

• 论 著 •

兰州地区乙型及丙型病毒性肝炎基因型分布研究*

刘泽菁¹, 刘欣跃¹, 吴雪², 张尚弟^{1△}

兰州大学第二医院: 1. 检验医学中心; 2. 心内科, 甘肃兰州 730030

摘要:目的 探讨兰州地区乙型肝炎病毒(HBV)与丙型肝炎病毒(HCV)基因型分布特点。方法 采用 PCR-荧光探针法对 2018 年 1 月至 2023 年 8 月在该院就诊的 1 130 例 HBV 感染者、1 781 例 HCV 感染者进行基因型检测。采用 SPSS26.0 统计学软件进行数据分析。结果 HBV 感染者基因型分布以 C 型最多, 为 925 例(82.0%), 其次为 B 型 124 例(11.0%); B、C、D 基因型间患者性别分布比较, 差异无统计学意义($\chi^2=3.66$, $P=0.09$), 而在各年龄段患者中比较, 差异有统计学意义($\chi^2=33.88$, $P=0.01$)。HCV 感染者基因型分布主要为 2a 型 930 例(52.2%), 其次为 1b 型 737 例(41.4%); 各基因型间患者性别分布比较, 差异有统计学意义($\chi^2=46.31$, $P=0.01$); 各年龄段患者 1b、2a 基因型分布比较, 差异有统计学意义($\chi^2=18.36$, $P=0.01$)。结论 在兰州地区病毒性肝炎患者中, HBV C 型与 HCV 2a 型为主要感染基因型; HBV B、C、D 型分布与年龄有关; HCV 各基因型分布与性别有关, HCV 1b、2a 型分布因年龄不同而有差异。

关键词: 乙型肝炎病毒; 丙型肝炎病毒; 基因型**DOI:** 10.3969/j.issn.1673-4130.2024.11.002**中图法分类号:** R575.1**文章编号:** 1673-4130(2024)11-1285-04**文献标志码:** A

Study on genotype distribution of hepatitis B and C in Lanzhou*

LIU Zeping¹, LIU Xinyue¹, WU Xue², ZHANG Shangdi^{1△}

1. Department of Laboratory Medicine Center; 2. Department of Cardiology, the Second Hospital of Lanzhou University, Lanzhou, Gansu 730030, China

Abstract: **Objective** To investigate the genotype distribution characteristics of hepatitis B virus (HBV) and hepatitis C virus (HCV) in Lanzhou. **Methods** From January 2018 to August 2023, 1 130 patients with HBV infection and 1 781 patients with HCV infection in the hospital were genotyped by PCR-fluorescent probe method. SPSS26.0 statistical software was used to analyze the data. **Results** Genotype C was the most common genotype (925 cases, 82.0%), followed by genotype B (124 cases, 11.0%). There was no significant difference in gender distribution among genotypes B, C and D ($\chi^2=3.66$, $P=0.09$), but there was significant difference among different age groups ($\chi^2=33.88$, $P=0.01$). Genotype 2a was the most common genotype (930 cases, 52.2%), followed by genotype 1b (737 cases, 41.4%). There was significant difference in gender distribution among different genotypes ($\chi^2=46.31$, $P=0.01$). There were significant differences in the distribution of genotype 1b and 2a among different age groups ($\chi^2=18.36$, $P=0.01$). **Conclusion** HBV C genotype and HCV 2a genotype are the main infection genotypes in patients with viral hepatitis in Lanzhou. The distribution of HBV genotypes B, C and D was related to age. The distribution of HCV genotypes was related to gender, and the distribution of HCV 1b and 2a genotypes was different with age.

Key words: hepatitis B virus; hepatitis C virus; genotype

病毒性肝炎已经成为了世界性的公共卫生问题。2019 年全球现存慢性病毒性肝炎患者约有 3.5 亿例^[1]。乙型病毒性肝炎(乙型肝炎)与丙型病毒性肝炎(丙型肝炎)为我国最常见的两种病毒性肝炎^[2-3]。乙型肝炎病毒(HBV)基因组由一段长度为 3.2 kb 的环状 DNA 组成, 由于其复制时缺乏校对特征, 在复制过程中会发生基因突变, 产生不同基因型^[4]。目前已有近 10 种 HBV 基因型及亚型被发现, 分析乙型肝炎

患者 HBV 基因型对患者的临床治疗及疾病转归预测均有重要意义^[5]。丙型肝炎病毒(HCV)是一种 RNA 病毒, 由于其病毒特征, HCV 基因组亦呈现高度异质性, 主要分为 6 个基因型^[6]。HCV 不同基因型造成患者肝脏损伤程度不同, 且不同基因型间患者的治疗方案及疗效也有差异^[7]。一些研究表明, HBV 基因型与 HCV 基因型分布有很大地理性差异^[8-10]。HBV 基因型北方地区以 C 型为主, 而南方地区以 B 型为

* 基金项目: 国家自然科学基金项目(32060231); 兰州大学第二医院“萃英科技创新”计划项目——临床拔尖技术研究(CY2021-BJ-A17)。

作者简介: 刘泽菁, 女, 主管技师, 主要从事分子生物学、药物基因组学研究。△ 通信作者, E-mail: zhangsd1985@126.com。

主^[8];HCV 基因型目前北方以 2、3 型为主,南方以 1b 型更为常见^[10]。目前兰州地区缺乏此类数据研究,因此本研究旨在分析本地区 HBV 及 HCV 基因型分布特征,为本地区患者病情评估及临床防治提供依据。

1 资料与方法

1.1 一般资料 收集 2018 年 1 月至 2023 年 8 月在兰州大学第二医院(下称本院)就诊的 1 130 例 HBV 感染者(HBV-DNA $\geq 1.00 \times 10^3$ IU/mL)、1 781 例 HCV 感染者(HCV-RNA $\geq 1.00 \times 10^3$ IU/mL)的临床资料并进行数据分析。所有 HBV、HCV 感染者的诊断均符合中国《慢性乙型肝炎防治指南(2022 年版)》^[9]与《丙型肝炎防治指南(2022 年版)》^[10]制订的标准。所有纳入本研究的患者均知情同意,并且本研究获得本院伦理委员会批准(2023A-459)。HBV 感染者中,男 612 例、女 518 例,年龄 1~77 岁,平均(35.5 \pm 12.5)岁。HCV 感染者中,男 906 例,女 875 例,年龄 3~89 岁,平均(52.9 \pm 13.6)岁。

1.2 仪器与试剂 Rotor-Gene Q 实时荧光定量 PCR 仪,HBV、HCV 病毒基因型检测试剂盒[PCR-荧光探针法,厦门泰普生物科学(中国)有限公司]。

1.3 方法

1.3.1 标本采集 采用无菌真空采血管,抽取 HBV 感染者外周静脉血 3 mL(采用 EDTA-K₂ 抗凝)、HCV 感染者外周静脉血 3 mL(采用枸橼酸钠抗凝),3 500 r/min 离心 5 min,分离血浆至 1.5 mL 离心管中,于冰箱-20℃冷冻保存,用于后续分型(分型于 5 d 内完成)。纳入标准:HBV 感染者 HBV-DNA $\geq 1.00 \times 10^3$ IU/mL,未合并包括甲型肝炎、丙型肝炎、戊型肝炎等在内的其他病毒性肝炎;HCV 感染者 HCV-RNA $\geq 1.00 \times 10^3$ IU/mL,未合并包括甲型肝炎、乙型肝炎、戊型肝炎等在内的其他病毒性肝炎。

1.3.2 HBV、HCV 基因型 采用 PCR 结合 Taqman 荧光探针技术,应用 Rotor-Gene Q 实时荧光定量 PCR 仪,扩增相应型别 HBV 基因组目的片段,扩增反应同时将特异性荧光探针水解而释放基团,通过分析产生的荧光信号而进行 HBV 分型检测;运用一步法实时荧光定量 PCR 技术和 Taqman 荧光探针技术,应用 Rotor-Gene Q 实时荧光定量 PCR 仪,在扩增 HCV 亚型保守区基因的部分片段的同时,实时检测 HCV 亚型特异性探针的荧光信号,从而对患者 HCV 进行分型。

1.4 观察指标 观察不同性别、年龄 HBV、HCV 感染者各基因型分布情况。

1.5 统计学处理 采用 SPSS26.0 统计学软件进行数据分析。计数资料以例数和百分率表示,各基因型组间比较采用 χ^2 检验或 Fisher 精确检验。以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结 果

2.1 HBV 基因型与 HCV 基因型分布情况 1 130 例 HBV 感染者基因型分布为 B 型 124 例(10.8%),

C 型 925 例(82.0%),D 型 43 例(3.8%),B+C 混合型 35 例(3.1%),B+D 混合型 1 例(0.1%),C+D 混合型 2 例(0.2%);HBV 感染者中 C 型为主要感染的基因型。1 781 例 HCV 感染者基因型分布为 1a 型 4 例(0.2%),1b 型 737 例(41.4%),2a 型 930 例(52.2%),2b 型 1 例(0.1%),3a 型 45 例(2.5%),3b 型 49 例(2.8%),6a 型 11 例(0.6%),6n 型 1 例(0.1%),1b+2a 混合型 2 例(0.1%),2a+6a 混合型 1 例(0.1%);HCV 感染者中 2a 型为主要感染的基因型,其次为 1b 型。

2.2 不同性别患者 HBV 基因型、HCV 基因型分布情况分析 1 130 例 HBV 感染者基因型在不同性别患者中的分布情况为:B 型 男 78 例,女 46 例;C 型 男 492 例,女 433 例;D 型 男 21 例,女 22 例;B+C 型 男 19 例,女 16 例;B+D 型 男 1 例,女性无;C+D 型 男 1 例,女 1 例;B、C、D 基因型间患者性别分布比较,差异无统计学意义($\chi^2 = 3.66, P = 0.09$)。1 781 例 HCV 感染者基因型在不同性别患者中的分布情况为:1a 型 男 1 例,女 3 例;1b 型 男 381 例,女 356 例;2a 型 男 437 例,女 493 例;2b 型 男 1 例,女性无;3a 型 男 37 例,女 8 例;3b 型 男 39 例,女 10 例;6a 型 男 8 例,女 3 例;6n 型 男 1 例,女性无;1b+2a 型 男 1 例,女 1 例;2a+6a 型 男性无,女 1 例;1a、1b、2a、2b、3a、3b、6a、6n 基因型间患者性别分布比较,差异有统计学意义($\chi^2 = 46.31, P = 0.01$)。

2.3 不同年龄段患者 HBV、HCV 基因型分布情况分析 各年龄段 HBV 感染者中 B、C、D 基因型分布比较,差异有统计学意义($\chi^2 = 33.88, P = 0.01$);20~<40 岁患者感染人数较其他年龄段患者更多;各年龄段检出的基因型均以 C 型为主,其次为 B 型,D 型最少;B+C 混合型较其余两种混合型更为常见,见表 1。HCV 感染者基因型在不同年龄段的分布情况如表 2 所示,<20 岁年龄段感染人数最少,40~<60 岁年龄段感染人数最多,其次为 ≥ 60 岁年龄段;所有年龄段感染 HCV 基因型均以 1b 及 2a 为主;除 1b、2a 型外,<20 岁年龄段因感染人数总体较少,仅有 1 例 3a 型,20~<40 岁年龄段可见 3a、3b、6a 型且占比较低,40~<60 岁年龄段可见 1a、2b、3a、3b、6a 型且占比较低, ≥ 60 岁年龄段可见 1a、2b、3a、3b 且占比较低;各年龄段患者 1b、2a 基因型分布相比较差异有统计学意义($\chi^2 = 18.36, P = 0.01$)。

表 1 不同年龄段中 HBV 基因型分布情况[n(%)]

基因型	<20 岁	20~<40 岁	40~<60 岁	≥ 60 岁
B	2(2.3)	63(9.5)	51(15.0)	8(20.5)
C	78(90.7)	563(84.7)	260(76.5)	24(61.5)
D	2(2.3)	18(2.7)	17(5.0)	6(15.4)
B+C	3(3.5)	20(3.0)	11(3.2)	1(2.6)
B+D	0(0.0)	0(0.0)	1(0.3)	0(0.0)
C+D	1(1.2)	1(0.1)	0(0.0)	0(0.0)

表 2 不同年龄段中 HCV 基因型分布情况[n(%)]				
基因型	<20 岁	20~<40 岁	40~<60 岁	≥60 岁
1a	0(0.0)	0(0.0)	3(0.3)	1(0.2)
1b	8(44.4)	138(51.9)	382(39.7)	209(39.1)
2a	9(50.0)	109(41.0)	493(51.2)	319(59.7)
2b	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	1(0.2)
3a	1(5.6)	7(2.6)	36(3.7)	1(0.2)
3b	0(0.0)	5(1.9)	42(4.4)	2(0.4)
6a	0(0.0)	6(2.3)	5(0.5)	0(0.0)
6n	0(0.0)	0(0.0)	1(0.1)	0(0.0)
1b+2a	0(0.0)	1(0.4)	0(0.0)	1(0.2)
2a+6a	0(0.0)	0(0.0)	1(0.1)	0(0.0)

3 讨 论

据我国病毒性肝炎防控预估,2019 年 HBV 感染者的诊断率与治疗率分别为 25%与 17%;而 HCV 感染者的诊断率与治疗率分别为 30%与 9%;这与实现 2030 年病毒性肝炎诊断率达到 90%、治疗率达到 80%的目标还有较大的差距^[11]。崔富强等^[12]指出,相当庞大的一部分慢性 HBV/HCV 感染者得不到及时地诊断、治疗和关怀,且公众对病毒性肝炎缺乏科学认知。

甘肃省位于我国西部地区,HBV 感染率居于全国第二位^[2,13]。2002 年,我国将 HBV 疫苗纳入计划免疫中,新生儿出生时免费接种 HBV 疫苗,极大地提升了 HBV 疫苗的接种率(目前接种率已超过 98%)。然而,由于疫苗逃逸变异型 HBV 在亚洲地区很常见,HBV 感染的人数依旧在持续不断的上升^[14]。不同地域、种族间 HBV 基因型分布具有差异,之前研究表明,HBV 感染率除了与人群生活方式、免疫状况,以及主要传播途径具有相关性之外,还与 HBV 基因型、基因变异等有关^[8]。本研究中,20~<40 岁年龄段 HBV 感染者占比最多,除生活方式,传播途径等影响因素外,是否提示本地区人群中存在疫苗逃逸变异型 HBV 流行,需进一步研究寻找证据;男性 HBV 感染者多于女性,可能与男性饮食结构、吸烟饮酒等生活习惯有关。之前有研究表明,我国流行的 HBV 基因型主要为 B、C 型,分别占 40.0%和 51.0%,A、D 型也可检测到但占比较低,分别占 1.5%和 8.4%;因南北地域差异,基因型分布也存在差异:我国北方地区以 C 型为主,约为 81.6%,而南方地区 B 型较为多见,C 型较少,中部地区基因型分布受周边国家及地区影响较小,以 B 型为主^[2,8,15]。此外,不同基因型的 HBV 感染者的治疗方法及管理模式也有所不同^[16],有研究表明,轻症肝病,如急性肝炎、携带 HBV 的慢性无症状感染者多检出 B 型,而 C 型常见于重症肝病,如肝硬化、肝细胞癌等患者^[17-18]。本研究表明,甘肃省兰州地区 HBV 感染者常见基因型为 C 型,其次为 B 型,这与 BELLO 等^[15]对亚洲 HBV 感染者基因型分

布的一项荟萃研究分析一致,提示甘肃省 HBV 感染人群应警惕病情发展为重症肝病或肝癌的可能;本研究中,B+C 混合型较检出的其余两种混合型更为常见,可能由于 HBV 感染者中病毒性肝炎肝硬化高发增加了 HBV 基因型重组概率^[19];男性感染者中检出 B 型的概率明显高于女性,提示男性可能更易感 B 型 HBV,需后续进一步深入研究后作出客观判断。本研究对甘肃省兰州地区 HBV 感染者基因型分布情况进行了探讨分析,为本地区 HBV 流行情况提供了数据支持,为 HBV 感染者个体化治疗及病情进展预后提供新思路。

丙型肝炎急性感染后有 55%~85%的患者可转变成慢性丙型肝炎患者,一部分慢性感染患者最终进展为肝硬化或肝细胞癌,成为 HCV 感染的主要死因^[20]。为实现世界卫生组织提出的“2030 年消除病毒性肝炎作为公共卫生威胁”的目标^[13],最新指南推荐慢性 HCV 感染者采用的泛基因型方案,在已知主要基因型、亚型的 HCV 感染者中能达到 90%以上的持续病毒学应答^[10]。之前研究表明,我国西部 HCV 2 和 3 型比例高于全国平均比例而 HCV 1 型低于全国平均比例,长江以南地区 HCV 感染以 1b 型为主,而北方主要感染基因型为 1b、2a、1b、2a 型,其主要传播途径为血液传播^[10,20];3 型、6 型较少见,但近年来在云贵川等西南地区呈现增长的趋势,可能与境外输入或静脉吸毒传播相关^[9,21]。本研究中,HCV 感染者中 2a 型为主要感染的基因型,其次为 1b 型,3 型也占有少许比例,1a、2b、6n 型相比较更为罕见,这之前研究基本符合^[10],推测兰州地区 HCV 感染者感染途径以血液传播为主,也有少部分可能为外来人口流动或通过静脉吸毒传播。本研究中,HCV 感染的男性和女性人数相差不大,但 HCV 基因型因性别和年龄不同而有差异。2 型感染在女性中比男性更常见;1a/2b 型男女性感染人数相差不大,但 3 型感染者明显男性高于女性,推测通过静脉吸毒的传播者以男性居多,但缺乏相关数据支持,需进一步研究寻找证据。40 岁以下感染人群明显低于 40 岁以上感染人群,与年龄相关的结果差异可能与传播途径有关。40~<60 岁年龄段感染人群数量最为庞大,可能因为该年龄段感染途径更为复杂;≥60 岁年龄段患者可能主要通过输血感染 HCV。本项研究更新了甘肃省兰州地区 HCV 感染者的基因型分布特征数据,为 HCV 感染者个体化治疗及预防提供了有利信息。

综上所述,在甘肃省兰州地区病毒性肝炎患者中,HBV C 型与 HCV 2a 型为近年主流感染基因型,今后应持续关注病毒性肝炎各基因型流行演变情况,深入研究,对本地区病毒性肝炎防治提供数据支持。

参考文献

[1] 吴晓宁,尤红,贾继东,等.迈向再无病毒性肝炎威胁的 2030[J].肝脏,2023,28(1):28-30.

- [2] 张国民, 缪宁, 郑徽, 等. 中国 2005—2016 年乙型病毒性肝炎报告发病的年龄和地区特征[J]. 中国疫苗和免疫, 2018, 24(2): 121-126.
- [3] 李健, 庞琳, 王晓春, 等. 中国丙型肝炎防治进展与展望[J]. 中国艾滋病性病, 2022, 28(7): 761-765.
- [4] NASSER N, TONNERRE P, MANSOURI A, et al. Hepatitis-B virus: replication cycle, targets, and antiviral approaches[J]. Curr Opin Virol, 2023, 63: 101360.
- [5] LIN C L, KAO J H. The clinical implications of hepatitis B virus genotype: recent advances [J]. J Gastroenterol Hepatol, 2011, 26(1): 123-130.
- [6] SIMMONDS P, BUKH J, COMBET C, et al. Consensus proposals for a unified system of nomenclature of hepatitis C virus genotypes[J]. Hepatology, 2005, 42(4): 962-973.
- [7] 王琛琛, 郭晓静, 王皓, 等. 洛阳市某三甲医院丙型肝炎病毒基因分型研究[J]. 中华传染病杂志, 2018, 36(1): 45-46.
- [8] 卢志华, 张洪彬, 黄文滨, 等. 福建省闽西地区乙肝病毒基因分型与临床指标的相关性分析[J]. 中国卫生标准管理, 2022, (12): 1-4.
- [9] 尤红, 王福生, 李太生, 等. 慢性乙型肝炎防治指南(2022 年版)[J]. 实用肝脏病杂志, 2023, 26(03): 457-478.
- [10] 中华医学会肝病学会, 中华医学会感染病学分会. 丙型肝炎防治指南(2022 年版)[J]. 中华传染病杂志, 2023, 41(1): 29-46.
- [11] 崔富强, 庄辉. 中国建国以来防控病毒性肝炎工作进展[J]. 中华肝脏病杂志, 2021, 29(8): 725-731.
- [12] 崔富强, 王富珍, 郑徽, 等. 大力推动我国实现消除病毒性肝炎公共卫生威胁的目标[J]. 中华流行病学杂志, 2021, 42(9): 1523-1526.
- [13] CUI F Q, BLACH S, MINGIEDI C M, et al. Global reporting of progress towards elimination of hepatitis B and hepatitis C [J]. Lancet Gastroenterol Hepatol, 2023, 8(4): 332-342.
- [14] KIM H, JEE Y M, SONG B C, et al. Molecular epidemiology of hepatitis B virus (HBV) genotypes and serotypes in patients with chronic HBV infection in Korea[J]. Intervirology, 2007, 50(1): 52-57.
- [15] BELLO K E, JUSOH T N A M, IREKEOLA A A, et al. A recent prevalence of hepatitis B virus (HBV) genotypes and subtypes in asia: a systematic review and meta-analysis[J]. Healthcare (Basel), 2023, 11(7): 1011.
- [16] UTAMA A, OCTAVIA T I, DHENNI R, et al. Hepatitis B virus genotypes/subgenotypes in voluntary blood donors in Makassar, South Sulawesi, Indonesia[J]. Virol J, 2009, 6: 128.
- [17] 毛菊珍, 张静, 刘广印, 等. HBV 感染不同时期基因分型和 P 基因区点突变及其意义[J]. 临床检验杂志, 2012, 30(8): 586-588.
- [18] 谢佳新, 丁一波, 张丽, 等. 乙肝病毒前 S 基因变异与乙型肝炎硬化的相关性研究[J]. 实用预防医学, 2020, 27(5): 547-550.
- [19] BELLO K E, IREKEOLA A A, AL-MHANNA S B, et al. Prevalence of spontaneous bacterial peritonitis (SBP) in hepatitis B (HBV), and hepatitis C (HCV) liver cirrhosis: a systematic review and meta-analysis[J]. Healthcare (Basel), 2023, 11(2): 275.
- [20] 陈久凯, 张战锋, 刘玥, 等. HCV-RNA, 抗-HCV, 肝功能指标对丙型肝炎的临床诊断价值[J]. 国际检验医学杂志, 2021, 42(16): 1997-2000.
- [21] 杨宏, 排云珍, 章银娣, 等. 云南德宏地区丙型肝炎病毒基因分型特点分析[J]. 中国感染与化疗杂志, 2021, 21(5): 566-569.

(收稿日期: 2023-10-26 修回日期: 2024-03-08)

(上接第 1284 页)

- [9] LII T R, AGGARWAL A K. Comparison of intravenous lidocaine versus epidural anesthesia for traumatic rib fracture pain: a retrospective cohort study[J]. Reg Anesth Pain Med, 2020, 45(8): 628-633.
- [10] SHEETS N W, DAVIS J W, DIRKS R C, et al. Intercostal nerve block with liposomal bupivacaine vs epidural analgesia for the treatment of traumatic rib fracture[J]. J Am Coll Surg, 2020, 231(1): 150-154.
- [11] FLAATEN N, DYKE G. First rib fracture: still a marker of trauma severity[J]. Emerg Med Australas, 2022, 34(5): 808-811.
- [12] 辛少伟, 王涛, 辛向兵, 等. 电视胸腔镜治疗创伤性血胸后并发症发生的危险因素分析[J]. 中华创伤杂志, 2020, 36(7): 619-623.
- [13] 辛少伟, 王涛, 辛向兵, 等. 创伤性血胸观察治疗失败的危险因素分析[J]. 中华胸心血管外科杂志, 2020, 36(1): 22-25.
- [14] KELLY-SCHUETTE K A, PRENTICE A, ORR A, et al. Rib fracture mortality: are there clues in the core[J]. J Surg Res, 2021, 268: 26825-26832.
- [15] DELONEY L P, CONDANI M S, CARTER C, et al. Efficacy of methocarbamol for acute pain management in young adults with traumatic rib fractures[J]. Ann Pharmacother, 2021, 55(6): 705-710.
- [16] SEDAGHAT N, CHIONG C, TIAHJONO R, et al. Early outcomes of surgical stabilisation of traumatic rib fractures: single-center review with a real-world evidence perspective[J]. J Surg Res, 2021, 264: 222-229.
- [17] ETO K, MIYAMOTO Y, KIOKA Y, et al. Successful surgical repair of traumatic aortic dissection utilizing the Najuta stent graft in a patient with pre-existing situs inversus and anomalous neck vessels[J]. Asian Cardiovasc Thorac Ann, 2022, 30(4): 486-489.
- [18] BAKKER M E, BON V J J, HUYBRECHTS B P M, et al. Kinesiotaping for acute pain due to uncomplicated traumatic injury of the shoulder or chest wall[J]. Am J Emerg Med, 2022, 58: 197-202.

(收稿日期: 2023-11-03 修回日期: 2024-02-12)