

• 论 著 •

2 188 例儿童呼吸道感染病原微生物类型与年龄、 季节关系的回顾性研究*

袁 媛¹, 赛 琴¹, 张光玲¹, 孙智月¹, 赵可心¹, 于鑫岩^{2△}

1. 中国人民解放军联勤保障部队第九六二医院儿科, 黑龙江哈尔滨 150080;
2. 北京儿童医院黑龙江医院重症医学科, 黑龙江哈尔滨 150000

摘要:目的 探究 2 188 例儿童呼吸道感染病原微生物类型与年龄、季节的关系。方法 选取 2023 年 6 月至 2024 年 5 月中国人民解放军联勤保障部队第九六二医院儿科收治的 2 188 例呼吸道感染患儿作为研究对象。采用靶向二代测序(tNGS)技术测定常见儿童呼吸道感染病原微生物,包括流感嗜血杆菌、鼻病毒、卡他莫拉菌、肺炎支原体、金黄色葡萄球菌、肺炎链球菌、人副流感病毒、人呼吸道合胞病毒等 107 种病原微生物,分析哈尔滨市儿童呼吸道感染情况及流行病学特征。结果 2 188 例患儿中,病原微生物检测呈阳性占 98.5% (2 156/2 188),其中流感嗜血杆菌占比最高 33.5% (732/2 188),其次是鼻病毒占 25.0% (547/2 188)和卡他莫拉菌占 24.8% (543/2 188)。男性患儿的流感嗜血杆菌和人腺病毒阳性率高于女性患儿($P<0.05$),不同性别患儿其余病原微生物阳性率比较,差异无统计学意义($P>0.05$)。除不同年龄段人腺病毒、甲型流感病毒阳性率比较差异无统计学意义($P>0.05$)外,不同年龄段患儿其余病原微生物阳性率呼吸道感染病原微生物比较差异均有统计学意义($P<0.05$),学龄前患儿呼吸道感染病原微生物阳性率相对较高。不同季节咽峡炎链球菌、金黄色葡萄球菌阳性率比较差异无统计学意义($P>0.05$),不同季节其余的病原微生物阳性率比较差异均有统计学意义($P<0.05$)。夏季流感嗜血杆菌、肺炎链球菌、人类偏肺病毒、人副流感病毒、新型冠状病毒阳性率均最高($P<0.05$)。结论 2 188 例儿童呼吸道感染病原微生物以流感嗜血杆菌、鼻病毒、卡他莫拉菌等混合病原微生物感染为主,学龄前儿童属于易感群体,病原微生物的流行呈季节性,临床上应根据该特征制订有关防治措施,减少疾病发生。

关键词: 儿童; 呼吸道感染; 病原微生物; 年龄; 季节

DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2025.07.008 **中图法分类号:**R446.5

文章编号:1673-4130(2025)07-0806-06 **文献标志码:**A

A retrospective study on the relationship between pathogenic microorganism types, age and season in 2 188 children with respiratory tract infections*

YUAN Yuan¹, SAI Qin¹, ZHANG Guangling¹, SUN Zhiyue¹, ZHAO Kexin¹, YU Xinyan^{2△}

1. Department of Pediatrics, 962 Hospital, Joint Logistic Support Force of PLA, Harbin, Heilongjiang 150080, China; 2. Department of Intensive Care Medicine, Beijing Children's Hospital Heilongjiang Hospital, Harbin, Heilongjiang 150000, China

Abstract: **Objective** To explore the relationship between pathogenic microorganism types, age and season in 2 188 children with respiratory tract infections. **Methods** A total of 2 188 children with respiratory tract infections admitted to the Department of Pediatrics, 962 Hospital, Joint Logistic Support Force of PLA from June 2023 to May 2024 were selected as the study subjects. Targeted next generation sequencing (tNGS) technology was used to detect 107 common pathogenic microorganism in children with respiratory tract infections, including Haemophilus influenzae, rhinovirus, Moraxella catarrhalis, Mycoplasma pneumoniae, Staphylococcus aureus, Streptococcus pneumoniae, human parainfluenza virus, human respiratory syncytial virus, etc. The respiratory tract infection situation and epidemiological characteristics of children in Harbin were analyzed. **Results** Among 2 188 pediatric patients, 98.5% (2 156/2 188) tested positive for pathogenic microorganism, with Haemophilus influenzae accounting for the highest proportion of 33.5% (732/2 188), followed by rhinovirus of 25.0% (547/2 188) and Moraxella catarrhalis of 24.8% (543/2 188). The positive rates of Haemophilus influenzae and human adenovirus in male children were higher than those in female children ($P<$

* 基金项目:黑龙江省卫生健康委科研课题(20230606010303);中国人民解放军联勤保障部队第九六二医院内科研项目(962L202403)。

作者简介:袁媛,女,副主任医师,主要从事胃肠道和呼吸道疾病方向的研究。△ 通信作者,E-mail:ymm19730616@163.com。

0.05), while there were no statistically significant differences in the positive rates of other pathogenic microorganism between male and female children ($P > 0.05$). Except for human adenovirus and influenza A virus, which showed no statistically significant differences in positive rates among different age groups ($P > 0.05$), there were statistically significant differences in the positive rates of other pathogenic microorganism among different age groups ($P < 0.05$). The positive rates of pathogenic microorganism in preschool children were relatively high. There were no statistically significant differences in the positive rates of Streptococcus and Staphylococcus aureus in different seasons ($P > 0.05$), while there were statistically significant differences in the positive rates of other pathogenic microorganism in different seasons ($P < 0.05$). The positive rates of Haemophilus influenzae, Streptococcus pneumoniae, human metapneumovirus, human parainfluenza virus and SARS-Cov-2 were the highest in summer ($P < 0.05$). **Conclusion** 2 188 children with respiratory tract infections were mainly caused by pathogenic microorganism such as Haemophilus influenzae, rhinovirus, and Moraxella catarrhalis, etc. Preschool children is a susceptible group, and the prevalence of pathogenic microorganism varies seasonally. In clinical practice, relevant prevention and control measures should be developed based on this characteristic to reduce the incidence of diseases.

Key words: children; respiratory tract infection; pathogenic microorganism; age; season

呼吸道感染是全球儿童面临的主要健康问题之一,其能引起机体出现不受控制的全身性炎症反应,从而导致感染性休克、急性呼吸窘迫综合征、肺炎、脑炎等疾病^[1-2]。据统计,全球每年超 400 万儿童因呼吸道病原微生物感染死亡,约 85% 的儿童存在急性呼吸道感染,我国门诊患儿中约 60% 儿童属于急性呼吸道感染^[3-4]。病原微生物是引发呼吸道感染的关键因素,其种类繁多,常见有流感嗜血杆菌、鼻病毒、卡他莫拉菌、肺炎支原体、金黄色葡萄球菌、呼吸道合胞病毒、乙型流感病毒、甲型流感病毒、人腺病毒等。但病原微生物受到环境、地域、经济等多项因素影响,故在不同地区呈现不同流行特征^[5-6]。有研究表明,不同年龄、季节儿童呼吸道感染病原微生物分布存在较大差异^[7]。据此,掌握不同病原微生物类型与儿童年龄、季节之间的关系,对于制订有效的预防措施和治疗策略至关重要。因此,本研究收集了中国人民解放军联勤保障部队第九六二医院儿科收治的 2 188 例呼吸道感染患儿的临床资料,分析呼吸道感染病原微生物类型与年龄、季节的关系,旨在为降低儿童呼吸道感染发生率提供可靠依据。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取 2023 年 6 月至 2024 年 5 月中国人民解放军联勤保障部队第九六二医院儿科收治的 2 188 例呼吸道感染患儿。其中男性患儿 1 141 例,女性患儿 1 047 例;婴儿(<1 岁)91 例,幼儿(1~3 岁)526 例,学龄前(>3~6 岁)804 例,学龄期(>6~10 岁)547 例,青春期(>10~14 岁)220 例;春季发病 421 例,夏季发病 532 例,秋季发病 661 例,冬季发病 574 例。纳入标准:(1)符合《诸福棠实用儿科学(第 8 版)》^[8]中呼吸道感染诊断标准;(2)根据临床体征、表现及病原学检查证实为呼吸道感染;(3)年龄 0~14 岁;(4)依从性良好且临床资料完整。排除标准:(1)合并其他呼吸系统疾病,如肺结核、哮喘;(2)伴有先

天性心脏病;(3)伴有呼吸系统免疫缺陷;(4)伴有肝、肾等重要脏器功能异常;(5)早产儿、先天性气道畸形;(6)伴有染色体异常、遗传代谢性疾病等。本研究所有入选患儿家属均签署知情同意书,并通过中国人民解放军联勤保障部队第九六二医院医学伦理委员会审核。

1.2 方法

1.2.1 收集资料 由中国人民解放军联勤保障部队第九六二医院儿科 2 名专业医护人员通过问卷调查方式获取患儿资料,问卷为自拟《儿童呼吸道感染病毒流行特征调查问卷》,主要包括性别、年龄、发病季节、现病史、既往史、近期预防接种史、接触史等。

1.2.2 采集标本 收集患儿入院当日(或次日清晨)未接受抗病原微生物药物治疗时的鼻、咽拭子标本,具体操作为:同时取鼻、咽拭子,咽拭子采样采取头部微仰、嘴张大的姿势,露出两侧咽扁桃体,将拭子越过舌根,在两侧咽扁桃体稍微用力来回擦拭至少 3 次,然后再在咽后壁上下擦拭至少 3 次。鼻拭子采集拭子从总鼻道进入,与面部垂直方向,拭子尽量下压进入鼻腔下壁旋转一周垂直取出。取样完毕后,将鼻、咽拭子头放入同一个含病毒保存液的收集管中,拭子折断点置于管口处,稍用力折断使拭子头落入采集管的液体中,弃去折断后的拭子杆,旋紧管盖,将采集管置于稳定的置物架上。每例标本采集后采样人员均应进行手消毒。转运时间>48 h 时,-20℃冷冻运输,转运时间<48 h 时,4℃冷藏运输。

1.2.3 呼吸道感染病原微生物检测 取得患儿家属同意后将患儿标本进行靶向二代测序(tNGS)检测,通过采用超多重聚合酶链反应建库体系,针对呼吸道感染 107 种致病病原,进行 tNGS 分析,形成报告,根据报告单检出病原微生物致病能力及其序列数等信息,进而结合临床病情判定有无感染。

1.3 观察指标 观察并记录儿童呼吸道感染中病原

谱构成,以及不同年龄段、不同季节病原谱分布变化情况 & 流行病学特征。

1.4 统计学处理 采用 SPSS26.0 进行数据资料的统计分析。计数资料采用频数或百分率表示,组间比较采用 χ^2 检验。 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结 果

2.1 患儿呼吸道感染病原微生物检出情况 2 188 例呼吸道感染患儿中,2 156 例患儿病原微生物检测呈阳性,阳性率 98.5%(2 156/2 188),其中流感嗜血杆菌占比最高 33.5%(732/2 188),其次是鼻病毒占 25.0%(547/2 188)和卡他莫拉菌占 24.8%(543/2 188)。肺炎支原体中大环内酯类抗菌药物耐药菌株占肺炎支原体菌株的 90.5%(427/472),见表 1。

表 1 患儿呼吸道感染病原微生物检出情况		
病原微生物	阳性(<i>n</i>)	构成比(%)
流感嗜血杆菌	732	33.5
鼻病毒	547	25.0
卡他莫拉菌	543	24.8
肺炎支原体	472	21.6
肺炎支原体大环内酯类抗菌药物耐药	427	19.5
金黄色葡萄球菌	377	17.2
肺炎链球菌	365	16.7
人类偏肺病毒	282	12.9
人副流感病毒	249	11.4
人呼吸道合胞病毒	224	10.2
百日咳鲍特菌	187	8.5
人腺病毒	133	6.1
乙型流感病毒	128	5.9
甲型流感病毒	94	4.3
甲型流感病毒 H3N2	83	3.8
咽峡炎链球菌	80	3.7
新型冠状病毒	73	3.3
其他	425	19.4

注:同一患者可能存在多种菌株感染。

2.2 不同性别患儿呼吸道感染病原微生物检出情况 男性患儿的流感嗜血杆菌和人腺病毒阳性率高于女性患儿($P<0.05$),其余病原微生物阳性率在不同性别患儿比较,差异均无统计学意义($P>0.05$),见表 2。

2.3 不同年龄患儿呼吸道感染病原微生物检出情况 不同年龄段患儿人腺病毒、甲型流感病毒阳性率

比较差异无统计学意义($P>0.05$),不同年龄段患儿其余病原微生物阳性率比较差异均有统计学意义($P<0.05$)。婴儿患儿中,人呼吸道合胞病毒、流感嗜血杆菌、人副流感病毒阳性率排前 3 位;幼儿患儿中,卡他莫拉菌、鼻病毒、流感嗜血杆菌阳性率排前 3 位;学龄前患儿中,流感嗜血杆菌、卡他莫拉菌、鼻病毒阳性率排前 3 位;学龄期和青春期患儿中,肺炎支原体、肺炎支原体大环内酯类抗菌药物耐药、流感嗜血杆菌阳性率均排前 3 位。见表 3。

表 2 不同性别患儿呼吸道感染病原微生物检出情况[<i>n</i> (%)]				
病原微生物	男 (<i>n</i> =1 141)	女 (<i>n</i> =1 047)	χ^2	<i>P</i>
流感嗜血杆菌	407(35.7)	325(31.0)	5.256	0.022
鼻病毒	293(25.7)	254(24.3)	0.587	0.444
卡他莫拉菌	294(25.8)	249(23.8)	1.153	0.283
肺炎支原体	232(20.3)	240(22.9)	2.164	0.141
肺炎支原体大环内酯类 抗菌药物耐药	211(18.5)	216(20.4)	1.589	0.208
金黄色葡萄球菌	196(17.2)	181(17.3)	0.005	0.946
肺炎链球菌	183(16.0)	182(17.4)	0.71	0.399
人类偏肺病毒	147(12.9)	135(12.9)	<0.001	0.994
人副流感病毒	123(10.8)	126(12.0)	0.852	0.356
人呼吸道合胞病毒	112(9.8)	112(10.1)	0.461	0.497
百日咳鲍特菌	96(8.4)	91(8.7)	0.054	0.816
人腺病毒	84(7.4)	49(4.7)	6.879	0.009
乙型流感病毒	69(6.1)	59(5.5)	0.271	0.603
甲型流感病毒	52(4.6)	42(4.0)	0.396	0.529
咽峡炎链球菌	43(3.8)	37(3.5)	0.085	0.77
新型冠状病毒	40(3.5)	33(3.2)	0.212	0.645

2.4 不同季节患儿呼吸道感染病原微生物检出情况 不同季节咽峡炎链球菌、金黄色葡萄球菌阳性率比较差异无统计学意义($P>0.05$),不同季节其余病原微生物阳性率比较差异均有统计学意义($P<0.05$)。鼻病毒、卡他莫拉菌阳性率在春季最高,流感嗜血杆菌、肺炎链球菌、人类偏肺病毒、人副流感病毒、新型冠状病毒阳性率在夏季最高,百日咳鲍特菌、甲型流感病毒阳性率在秋季最高,肺炎支原体、肺炎支原体大环内酯类抗菌药物耐药、人呼吸道合胞病毒、人腺病毒、乙型流感病毒阳性率在冬季最高。见表 4。

表 3 不同年龄患儿呼吸道感染病原微生物检出情况[<i>n</i> (%)]							
病原微生物	婴儿 (<i>n</i> =91)	幼儿 (<i>n</i> =526)	学龄前 (<i>n</i> =804)	学龄期 (<i>n</i> =547)	青春期 (<i>n</i> =220)	χ^2	<i>P</i>
流感嗜血杆菌	24(26.4)	142(27.0)	327(40.7)	165(30.2)	74(33.6)	33.378	<0.001
鼻病毒	12(13.2)	143(27.2)	224(27.9)	125(22.9)	43(19.5)	16.460	0.003

续表 3 不同年龄患儿呼吸道感染病原微生物检出情况[n(％)]

病原微生物	婴儿 (n=91)	幼儿 (n=526)	学龄前 (n=804)	学龄期 (n=547)	青春期 (n=220)	χ^2	P
卡他莫拉菌	10(11.0)	182(34.6)	284(35.3)	59(10.8)	8(3.6)	194.488	<0.001
肺炎支原体	5(5.5)	53(10.1)	122(15.2)	216(39.5)	76(34.5)	200.108	<0.001
肺炎支原体大环内酯类抗菌药物耐药	3(3.3)	41(7.8)	106(17.4)	206(37.7)	71(32.3)	219.213	<0.001
金黄色葡萄球菌	14(15.4)	70(13.3)	140(26.0)	110(20.1)	43(19.5)	9.917	0.042
肺炎链球菌	8(8.8)	91(17.3)	209(26.0)	47(8.6)	10(4.5)	103.462	<0.001
人类偏肺病毒	10(11.0)	90(17.1)	137(17.0)	34(6.2)	11(5.0)	54.870	<0.001
人副流感病毒	18(19.8)	99(18.8)	94(11.7)	29(5.3)	9(4.1)	66.954	<0.001
人呼吸道合胞病毒	31(34.1)	97(18.4)	54(6.7)	29(5.3)	13(5.9)	124.581	<0.001
百日咳鲍特菌	4(4.4)	4(0.8)	81(10.1)	79(14.4)	19(8.6)	69.534	<0.001
人腺病毒	3(3.3)	27(5.1)	46(5.7)	37(6.8)	20(9.1)	6.184	0.186
乙型流感病毒	3(3.3)	19(3.6)	45(5.6)	36(6.6)	25(11.4)	18.627	<0.001
甲型流感病毒	1(1.1)	22(4.2)	33(4.1)	32(5.9)	6(2.7)	6.881	0.142
咽峡炎链球菌	1(1.1)	15(2.9)	21(2.6)	27(4.9)	16(7.3)	15.857	0.003
新型冠状病毒	9(9.9)	22(4.2)	22(2.7)	13(2.4)	7(3.2)	15.763	0.003

表 4 不同季节患儿呼吸道感染病原微生物检出情况[n(％)]

病原微生物	春季 (n=421)	夏季 (n=532)	秋季 (n=661)	冬季 (n=574)	χ^2	P
流感嗜血杆菌	91(21.6)	266(50.0)	228(34.5)	147(25.6)	108.111	<0.001
鼻病毒	136(32.3)	143(26.9)	200(30.3)	68(11.8)	75.688	<0.001
卡他莫拉菌	159(37.8)	133(25.0)	146(22.1)	105(18.3)	53.585	<0.001
肺炎支原体	99(23.5)	22(4.1)	146(22.1)	205(35.7)	164.503	<0.001
肺炎支原体大环内酯类抗菌药物耐药	92(21.9)	15(2.8)	135(20.4)	185(32.2)	155.303	<0.001
金黄色葡萄球菌	70(16.6)	91(17.1)	126(19.1)	90(15.7)	2.636	0.451
肺炎链球菌	79(18.8)	117(22.0)	111(16.8)	58(10.1)	29.981	<0.001
人类偏肺病毒	24(5.7)	114(21.4)	121(18.3)	23(4.0)	111.537	<0.001
人副流感病毒	78(18.5)	110(20.7)	36(5.4)	25(4.4)	118.078	<0.001
人呼吸道合胞病毒	24(5.7)	18(3.4)	33(5.0)	149(26.0)	210.783	<0.001
百日咳鲍特菌	6(1.4)	66(12.4)	93(14.1)	22(3.8)	79.569	<0.001
人腺病毒	16(3.8)	24(4.5)	16(2.4)	77(13.4)	75.717	<0.001
乙型流感病毒	3(0.7)	0(0.0)	37(5.6)	88(15.3)	146.984	<0.001
甲型流感病毒	5(1.2)	0(0.0)	76(11.5)	13(2.3)	122.913	<0.001
咽峡炎链球菌	19(4.5)	24(4.5)	25(3.8)	12(2.1)	6.006	0.111
新型冠状病毒	17(4.0)	40(7.5)	8(1.2)	8(1.4)	45.480	<0.001

3 讨 论

儿童的免疫系统处于发育阶段,其对各种病原微生物的防御能力不同于成人。不同年龄段的儿童可能会因为免疫系统的成熟度差异而对特定呼吸道病原表现出不同的易感性,例如婴幼儿由于母传抗体的逐渐衰减和自身免疫功能尚未完全建立,可能更容易受到某些病原微生物的侵袭,如呼吸道合胞病毒和流感病毒^[9-11]。随着年龄的增长,儿童对某些病原微生物

的免疫力可能会增强,但同时也可能面临新的病原微生物挑战。季节变化对儿童呼吸道感染的影响也不容忽视。气温、湿度、日照时长等环境因素的季节性波动,以及人们在不同季节的行为模式改变(如室内聚集增多),都可能影响病原微生物传播效率和儿童感染风险^[12-13]。目前导致呼吸道感染的病原微生物主要为呼吸道合胞病毒、流感病毒、鼻病毒等,多种因素引起病毒基因漂移和基因转换,导致新亚型出

现,如严重急性呼吸综合征(SARS)病毒^[14-15]。不同病原微生物进入人体呼吸道后会产生不同表现,不同地区、不同年龄、不同季节发病特点不同,因此通过分析儿童呼吸道感染病原微生物检出情况及流行特征,对该区域预防、诊断和治疗呼吸道感染工作具有重要实践价值。

本研究结果显示,2 188 例患儿呼吸道感染病原微生物阳性率 98.5%(2 156/2 188),其中流感嗜血杆菌占比最高 33.5%(732/2 188),其次是鼻病毒占 25.0%(547/2 188)和卡他莫拉菌占 24.8%(543/2 188)。流感嗜血杆菌是引起儿童细菌性感染的常见病原微生物之一,是一种常见的鼻咽部定植菌,在特定条件下可以引发多种儿童上呼吸道感染,尤其是中耳炎^[16];鼻病毒主要通过空气飞沫传播,可导致感冒、鼻窦炎、咽炎等上呼吸道感染。卡他莫拉菌是一种革兰阴性杆菌,也是常见的上呼吸道病原微生物之一。它通常定植于上呼吸道,尤其在慢性支气管炎和慢性阻塞性肺疾病患者中较为常见。本研究与天津地区^[17]肺炎链球菌阳性率最高,海南地区^[18]肺炎支原体阳性率最高,以及张慧等^[19]研究指出呼吸道合胞病毒是兰州市严重急性呼吸道感染患儿阳性率最高的病毒的结果有所不同,考虑可能是因为主要流行病毒类型存在差异,且可能与气候、地理位置、社会等多种因素密切相关。且本研究结果显示,肺炎支原体中大环内酯类抗菌药物耐药菌株占肺炎支原体菌株的 90.5%(427/472),甲型流感病毒 H3N2 占甲型流感病毒的 88.3%(83/94),表明本研究中肺炎支原体对大环内酯类抗菌药物的耐药率高,值得被关注,甲型流感病毒中 H3N2 亚型为主要类型,可为临床用药选择及治疗提供参考。

本研究结果显示,除流感嗜血杆菌和人腺病毒外,其他呼吸道感染病原微生物阳性率在不同性别患儿比较差异无统计学意义($P>0.05$),这与苏小华等^[20]研究结果相似。总的来说,呼吸道感染病原微生物并不特定于某种性别,这些病原微生物在环境中广泛存在,并且具有高度的传染性,因此不同性别儿童存在相同感染风险。其次儿童免疫系统尚未完全成熟,不同性别儿童的免疫系统在对抗病原微生物感染时的基本机制是相似的,也就意味着性别本身并不明显影响病原微生物感染风险。此外,呼吸道感染病原微生物具有变异性,能适应不同宿主的免疫系统,故性别对病原微生物阳性率的影响不大。对于流感嗜血杆菌和人腺病毒在男性患儿中阳性率更高,分析原因可能是,流感嗜血杆菌和人腺病毒可能有特定的传播方式,使得男童更容易感染。某些病原微生物可能在男童之间的接触或某些活动中更为普遍,从而增加了感染风险。男童和女童日常活动和暴露的方式可能不同,某些病原微生物的传播可能更倾向于男童之间的接触或特定的行为模式,从而造成性别阳性率的

差异。

除人腺病毒、甲型流感病毒阳性率在不同年龄段比较差异无统计学意义($P>0.05$)外,其余病原微生物阳性率在不同年龄段患儿比较差异均有统计学意义($P<0.05$)。学龄前患儿病原微生物阳性率在不同年龄阶段中相对更高,阳性率较高的为流感嗜血杆菌、卡他莫拉菌、鼻病毒、金黄色葡萄球菌、肺炎链球菌等。分析原因为,3~6 岁学龄前儿童的免疫系统尚未完全发育成熟,对外界病原微生物的防御能力较弱,且这个年龄段儿童通常待在幼儿园等集体环境中,与其他儿童的密切接触增加了病原微生物传播机会,加上这类儿童呼吸道相对较窄,黏膜更脆弱,容易受到病原微生物感染的影响。学龄前儿童可能尚未完全养成良好的卫生习惯,如及时洗手、避免接触已感染的同龄人等。这些因素增加了呼吸道感染病原微生物的风险。此外,学龄前儿童还容易发生多种病原微生物混合感染。高丽娟等^[21]研究也指出,儿童下呼吸道病毒阳性率具有年龄特异性分布特征。因此,临床工作者应重点关注这一年龄段的儿童,采取有效的预防和治疗措施,以减少呼吸道感染的发生率,降低感染严重程度。

在病原微生物检出的季节分布方面,与以往研究不同,本研究发现呼吸道感染病原微生物的流行各有其季节性。张莉莉等^[22]研究发现,春季与夏季之交是腺病毒活跃的时候,儿童腺病毒肺炎全年均可发生,医院感染组与社区感染组均以春、夏季多见,其次多见于冬季,但本研究结果显示,腺病毒冬季阳性率最高,考虑可能是地区、环境的影响。本研究结果显示,流感嗜血杆菌阳性率在夏季最高,鼻病毒、卡他莫拉菌阳性率在春季最高,肺炎支原体阳性率在冬季最高等。根据不同季节不同病原微生物流行趋势,可以针对性制订相应的防护措施,应对高发季节的儿童呼吸道病原微生物感染。本研究也有不足之处,为单中心研究,且未对各病原微生物的发病机制进行探究,后续可以进一步扩展,进行多中心研究,并对病原微生物的发病机制进行深入探究。

综上所述,2 188 例儿童呼吸道感染病原微生物以流感嗜血杆菌、鼻病毒、卡他莫拉菌等混合病原微生物感染为主,学龄前儿童属于易感群体,病原微生物的流行各有其季节性,临床上应根据该特征制订有关防治措施,减少疾病发生率。

参考文献

- [1] SARFO J O, AMOADU M, GYAN T B, et al. Acute lower respiratory infections among children under five in Sub-Saharan Africa: a scoping review of prevalence and risk factors[J]. BMC Pediatr, 2023, 23(1): 225.
- [2] SETO W H, CONLY J M, PESSOA-SILVA C L, et al. Infection prevention and control measures for acute re-

spiratory infection in healthcare settings; an update[J]. East Mediterr Health J, 2020, 22(1): 39-47.

[3] ZHU G, XU D, ZHANG Y, et al. Epidemiological characteristics of four common respiratory viral infections in children[J]. Virol J, 2021, 18(1): 10.

[4] WILDMAN E, MICKIEWICZ B, VOGEL H J, et al. Metabolomics in pediatric lower respiratory tract infections and sepsis; a literature review[J]. Pediatr Res, 2023, 93(3): 492-502.

[5] LEVY C, PETTOELLO-MANTOVANI M, SOMEKH E, et al. Reassessing the paradigm for respiratory tract infections in European children[J]. J Pediatr, 2024, 264(1): 113775.

[6] KAFINTU-KWASHIE A A, NII-TREBI N I, OBODAI E, et al. Molecular epidemiological surveillance of viral agents of acute lower respiratory tract infections in children in Accra, Ghana[J]. BMC Pediatr, 2022, 22(1): 364.

[7] HAN S, XU B, FENG Q, et al. Multicenter analysis of epidemiological and clinical features of pediatric acute lower respiratory tract infections associated with common human coronaviruses in China, 2014 - 2019 [J]. Virol J, 2023, 20(1): 229.

[8] 江载芳, 申昆玲, 沈颖, 等. 诸福棠实用儿科学[M]. 8 版. 北京: 人民卫生出版社, 2015: 112-117.

[9] ZHU Y, LI W, YANG B, et al. Epidemiological and virological characteristics of respiratory tract infections in children during COVID-19 outbreak[J]. BMC Pediatr, 2021, 21(1): 195-202.

[10] COLLARO A J, MCELREA M S, MARCHANT J M, et al. The effect of early childhood respiratory infections and pneumonia on lifelong lung function; a systematic review [J]. Lancet Child Adolesc Health, 2023, 7(6): 429-440.

[11] BHURTEL R, POKHREL R P, KALAKHETI B. Acute respiratory infections among under-five children admitted in a tertiary hospital of nepal; a descriptive cross-sectional study[J]. JNMA J Nepal Med Assoc, 2022, 245(60): 17-21.

[12] CINAROGLU S. Prevalence of upper respiratory tract infections and associated factors among children in Turkey [J]. J Spec Pediatr Nurs, 2020, 25(1): e12276.

[13] CUI B, ZHANG D, PAN H, et al. Viral aetiology of acute respiratory infections among children and associated meteorological factors in southern China [J]. BMC Infect Dis, 2020, 16(20): 128-136.

[14] CIPTANINGTYAS V R, DE MAST Q, DE JONGE M I. The burden and etiology of lower respiratory tract infections in children under five years of age in Indonesia[J]. J Infect Dev Ctries, 2021, 15(5): 603-614.

[15] WADILO F, FELEKE A, GEBRE M, et al. Viral etiologies of lower respiratory tract infections in children < 5 years of age in Addis Ababa, Ethiopia; a prospective case-control study[J]. Virol J, 2023, 20(1): 163.

[16] WEN S, FENG D, CHEN D, et al. Molecular epidemiology and evolution of Haemophilus influenzae [J]. Infect Genet Evol, 2020, 80: 104205.

[17] 宗晓龙, 马利锋, 李真玉, 等. 2013—2018 年天津地区住院儿童急性呼吸道感染病原微生物流行特征分析[J]. 天津医药, 2020, 48(4): 313-319.

[18] 邓茜, 谭惠, 张雪梅, 等. 2012—2021 年海南地区儿童常见呼吸道病原微生物流行情况分析[J]. 临床儿科杂志, 2024, 42(4): 339-344.

[19] 张慧, 王馨, 徐丛杉, 等. 2011—2020 年兰州市住院严重急性呼吸道感染病例常见呼吸道病毒监测结果分析[J]. 中华实验和临床病毒学杂志, 2022, 36(1): 59-64.

[20] 苏小华, 程庆秋, 曾小媚, 等. 某院儿童急性呼吸道感染病毒流行特点分析[J]. 检验医学与临床, 2022, 19(22): 3103-3106.

[21] 高丽娟, 金肖, 赖灵巧, 等. 1 652 例患儿下呼吸道感染病毒谱及流行病学特征调查[J]. 中国病原生物学杂志, 2023, 18(4): 443-446.

[22] 张莉莉, 柳柳颐, 石丽娟, 等. 2011—2020 年儿童腺病毒医院感染的临床特征[J]. 中国感染控制杂志, 2023, 22(1): 1-6.

(收稿日期: 2024-09-02 修回日期: 2024-12-18)

(上接第 805 页)

[18] WEIERGRÄBER O H, PETROVIC D, KISLAT A, et al. Structure and dynamics of human chemokine CCL16-implications for biological activity[J]. Biomolecules, 2022, 12(11): 1588.

[19] 龙光文, 张谦, 杨秀林, 等. miR-141-3p 靶向调控 HMGB1 对 LPS 诱导的 A549 细胞损伤的影响[J]. 安徽医科大学学报, 2024, 59(1): 85-91.

[20] 谢绍承, 章向成. 急性呼吸窘迫综合征中 HMGB1 通路及作用靶点研究进展[J]. 临床肺科杂志, 2023, 28(4): 605-609.

[21] 王慧, 龚园其, 周仪华, 等. 青藤碱调控 Nrf2/Keap1 信号通路对脓毒症急性肺损伤的改善作用[J]. 实用医学杂志, 2022, 38(15): 1896-1900.

[22] 李昭伦, 孙文静, 刘晓明, 等. 茯苓酸通过 Keap1-Nrf2/HO-1 途径抑制铁死亡缓解脂多糖诱导的肺损伤[J]. 临床肺科杂志, 2024, 29(6): 888-893.

[23] ZHOU L, LIN Y, ZHOU T, et al. Evidence that a novel chalcone derivative, compound 27, acts on the epithelium via the PI3K/AKT/Nrf2-Keap1 signaling pathway, to mitigate LPS-induced acute lung injury in mice [J]. Inflammation, 2024, 5(24): 1-10.

[24] 孔凯文, 孟岩. Nrf2/HO-1 信号通路在急性肺损伤中的研究进展[J]. 东南国防医药, 2022, 24(6): 646-651.

[25] 龙光文, 张谦, 杨秀林, 等. miR-141-3p 通过调节 Keap1-NRF2/ARE 信号通路对急性呼吸窘迫综合征大鼠肺纤维化的影响[J]. 天津医药, 2023, 51(12): 1300-1307.

(收稿日期: 2024-08-11 修回日期: 2024-12-25)