

新型冠状病毒感染疫情前后急性呼吸道感染病例中季节性人冠状病毒流行特征分析

周雨晴, 张露, 霍雨佳, 张雪纯, 王筱, 赵冰

1. 上海市浦东新区疾病预防控制中心(上海市浦东新区卫生健康监督所)微生物检测实验室, 上海 200136

摘要:目的 了解新型冠状病毒感染疫情前后上海市部分医疗机构急性呼吸道感染病例中季节性人冠状病毒(seasonal human coronavirus, sHCoV) 感染情况 方法 回顾性分析 2016 年 1 月—2023 年 12 月上海市浦东新区 9 家医疗机构采集的 11 794 例急性呼吸道感染病例的呼吸道样本, 采用多重 PCR 法检测 sHCoV 并通过 χ^2 检验比较疫情前、疫情期间以及疫情后三个时期的检出率差异, 分析其流行特征变化。结果 11 794 例呼吸道样本中, 8 种常见呼吸道病毒的总检出率在疫情期间以及疫情后均显著下降, sHCoV 总检出率为 3.47% (409/11 794), 疫情期间下降至 1.58% (55/2 259), 疫情后下降至 1.42% (32/3 482) ($P < 0.001$)。疫情前 sHCoV 呈现全年散发且流行集中在 3—9 月, 疫情期间流行高峰推迟至 7—12 月, 疫情后全年均有检出且未发现明显季节性流行高峰。疫情前四种 sHCoV 呈交替流行, 以 HCoV-NL63 检出率最高并在疫情期间保持稳定, 疫情后则以 HCoV-229E 为主, 不同 sHCoV 流行特征均发生变化, 其中 HCoV-229E 由双峰分布转为单峰, 疫情后再次出现双峰; HCoV-HKU1 和 HCoV-OC43 的流行高峰均向后推移了 5~8 个月, 而 HCoV-NL63 在疫情后未被检出。结论 新型冠状病毒感染可能影响了 sHCoV 的传播规律, 疫情后 sHCoV 发生检出率下降、季节性高峰推迟及亚型构成等变化, 持续监测其长期动态, 可为呼吸道感染疾病的防控策略提供科学依据。

关键词: 流行病学; 检出率; 人冠状病毒

中图分类号: R183 文献标志码: A 文章编号: 1003-8507(2025)17-3258-07

DOI: 10.20043/j.cnki.MPM.202502150

Epidemic characteristics of seasonal human coronaviruses in acute respiratory infection cases before and after the COVID-19 pandemic

ZHOU Yu-qing, ZHANG Lu, HUO Yu-jia, ZHANG Xue-chun, WANG Xiao, ZHAO Bing

Microbiology Testing Laboratory, Shanghai Pudong New Area Center for Disease Control and Prevention (Shanghai Pudong New Area Health Supervision Institute), Shanghai 200136, China

Abstract: Objective To investigate the prevalence of seasonal human coronaviruses (sHCoV) in acute respiratory infection cases in selected medical institutions in Shanghai before and after the COVID-19 pandemic. **Methods** A retrospective analysis was conducted on respiratory samples from 11 794 acute respiratory infection cases collected between January 2016 and December 2023 at nine medical institutions. Multiplex PCR was used to detect sHCoV, and the χ^2 tests were performed to compare detection rates across three periods (pre-pandemic, during the pandemic, and post-pandemic) and to assess changes in epidemic characteristics. **Results** Among the 11 794 respiratory samples, the overall detection rate of eight common respiratory viruses declined significantly during and after the pandemic. The overall detection rate of sHCoV was 3.47% (409/11 794), decreasing to 1.58% (55/2 259) during the pandemic and further to 1.42% (32/3 482) post-pandemic ($P < 0.001$). Before the pandemic, sHCoV circulated year-round, with peak activity from March to September. During the pandemic, the peak shifted to July–December, whereas post-pandemic, detections were observed throughout the year without a clear seasonal peak. Before the pandemic, the four sHCoV subtypes circulated alternately, with HCoV-NL63 being the most prevalent and remaining stable during the pandemic. However, post-pandemic, HCoV-229E became dominant, and subtype-specific trends shifted. Notably, HCoV-229E transitioned from a biphasic to a monophasic pattern, and re-emerging with a biphasic trend post-pandemic. The peak circulation periods of HCoV-HKU1 and HCoV-OC43 were delayed by 5–8 months, whereas HCoV-NL63 was not detected in the post-pandemic period. **Conclusion** The COVID-19 pandemic may have influenced the transmission patterns of sHCoV. After the pandemic, there was a decrease in the detection rate of sHCoV, a

基金项目: 上海市加强公共卫生体系建设三年行动计划(2023–2025 年)重点学科(GWVI-11.1-02- 传染病学)

作者简介: 周雨晴(1999—), 女, 硕士在读, 技师, 研究方向: 病毒病原研究

通信作者: 赵冰, E-mail: zerg8424@hotmail.com

delayed seasonal peak, and changes in the viral subtype composition. Continued monitoring of these trends is essential to provide scientific support for respiratory infection prevention and control strategies.

Keywords: Epidemiology; Detection rate; Human coronavirus

急性呼吸道感染(acute respiratory infection, ARI)是导致人类重症和致死性疾病的主要病因之一^[1],约 70%~80%的 ARI 由病毒引起^[2]。其中,人冠状病毒(human coronavirus, HCoV)是引起人类 ARI 的主要病原体^[3]。HCoV 最早于 20 世纪 60 年代被发现,包括四种季节性冠状病毒(seasonal human coronavirus, sHCoV),即 HCoV-OC43、HCoV-NL63、HCoV-229E、HCoV-HKU1,以及三种高致病性冠状病毒,即严重急性呼吸综合征冠状病毒(severe acute respiratory syndrome coronavirus, SARS-CoV)、MERS-CoV 和引发 2019 年新型冠状病毒感染疫情(Coronavirus Disease 2019, COVID-19)的新型冠状病毒(SARS-CoV-2)^[4],严重威胁人类健康,对全球公共卫生与社会经济发展造成巨大影响。

尽管目前 SARS-CoV-2 已进入地方性流行阶段,其症状普遍较为轻微,但其季节性流行模式仍然对公共卫生带来挑战^[5]。而作为与 SARS-CoV-2 同属冠状病毒科的 sHCoV,其流行特征和变化模式的研究相对较少,尤其是在当前 COVID-19 广泛影响其它常见呼吸道病毒季节性特征背景下^[6-7]。已有研究表明,COVID-19 显著改变了呼吸道病毒的流行模式。例如国外监测数据显示,原本预期 1—3 月的流感高峰推迟至 5—7 月^[8],而在我国也同样发现流感的流行高峰较往年延迟了 2~4 个月^[9]。然而, SARS-CoV-2 暴发后 sHCoV 传播和流行模式的变化尚不明确。因此,本研究基于上海市浦东新区急性呼吸道感染的实验室监测数据,回顾性分析 sHCoV 在疫情前(2016—2019 年)、疫情期间(2020—2022 年)与疫情后(2023 年)的流行模式变化,通过对疫情前后 sHCoV 检出率和季节性流行特征比较,尝试揭示 COVID-19 对 sHCoV 流行特征的具体影响,为探索 HCoV 的传播规律提供参考,为传染病监测和防控策略的制定提供科学数据支持。

1 材料与方法

1.1 样本来源 依托《浦东新区急性呼吸道传染病综合监测方案》,根据浦东地区各家医疗机构的地理位置、覆盖人群、就诊量等信息,采用异质表面均值估计方法,结合实施时的配合能力、不同年龄人群的就诊特征选取 9 家医疗机构(包括三级医疗机构 4 家、二级医疗机构 4 家和社区卫生服务机构的发热门诊 1 家)作为监测哨点,采用系统抽样方法将各监测点医院每周前 1~5 名就诊/入院的病例纳入监测。病

例定义为:发病 10 d 内,具有发热(体温 $\geq 38^{\circ}\text{C}$)伴有咳嗽、咳痰或需住院的急性呼吸道感染病例。对于符合病例定义的患者,在知情同意的基础上,由监测哨点医院采集患者呼吸道样本(包括鼻咽拭子、痰液、肺泡灌洗液等)并负责收集填写个案登记表(包括基本人口统计学信息、临床症状、体征等)。样本采集后 4 $^{\circ}\text{C}$ 保存运送至实验室及时检测或于 -80 $^{\circ}\text{C}$ 保存,避免反复冻融。

1.2 主要试剂与仪器 试剂:商品化核酸提取试剂盒(Roche, MagNA Pure 96 DNA and Viral NA Small Volume Kit), RespiFinder SMART 22 FAST 试剂盒(RespiFinder, 荷兰), TaqMan 低密度微流体芯片技术(Applied Biosystems, 美国)。仪器:MagNA Pure 96 全自动核酸纯化系统(Roche, 瑞士), Light Cycler 480II 实时荧光 PCR 仪器(Roche, 瑞士), 测序仪(Illumina, 美国)。

1.3 核酸提取与检测 核酸提取采用全自动核酸纯化系统和相应商品化核酸提取试剂盒进行。操作按制造商使用说明进行,样本使用体积为 200 μl ,提取后总核酸体积为 60 μl 。核酸检测采用 RespiFinder SMART 22 FAST 试剂盒和 TaqMan 低密度微流体芯片技术^[10]。检测项目包括八种常见呼吸道病原体:流感、人鼻病毒(human rhinovirus, HRV)、人副流感病毒(human parainfluenza virus, HPIV)、人腺病毒(human adenovirus, HAdV)、人呼吸道合胞病毒(human respiratory syncytial virus, RSV)、人偏肺病毒(human metapneumovirus, HMPV)、人博卡病毒(human bocavirus, HBov)以及 sHCoV(HCoV-229E、HCoV-OC43、HCoV-NL63 和 HCoV-HKU1)。

1.4 统计分析 数据分析及绘图采用 R 3.2.3 软件和 GraphPad 9.3 软件完成,疫情前、疫情期间以及疫情后三个时期检出率差异比较采用 χ^2 检验进行评估,检验水准 $\alpha=0.05$ 。

2 结果

2.1 基本情况 2016—2023 年共收集 ARI 病例样本 11 794 份,其中,2016 年 1 月—2019 年 12 月共收集 6 053 例纳入 COVID-19 疫情前,男女比为 1.13,年龄在 6~59 岁;2020 年 1 月—2022 年 12 月共收集 3 482 例纳入 COVID-19 疫情期间,男女比为 1.40,年龄在 7~54 岁;2023 年共收集 2 259 例纳入 COVID-19 疫情后,男女比为 1.12,年龄在 1~39 岁。见表 1。

表 1 ARI 病例基本人口学特征[n(%)]

Table 1 Demographic characteristics of acute respiratory infection cases [n(%)]

人口学特征	合计(n=11 794)	疫情前(n=6 053)	疫情期间(n=3 482)	疫情后(n=2 259)
性别				
男	6 434(54.55)	3 212(53.06)	2 029(58.27)	1 193(52.81)
女	5 360(45.45)	2 841(46.94)	1 453(41.73)	1 066(47.19)
年龄(岁)				
<5	3 091(26.21)	1 468(24.25)	760(21.83)	863(38.20)
5~17	1 912(16.21)	967(15.98)	520(14.93)	425(18.81)
18~59	4 175(35.40)	2 146(35.45)	1 468(42.16)	561(24.83)
≥60	2 616(22.18)	1 472(24.32)	734(21.08)	410(18.15)
病例类型				
住院	3 910(33.15)	2 028(33.50)	960(27.57)	922(40.81)
门诊	7 884(66.85)	4 025(66.50)	2 522(72.43)	1 337(59.19)
样本类型				
鼻/咽拭子	8 275(70.16)	3 748(61.92)	2 714(77.94)	1 813(80.26)
痰液	3 395(28.79)	2 303(38.05)	765(21.97)	327(14.48)
其它	124(1.05)	2(0.03)	3(0.09)	119(5.27)

2.2 ARI 病例中常见呼吸道病毒检出情况 11 794 例呼吸道样本中八种常见呼吸道病毒总检出率为 31.80%(3 751/11 794), 疫情期间及疫情后总检出率分别为 29.31%(662/2 259)和 12.23%(426/3 482), 均显著低于疫情前的 43.99%(2 663/6 053), 差异具有

统计学意义($\chi^2=735.814, P<0.001$)。八种常见呼吸道病毒中, sHCoV 检出率在疫情后下降幅度最大, 为 3.90%, 新冠相关三个时期检出率差异均具有统计学意义($P<0.001$)。见表 2。

表 2 新型冠状病毒感染疫情前、中、后 ARI 病例中常见呼吸道病毒检出情况[n(%)]

Table 2 Detection of common respiratory viruses in acute respiratory infection cases before, during and after COVID-19 pandemic [n(%)]

病毒	疫情前(n=6 053)	疫情期间(n=3 482)	疫情后(n=2 259)	合计(n=11 794)	χ^2 值	P 值
流感	990(16.36)	142(4.08)	385(17.04)	1 517(12.86)	340.847	<0.001
HAdV	207(3.42)	37(1.06)	26(1.15)	270(2.29)	71.093	<0.001
HBoV	81(1.34)	7(0.20)	6(0.27)	94(0.80)	46.131	<0.001
sHCoV	322(5.32)	55(1.58)	32(1.42)	409(3.47)	127.489	<0.001
HMPV	151(2.49)	12(0.34)	36(1.59)	199(1.69)	61.744	<0.001
HPIV	326(5.39)	46(1.32)	48(2.12)	420(3.56)	123.123	<0.001
HRV	354(5.85)	56(1.61)	73(3.23)	483(4.10)	106.489	<0.001
RSV	232(3.83)	71(2.04)	56(2.48)	359(3.04)	27.121	<0.001

2.3 ARI 病例中 sHCoV 检出情况 11 794 例呼吸道样本中 sHCoV 总检出率为 3.47%(409/ 11 794)。疫情前, 2016 年 sHCoV 检出率最高为 7.44%(99/1 330), 随后逐年下降, 2017—2019 年检出率分别为 6.35%(82/1 292)、5.91%(101/1 709)、2.32%(40/1 722)。疫情期间, 2020—2022 年检出率分别为 1.71%(18/1 054)、0.55%(9/1 632)、3.52%(28/796)。疫情后, 2023 年检出率为 1.42%(32/2 259), 见图 1。四种 sHCoV 中, 疫情前以 HCoV-NL63 检出率最高并在疫情期间保持稳定, 疫情后以 HCoV-229E 为主, 三个时期的检出率差异均具有统计学意义(均 $P<0.001$), 见表 3。

2.4 ARI 病例中不同 sHCoV 构成 疫情前四种 sHCoV 交替流行, 2016 年 HCoV-229E 占比最高, 达 44.44%; 其次为 HCoV-NL63, 占 31.31%; 2017 年

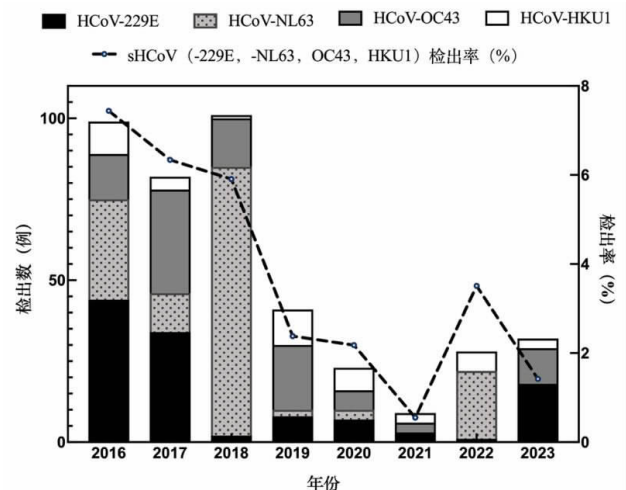


图 1 2016—2023 年 sHCoV 不同亚型检出情况
Figure 1 Detection of different sHCoV subtypes from 2016 to 2023

表 3 新型冠状病毒感染疫情前中后 ARI 病例中 sHCoV 检出情况[n(%)]

Table 3 Detection of sHCoV in acute respiratory infection cases before, during and after COVID-19 pandemic [n(%)]

	疫情前(n=6 053)	疫情期间(n=3 482)	疫情后(n=2 259)	χ^2 值	P 值
HCoV-229E	87(1.44)	11(0.32)	18(0.80)	91.259	<0.001
HCoV-HKU1	25(0.41)	12(0.34)	3(0.13)	18.350	<0.001
HCoV-NL63	128(2.11)	23(0.66)	0(0.00)	185.020	<0.001
HCoV-OC43	82(1.35)	9(0.26)	11(0.49)	101.706	<0.001
合计	322(5.32)	55(1.58)	32(1.42)	108.952	<0.001

HCoV-229E 与 HCoV-OC43 检出占比相同,为 40.24%;2018 年 HCoV-NL63 占比显著上升,高达 82.18%,其次为 HCoV-OC43 (14.85%);在 2019 年 HCoV-OC43 检出占比最高,为 50.00%。疫情期间 sHCoV 构成发生变化,自 2021 年起全年仅检测到三种 sHCoV,2022 年 HCoV-NL63 检出占比最高,为 75.00%,疫情后则未检出 HCoV-NL63,以 HCoV-229E 为主,占 56.25%。见图 2。

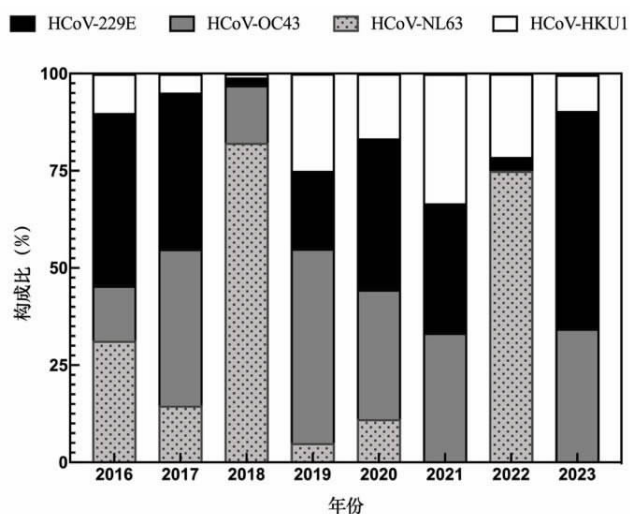


图 2 2016—2023 年不同 sHCoV 检出构成比

Figure 2 Composition ratios of different sHCoV subtypes from 2016 to 2023

2.5 2016—2023 年 sHCoV 时间分布特征 疫情前 sHCoV 感染呈全年散发,共出现 4 个明显高峰,分别为:2016 年 6 月(20.00%,16/80),以 HCoV-229E 为主,占 12.50%(10/80);2017 年 4 月,占 20.56%(22/107),主要为 HCoV-OC43,占 10.28%(11/107);2017 年 10 月,占 14.29%(11/77),主要为 HCoV-229E,占 10.39%(8/77);2018 年 8 月,占 25.79%(49/190),以 HCoV-NL63 为主,占 25.26%,(48/190)。疫情期间出现 1 个高峰在 2022 年 9 月(14.86%,11/74)且均为 HCoV-NL63 感染;疫情后仅有 1 个小高峰,在 2023 年 11 月且均为 HCoV-229E 感染。见图 3。

2.6 2016—2023 年 sHCoV 季节性流行特征 疫情

前 sHCoV 流行集中在 3—9 月且以春夏季最为流行,疫情期间 sHCoV 流行高峰推迟,检出率至 6 月开始上升,在疫情后 sHCoV 全年均有检出,未发现明显季节性流行高峰。不同 sHCoV 流行模式均发生变化,其中 HCoV-229E 在疫情前为双峰分布,在疫情期间转为单峰,疫情后双峰分布模式再次出现;HCoV-HKU1 流行由疫情前的 1—5 月推迟至 9—12 月;HCoV-OC43 流行高峰由 1—8 月延后至 6—12 月,流行时间整体向后推移;HCoV-NL63 在疫情前及疫情期间均集中在 6—12 月且以 8 月为检出高峰,疫情后 2023 年则全年未检出。见图 4。

3 讨论

sHCoV 长期以来是全球范围内引起呼吸道疾病的重要病原体之一,感染后通常引起轻微的呼吸道感染,但对于儿童、老年人及免疫低下群体易引起重症^[11]。COVID-19 的全球暴发与流行改变了常见呼吸道病毒的传播模式^[12]。尽管目前已有众多研究对疫情前或疫情期间呼吸道病毒进行了描述性分析^[13],但 COVID-19 对 sHCoV 的长期流行趋势的影响仍然不明。因此,本研究基于 8 年的监测数据,从年份、季节性、病毒亚型构成等多角度系统分析新型冠状病毒感染疫情背景下 sHCoV 流行特征的变化。

本研究发现,疫情期间常见呼吸道病毒的检出率显著下降,这可能与广泛实施的非药物干预措施(如佩戴口罩、减少社交接触等)密切相关^[14],这些措施不仅有效地抑制了 SARS-CoV-2 的传播,还可能对其它具有相似传播途径的呼吸道病毒的流行产生影响。然而,正如多项研究发现的一样,随着新冠疫情防控策略的逐步调整以及人类社会活动的逐步恢复,Flu、RSV 等常见呼吸道病毒出现延迟激增现象^[15-16],而 sHCoV 检出率仍然处于下降趋势,提示其流行模式可能受到其他因素的影响,首先,SARS-CoV-2 感染可能诱导一定程度的交叉免疫^[17],并且 sHCoV 的既往感染可能影响 SARS-CoV-2 感染后的疾病严重程度^[18],从而抑制 sHCoV 感染与传播;其次,人群可能因既往感染或疫苗接种产生一定的免疫屏障,使得易感人群减少,导致检出率下降。然而,随着后疫情时

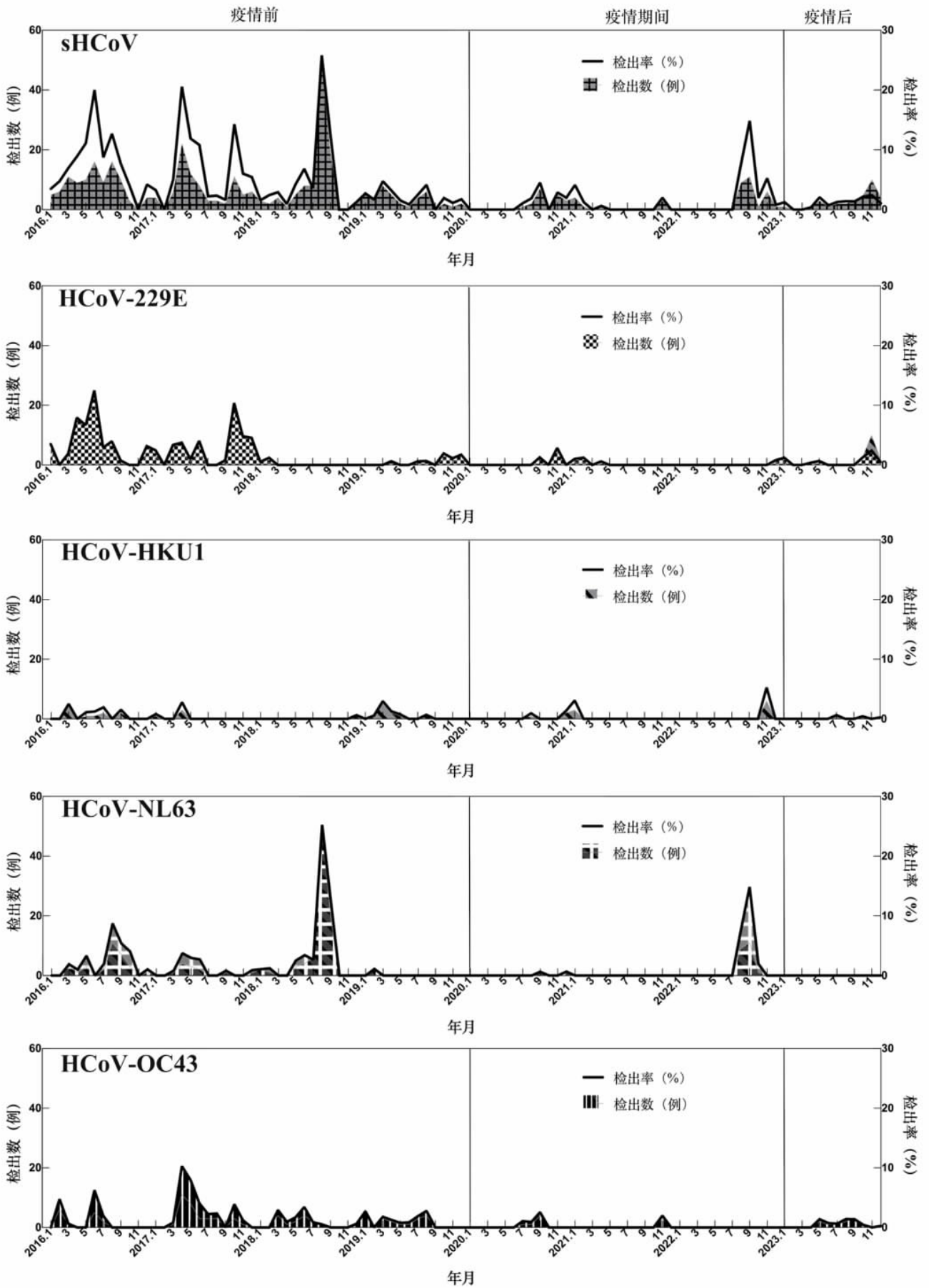
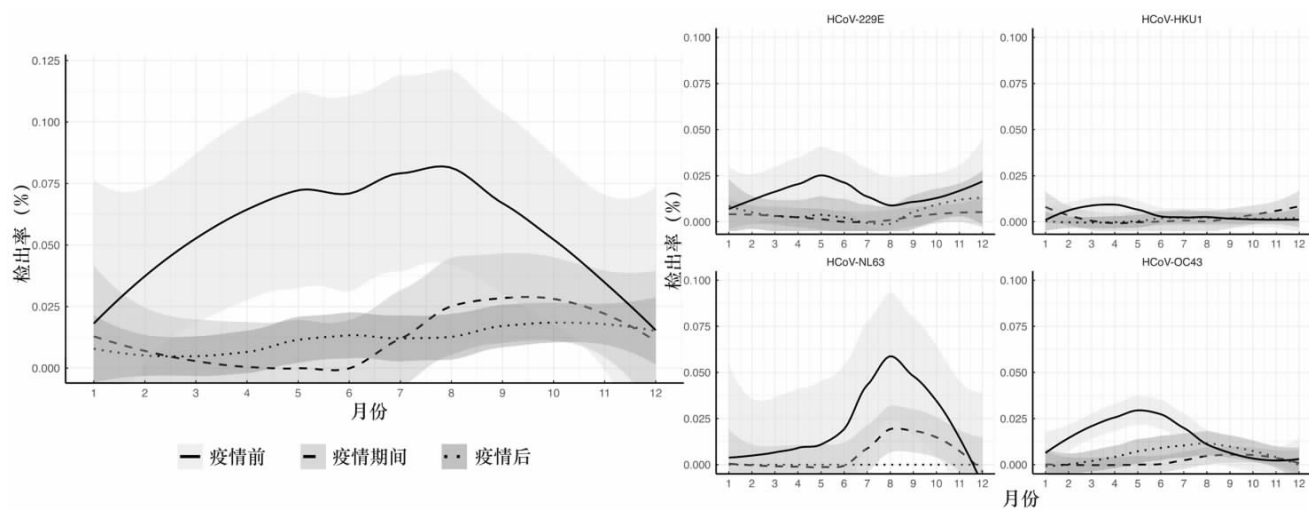


图3 2016—2023年 sHCoV 时间分布特征

Figure 3 Temporal distribution characteristics of sHCoV from 2016 to 2023



注:阴影部分为 95%置信区间。

图 4 2016—2023 年 sHCoV 季节性流行特征

Figure 4 Seasonal epidemiological characteristics of sHCoV from 2016 to 2023

代天然免疫和人工免疫的下降以及人类活动模式的改变,易感人群的增加可能会重新影响 sHCoV 的传播风险。目前对于 SARS-CoV-2 感染或疫苗诱导的免疫反应是否会对 sHCoV 产生长期影响仍缺乏有效证据,HCoV 感染对人群免疫状态的影响有待进一步探讨。

此外,本研究还发现,研究区域内疫情前 sHCoV 的全年检出率相对稳定,与部分文献中描述的“双峰分布”模式有所不同^[9]。韩国一项研究指出在疫情早期发现了 sHCoV 的小高峰^[20],而在本研究中,这波高峰则在疫情发生前(2018 年)出现。进一步分析发现,sHCoV 的季节性流行高峰有所推迟,这与 Shah 等人^[21-22]研究发现一致,可能是由于地理位置差异、相应社会和物理环境的变化或病毒监测策略调整有关。

本研究的四种 sHCoV 中以 HCoV-NL63 的流行特征尤为引人关注。自 2004 年首次分离 HCoV-NL63 以来^[23],多国相继报道了该病毒的流行,但是引起的暴发疫情相对较少^[24],然而美国路易斯安那州在 2017 年底报告了一起与 HCoV-NL63 相关的严重呼吸道疾病^[25],2018 年在中国广东省广州市报道了一起由 HCoV-NL63 引起的严重下呼吸道疾病暴发^[26]。本研究发现 HCoV-NL63 的检出率在疫情前期显著上升,疫情期间急剧下降,疫情后则未有检出,这与 Choi 等人^[27-28]的研究不同。由于 HCoV-NL63 能够通过 SARS-CoV-2 相同的受体 ACE2 入侵宿主细胞^[29],这可能对其流行模式和与 SARS-CoV-2 的相互影响具有重要意义,因此,未来的研究应进一步探讨其受体利用机制及流行变化。

本研究还存在一定局限性。一方面,2020 年 2—4 月及 2022 年 4—6 月,因新冠疫情形势严峻、防控措

施严格,居民就诊行为和样本采集频率发生变化,可能影响监测数据的完整性及分析结果的代表性;另一方面,浦东新区作为上海的重要行政区域,人口规模庞大且构成多样,在社会经济水平、医疗资源配置及居民公共卫生意识等方面具有一定代表性,这为本研究提供了坚实的数据基础,然而不同地区在地理环境、社会背景、医疗资源可及性及人群行为模式等方面存在差异,研究结果仍需更大范围内加以验证。因此,未来应结合多地区、长期、系统的监测数据,以进一步评估 sHCoV 在不同人群和区域的流行特征,增强研究结果的适用性和科学性。

综上所述,本研究基于八年监测数据发现疫情后 sHCoV 的检出率显著下降,且其季节性流行高峰向后推移,四种 sHCoV 呈现出不同的流行趋势和构成变化,研究结果为 sHCoV 及其他呼吸道病毒的监测提供数据支持,为公共卫生政策的制定提供参考依据。

利益冲突声明 本研究不存在任何利益冲突

参考文献

- [1] Collaborators G2L. Estimates of the global, regional, and National morbidity, mortality, and aetiologies of lower respiratory tract infections in 195 countries: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2015 [J]. *Lancet Infectious Diseases*, 2017, 17(11): 1133-1161.
- [2] Eklundh A, Rhedin S, Ryd-Rinder M, et al. Etiology of clinical Community-Acquired pneumonia in Swedish children aged 1-59 months with high pneumococcal vaccine Coverage-The TREND study[J]. *Vaccines*, 2021, 9(384): 1-12.
- [3] Wang JZ, Yuan D, Yang XH, et al. Epidemiological and etiological characteristics of 1266 patients with severe acute respiratory infection in central China, 2018 - 2020: a retrospective survey[J]. *BMC Infectious Diseases*, 2024, 24(1): 426.
- [4] Matthews R. Virus taxonomy: classification and nomenclature of

- viruses: ninth report of the international committee on taxonomy of viruses[J]. *Intervirology*, 1979, 12(3/5): 129–296.
- [5] McClelland RD, Lin YCJ, Culp TN, et al. The domestication of SARS-CoV-2 into a seasonal infection by viral variants[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1289387.
- [6] Zhang GQ, Zhang Y, Ba LM, et al. Epidemiological changes in respiratory pathogen transmission among children with acute respiratory infections during the COVID-19 pandemic in Kunming, China[J]. *BMC Infectious Diseases*, 2024, 24(1): 826.
- [7] Park JY, Kim HI, Kim JH, et al. Changes in respiratory virus infection trends during the COVID-19 pandemic in South Korea: the effectiveness of public health measures [J]. *The Korean Journal of Internal Medicine*, 2021, 36(5): 1157–1168.
- [8] Lampros A, Talla C, Diarra M, et al. Shifting patterns of influenza circulation during the COVID-19 pandemic, Senegal [J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2023, 29(9): 1808–1817.
- [9] Li Y, Liang Y, Tang JQ, et al. Clinical impact of human parainfluenza virus infections before and during the COVID-19 pandemic in Southern China [J]. *Microbes and Infection / Institut Pasteur*, 2023, 25(8): 105219.
- [10] Kodani M, Yang GY, Conklin LM, et al. Application of TaqMan low-density arrays for simultaneous detection of multiple respiratory pathogens [J]. *Journal of Clinical Microbiology*, 2011, 49 (6): 2175–2182.
- [11] Liu DX, Liang JQ, Fung TS. Human coronavirus-229E, -OC43, -NL63, and -HKU1 (coronaviridae)[M]. 4th ed. Oxford: Academic Press, 2021.
- [12] Guadalupe-Fernández V, Martínez-Solanas E, Sabrià-Sunyé A, et al. Investigating epidemiological distribution (temporality and intensity) of respiratory pathogens following COVID-19 de-escalation process in Catalonia, September 2016–June 2021: Analysis of regional surveillance data [J]. *PLOS One*, 2024, 19(2): e0285892.
- [13] 丁细霞, 陈满君, 潘玉先, 等. 420 例成人流感样患者呼吸道感染及其主要病原体分布[J]. *现代预防医学*, 2017, 44(20): 3781–3785.
Ding XX, Chen MJ, Pan YX, et al. A study on respiratory virus infection and viral etiology distribution of adults influenza like illness case[J]. *Modern Preventive Medicine*, 2017, 44(20): 3781–3785. (In Chinese)
- [14] Li ZJ, Chen QL, Feng LZ, et al. Active case finding with case management: the key to tackling the COVID-19 pandemic [J]. *Lancet*, 2020, 396(10243): 63–70.
- [15] Billard MN, van de Ven PM, Baraldi B, et al. International changes in respiratory syncytial virus (RSV) epidemiology during the COVID-19 pandemic: Association with school closures[J]. *Influenza and Other Respiratory Viruses*, 2022, 16(5): 926–936.
- [16] Qiu Z, Cao Z, Zou M, et al. The effectiveness of governmental nonpharmaceutical interventions against COVID-19 at controlling seasonal influenza transmission: an ecological study [J]. *BMC Infectious Diseases*, 2022, 22(331): 1–10.
- [17] Coulon PG, Prakash S, Dhanushkodi NR, et al. High frequencies of alpha common cold coronavirus/SARS-CoV-2 cross-reactive functional CD4+ and CD8+ memory T cells are associated with protection from symptomatic and fatal SARS-CoV-2 infections in unvaccinated COVID-19 patients[J]. *Frontiers in Immunology*, 2024, 15: 1343716.
- [18] Lidenge SJ, Yalcin D, Bennett SJ, et al. Viral epitope scanning reveals correlation between seasonal HCoV-229E and SARS-CoV-2 antibody responses among cancer and non-cancer patients [J]. *Viruses*, 2024, 16(448): 1–16.
- [19] Kovacs D, Mambule I, Read JM, et al. Epidemiology of human seasonal coronaviruses among People with mild and severe acute respiratory illness in blantyre, Malawi, 2011–2017 [J]. *Journal of Infectious Diseases*, 2024, 230(2): e363–e373.
- [20] Yum S, Hong K, Sohn S, et al. Trends in viral respiratory infections during COVID-19 pandemic, South Korea [J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2021, 27(6): 1685–1688.
- [21] Shah MM, Winn A, Dahl RM, et al. Seasonality of common human coronaviruses, United States, 2014–2021 [J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2022, 28(10): 1970–1976.
- [22] Olsen SJ, Winn AK, Budd AP, et al. Changes in influenza and other respiratory virus activity during the COVID-19 pandemic – United States, 2020–2021 [J]. *MMWR. Morbidity and Mortality Weekly Report*, 2021, 70(29): 1013–1019.
- [23] Van der hoek L, Pyrc K, Jebbink MF, et al. Identification of a new human coronavirus[J]. *Nature Medicine*, 2004, 10(4): 368–373.
- [24] Huang SH, Su MC, Tien N, et al. Epidemiology of human coronavirus NL63 infection among hospitalized patients with pneumonia in Taiwan[J]. *Journal of Microbiology, Immunology, and Infection*, 2017, 50(6): 763–770.
- [25] Hand J, Rose EB, Salinas A, et al. Severe respiratory illness outbreak associated with human coronavirus NL63 in a Long-Term care facility[J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2018, 24(10): 1964–1966.
- [26] Wang Y, Li X, Liu W, et al. Discovery of a subgenotype of human coronavirus NL63 associated with severe lower respiratory tract infection in China, 2018[J]. *Emerging Microbes & Infections*, 2020, 9 (1): 246–255.
- [27] Choi YY, Kim YK, Choi EH. Clinical and epidemiological characteristics of common human coronaviruses in children: a single center study, 2015 – 2019 [J]. *Pediatr Infect Vaccine*, 2021, 28(2): 101–109.
- [28] Zhang SF, Tuo JL, Huang XB, et al. Epidemiology characteristics of human coronaviruses in patients with respiratory infection symptoms and phylogenetic analysis of HCoV-OC43 during 2010–2015 in Guangzhou[J]. *PLOS One*, 2018, 13(1): e0191789.
- [29] Wu K, Li W, Peng G, et al. Crystal structure of NL63 respiratory coronavirus receptor-binding domain complexed with its human receptor [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2009, 106(47): 19970–19974.

收稿日期: 2025-02-12