

《疾病监测》审稿意见与作者答复

题目：多菌型副溶血性弧菌共感染引起集中暴发

作者：王红，赵鹏，杜悦，何德辉，苏爱荣，蓝兰，李秀桂，黄彦

审稿专家意见与作者答复

初审专家意见及作者修改说明：

专家 1：

1.请核对 PFGE 的 NotI 结果中，菌株 502、501、507 带型是否一样？肉眼观察是一样的。

答复：已核对，经 Bionumerics 软件聚类 502、501、507 带型一致。相关问题会在讨论中增加分析。2. Bionumerics 软件可以建立组合实验类型，将两种内切酶的结果组合分析放到一张图中聚类。

答复：已将两种酶切的 PFGE 图谱放到一张图中展示。

专家 2：

1. 前言中，“根据大量的调查发现，从腹泻患者分离到的大多数副溶血性弧菌携带耐热直接溶血素基因(tdh)或相关溶血素基因(trh)，而食品或环境样品来源的菌株极少数检测到有这两个基因。”，提供参考文献。

答复：已增加参考文献；

2. 前言中，“1996 年后，有一大克隆群的副溶血性弧菌在全球各地引起了感染率急剧上升，被称为“大流行株”，调查发现，这群菌都携带有噬菌体 f237 独特的开放阅读框 ORF8 基因片段”，提供参考文献。

答复：已增加参考文献；

3. 前言中，“本文对这些分离株的血清型、毒力基因、PFGE 分子分型等特征进行研究，并在数据库中进行聚类比较，”但是结果中只有本研究的 10 株副溶血性弧菌，所以只能说是使用了 Bionumerics 软件做了数据分析，结果中未见数据库中的模式菌株或标准菌株，所以不能说是“与数据库中进行聚类比较”。

答复：已在正文中对文字表述进行更改

4. 在讨论中，“鉴于副溶血性弧菌菌群的多样性，在调查副溶血性弧菌引起的暴发时，应从同一个标本中，尽可能挑取多个可疑菌株，”作者是否在同一标本中，鉴定到不同菌型的副溶血性弧菌？在讨论中应分析和提及。

答复：已在讨论部分增加相关分析。

定稿会意见与作者答复

定稿会意见：

本文经这次修改后，基本达到要求，可以发表，谢谢！
