

· 论 著 ·

# 兰州地区乙型及丙型病毒性肝炎基因型分布研究<sup>\*</sup>

刘泽菁<sup>1</sup>, 刘欣跃<sup>1</sup>, 吴 雪<sup>2</sup>, 张尚弟<sup>1△</sup>

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1130例HBV感染者、1781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**文章编号:**1673-4130(2024)11-1285-04**中图法分类号:**R575.1**文献标志码:**A

## Study on genotype distribution of hepatitis B and C in Lanzhou<sup>\*</sup>

LIU Zejing<sup>1</sup>, LIU Xinyue<sup>1</sup>, WU Xue<sup>2</sup>, ZHANG Shangdi<sup>1△</sup>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, 1130 patients with HBV infection and 1781 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<sup>[1]</sup>。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<sup>[2-3]</sup>。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<sup>[4]</sup>。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<sup>[5]</sup>。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<sup>[6]</sup>。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<sup>[7]</sup>。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<sup>[8-10]</sup>。HBV基因型北方地区以C型为主,而南方地区以B型为

<sup>\*</sup> 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<sup>[8]</sup>; HCV 基因型目前北方以 2、3 型为主,南方以 1b 型更为常见<sup>[10]</sup>。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 $\geqslant 1.00 \times 10^3$  IU/mL)、1 781 例 HCV 感染者(HCV-RNA $\geqslant 1.00 \times 10^3$  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)》<sup>[9]</sup>与《丙型肝炎防治指南(2022 年版)》<sup>[10]</sup>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±12.5)岁。HCV 感染者中,男 906 例,女 875 例,年龄 3~89 岁,平均(52.9±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-K<sub>2</sub> 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 $\geqslant 1.00 \times 10^3$  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 $\geqslant 1.00 \times 10^3$  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  $\chi^2$  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 愄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统估,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<sup>[11]</sup>。崔富强等<sup>[12]</sup>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<sup>[2,13]</sup>。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<sup>[14]</sup>。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<sup>[8]</sup>。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<sup>[2,8,15]</sup>。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<sup>[16]</sup>,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<sup>[17-18]</sup>。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<sup>[15]</sup>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<sup>[19]</sup>;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<sup>[20]</sup>。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<sup>[13]</sup>,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<sup>[10]</sup>。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<sup>[10,20]</sup>;3 型、6 型较少见,但近年来在云贵州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<sup>[9,21]</sup>。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,这与之前研究基本符合<sup>[10]</sup>,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] 中华医学会肝病学分会, 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 基因变异与乙肝肝硬化的相关性研究[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, CONDENI 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, TJAHHONO 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)