硕导,国家奶牛产业技术体系岗位科学家,主要从事牛羊传染病诊断技术与疫苗研发。主持国家“十四五”重点研发专项、国家自然科学基金等40余项,在*PNAS*、*Analytical Chem*等期刊发表论文80余篇,副主编《中国兽医诊疗图鉴》丛书、《畜禽疫病诊疗手册》丛书等7部,申请国家发明专利24项、授权国家发明专利13项,获国家新兽药证书4项(其中国家一类新兽药证书2项)。兼任全国动物防疫专家委员会委员、中国兽药典委员会委员、全国动物卫生标准化技术委员会委员、农业农村部兽药评审专家、中国兽医协会牛羊兽医分会副会长。