· 疾病预防控制 ·

2024—2025 年贵州省呼吸道传染病病原体流行病学特征分析

罗国美[1],洪峰[1],邓彬[2],方森洲[1,2],雷明玉[2],黄焦[2],黄艳[1,2]

1. 贵州医科大学公共卫生与健康学院,环境污染与疾病监控教育部重点实验室,贵州 贵阳 561113;
2. 贵州省疾病预防控制中心传染病防治研究所

摘要:目的　了解和分析 2024—2025 年贵州省呼吸道多种病原体的流行特征。**方法**　通过国家多病原哨点监测网络,收集 2024—2025 年贵州省哨点医院多病原核酸检测结果,共检测 15 种常见的呼吸道传染病病原体,采用描述流行病学方法和聚类分析探索病原体的三间分布特征和合并感染情况。**结果**　本研究共收集 24 595 份多病原标本,贵州省 2024—2025 年多病原阳性率为 51.27%,检出前三的病原体分别是 *H. influenzae*(20.01%)、*S. pneumoniae*(10.86%)和 IFV(8.85%),18 岁以下儿童的病原体阳性率较高。合并感染率为 19.27%,以合并 *S. pneumoniae* 和 *H. influenzae* 感染最常见,占 8.17%,男性合并感染率高于女性($\chi^2=41.847$, $P<0.001$),年龄以 0 ~ 14 儿童为主。**结论**　2024—2025 年贵州省呼吸道病原体以 *H. influenzae*、*S. pneumoniae* 和 IFV 为主,合并感染较为普遍,且主要集中于 0 ~ 14 岁儿童群体,对呼吸道感染的防控需重点关注该人群及常见病原组合。

关键词:呼吸道病原体;呼吸道感染;多病原;贵州省

中图分类号:R373.1　　**文献标志码:**A　　**文章编号:**1003 - 8507(2026)18 - 3421 - 09

DOI:10.20043/j.cnki.MPM.202603451

Epidemiological characteristics of respiratory infectious disease pathogens, Guizhou, 2024 – 2025

LUO Guo – mei*, HONG Feng, DENG Bin, FANG Sen – zhou, LEI Ming – yu, HUANG Jiao, HUANG Yan

** School of Public Health, the Key Laboratory of Environmental Pollution Monitoring and Disease Control, Ministry of Education, Guizhou Medical University, Guiyang, Guizhou* 561113, *China*

Abstract: Objective　To understand and analyze the epidemiological characteristics of multiple respiratory pathogens in Guizhou Province from 2024 to 2025. **Methods**　Through the National Multi – pathogen Sentinel Surveillance Network, multi – pathogen nucleic acid detection results were collected from sentinel hospitals in Guizhou Province in 2024 – 2025. Fifteen common respiratory infectious pathogens were tested, and descriptive epidemiological methods and cluster analysis were used to explore the spatial distribution characteristics and co – infection patterns of the pathogens. **Results**　A total of 24 595 multi – pathogen specimens were collected in this study. The multi – pathogen positive rate in Guizhou Province in 2024 – 2025 was 51.27%. The top three detected pathogens were *H. influenzae* (20.01%), *S. pneumoniae* (10.86%), and IFV (8.85%), with a higher positive rate among children under 18. The co – infection rate was 19.27%, with co – infection of *S. pneumoniae* and *H. influenzae* being the most common, accounting for 8.17%. The co – infection rate in males was higher than in females ($\chi^2=41.847$, $P<0.001$), predominantly in children aged 0 – 14 years. **Conclusion**　From 2024 to 2025, the respiratory pathogens in Guizhou Province were primarily *H. influenzae*, *S. pneumoniae*, and IFV. Co – infections were relatively common, mainly concentrated in children aged 0 – 14 years. Prevention and control of respiratory infections should focus on this population and common pathogen combinations.

Keywords: Respiratory pathogens; Respiratory infections; Multiple pathogens; Guizhou Province

呼吸道感染是病原体从人体鼻腔、咽喉、气管和支气管等部位侵入、传播而引起的急性呼吸系统疾病,是医疗过程中最常见的疾病之一[1],包括上呼吸道感染和下呼吸道感染,最常见的症状包括咳嗽、发热、咽痛、鼻塞、头痛等[2]。引起呼吸道感染的病原体

基金项目:2025—2026 年度黄艳公共卫生人才培养支持项目;贵州省基础研究计划重点项目(黔科合基础 ZD[2026]094);贵州省住院严重呼吸道感染病例疾病负担及病原学特征研究(gzwkj2025 – 532)

作者简介:罗国美(2000—),女,硕士在读,研究方向:疾病预防与控制

通信作者:黄艳, E – mail:cdchuangyan@163.com

种类繁多,主要包括病毒和细菌两大类。常见的病毒类型有流感病毒(Influenza Virus, IFV)、鼻病毒(Human Rhinovirus, HRV)、新型冠状病毒(Corona Virus Disease 2019, COVID - 19)、呼吸道合胞病毒(Respiratory Syncytial Virus, RSV)等十余种,细菌类型有流感嗜血杆菌(*Haemophilus influenzae*, *H. influenzae*)、肺炎链球菌(*Streptococcus pneumoniae*, *S. pneumoniae*)等。2019 年全球上呼吸道感染病例达 172 亿(占全球疾病负担 42.82%),2021 年发病率仍高达 128 亿,居全球死因第五位及传染病死因首位,导致 1.03 亿伤残调整寿命年损失[3]。从国内外流行情况来看,多数呼吸道传染病呈现明显的时间分布规律,如 IFV、RSV 在冬春季高发,我国北方季节性呈单峰,南方则为双峰;部分病原体呈周期性流行,如肺炎支原体(*Mycoplasma pneumoniae*, *M. pneumoniae*)。混合感染在呼吸道疾病中十分普遍,我国混合感染率超过 40%[4],近年来儿童社区获得性肺炎混合感染率呈上升趋势[5-7],病毒 - 病毒、病毒 - 细菌等多种交互模式并存。为及时掌握呼吸道传染病流行规律、强化主动监测预警,我国于 2024 年建立呼吸道传染病多病原监测网络。现阶段针对该网络监测数据的区域分布特征、流行规律等基础分析仍鲜有报道。本文以 2024—2025 年贵州省呼吸道多病原监测资料为研究对象,开展流行特征分析,为区域呼吸道传染病精准防控和公共卫生决策提供基础数据支撑。

1 资料与方法

1.1 数据收集

1.1.1 监测病例定义 门急诊流感样病例(Influenza - like disease, ILI)监测:急性起病,发病在 3 天内,发热(体温≥38 ℃),伴咳嗽或咽痛之一者。

住院严重急性呼吸道感染病例(Severe acute respiratory infection, SARI)监测:急性起病,起病有发热史(体温≥38 ℃),伴有咳嗽,且本次发病不超过 10 天。

1.1.2 样本采集及检测 本研究通过“中国疾病预防控制信息系统”收集贵州省呼吸道多病原监测网络 2024 年第 23 周至 2025 年第 52 周的标本信息及病原学监测资料。其中贵州省呼吸道多病原监测网络由分布于 9 个市(州)的 10 个国家级多病原监测哨点医院及其对应的 10 个多病原监测网络实验室组成。哨点医院采集后于 2 ~ 8℃下 48 小时内送至当地网络实验室采用实时荧光定量 PCR 方法进行呼吸道多病原检测,检测病原体包括 COVID - 19、IFV、RSV、HRV、腺病毒(Adenovirus, ADV)、人偏肺病毒(Human Metapneumovirus, HMPV)、副流感病毒(Human Parainfluenza Virus, HPIV)、普通冠状病毒、博卡病毒(Human Bocavirus, HBoV)、肠道病毒(Enterovirus, EV)、A 族链球菌(*Group A Streptococcus*, *GAS*)、百日咳鲍特菌(*Bordetella pertussis*, *B. pertussis*)、*M. pneumoniae*、*S. pneumoniae* 和 *H. influenzae* 共 15 种。具体操作流程按照《贵州省急性呼吸道传染病哨点监测方案(试行)》执行。

本研究已通过贵州省疾病预防控制中心伦理委员会的免除伦理审查,使用的数据无任何可识别个体的信息,因此已免除知情同意。

1.2 资料分析 导出数据用 Excel 2019 建立数据库,采用描述流行病方法分析流行病学特征,使用 Jamovi 2.3.21 进行统计分析,使用 R 4.4.1 实现聚类分析,在聚类分析前对数据进行平滑处理和标准化处理,采用动态时间规整(Dynamic Time Warping, DTW)算法及层次聚类分析探索不同病原体流行规律的相似性和差异性,最优聚类数通过肘部法则与平均轮廓系数联合筛选。率及构成比的比较采用 Pearson χ^2 检验,检验水准 $\alpha = 0.05$。

2 结 果

2.1 人群分布特征

2.1.1 基本情况 主要从性别、年龄、职业三个方面进行分析,见表 1。共采集 24 595 份多病原标本,其中 12 609 份标本至少检出一种病原体,阳性率为 51.27%,单一感染 7 870 份(占 62.42%),合并感染 4 739 份(占 37.58%)。检测阳性的标本中,男性 6 918份,女性 5 691 份;年龄主要以 18 岁以下为主,占 67.54%,年龄最大为 101 岁,最小不足 1 岁;职业以散居儿童(4 648 份)、幼托儿童(1 536 份)、学生(1 771份)、家务及待业(403 份)、职员(212 份)、农民(128 份)为主,占 68.98%。

表 1 2024—2025 年贵州省呼吸道多病原核酸检测标本人群特征

Table 1 Characteristics of the target population for multi - pathogen respiratory nucleic acid testing in Guizhou Province, 2024 - 2025

变量	检测份数	阳性份数	阳性率/%	χ^2 值	*P* 值
性别				15.215	<0.001
男	13 284	6 918	52.08		
女	11 311	5 691	50.30		
年龄组(岁)				3 585.608	<0.001
0 ~ 4	9 296	5 781	62.19		
5 ~ 14	3 456	2 283	66.06		
15 ~ 59	7 569	3 325	43.93		
≥60	4 274	1 220	28.54		
职业				1 551.932	<0.001

（续表）

变量	检测份数	阳性份数	阳性率/%	χ^2值	P值
散居儿童	7 666	4 648	60.63		
幼托儿童	2 167	1 536	70.88		
学生	2 867	1 771	61.77		
家务及待业	1 321	403	30.51		
职员	460	212	46.09		
农民	478	128	26.78		
其他	2 507	890	35.50		
不详	7 129	3 021	42.38		
合计	24 595	12 609	51.27		

2.1.2　不同年龄组感染情况分析　从年龄特征来看，5～14 岁和 0～4 岁两个年龄组的病原体阳性率最高，分别为 66.06%、62.19%（见表 1）。各个年龄组病原体阳性率差异有统计学意义（$\chi^2=3\ 585.608$，$P<0.001$），且随着年龄增加，病原体的阳性率降低（$\chi^2=1\ 621.150$，$P<0.001$）。

进一步分析阳性率较高的几种病原体年龄分布发现，*S. pneumoniae*、HRV、RSV 阳性率最高的是 0～4 岁人群，*H. influenzae*、IFV、ADV、EV 阳性率最高的是 5～14 岁人群，COVID－19 阳性率最高的是 15～59 岁人群，各病原体的不同年龄阳性率差异均有统计学意义（见表 2）。

表 2　不同年龄组呼吸道病原体阳性检出数及阳性率（%）

Table 2　Number and positive rate of respiratory pathogen detection in different age groups (%)

年龄组（岁）	*H. influenzae*	*S. pneumoniae*	IFV	HRV	EV	COVID－19	RSV	ADV
0～4	2 162(23.26)	1 598(17.19)	591(6.36)	738(7.94)	938(10.09)	437(4.70)	819(8.81)	585(6.29)
5～14	1 116(32.29)	592(17.13)	497(14.38)	264(7.64)	365(10.56)	93(2.69)	66(1.91)	271(7.84)
15～59	1 280(16.91)	287(3.79)	823(10.87)	491(6.49)	142(1.88)	530(7.00)	62(0.82)	64(0.85)
≥60	364(8.52)	194(4.54)	265(6.20)	178(4.16)	30(0.70)	206(4.82)	42(0.98)	16(0.37)
χ^2值	785.017	1 092.150	278.328	70.924	844.578	100.782	895.667	629.494
P值	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001

2.1.3　门急诊和住院病例感染情况　门急诊 ILI 病例采集 16 345 份标本，其中 9 294 份多病原检测阳性，阳性率为 56.86%，阳性率最高的病原体为 *H. influenzae*（3 907 份，23.90%）。住院 SARI 病例采集 8 250 份标本，其中 3 315 份多病原检测阳性，阳性率为 40.18%，阳性率最高的病原体为 *H. influenzae*（1 015，12.30%），见表 3。门急诊 ILI 多病原阳性率高于住院 SARI 病例的多病原阳性率（$\chi^2=610.524$，$P<0.001$）。

表 3　门急诊和住院病例病原体检出情况

Table 3　Pathogen detection in outpatient, emergency, and inpatient cases

病原体种类	门急诊 ILI 病例		住院 SARI 病例		合计	
	阳性数（份）	阳性率（%）	阳性数（份）	阳性率（%）	阳性数（份）	阳性率（%）
H. influenzae	3 907	23.90	1 015	12.30	4 922	20.01
S. pneumoniae	1 989	12.17	682	8.27	2 671	10.86
IFV	1 765	10.80	411	4.98	2 176	8.85
HRV	1 187	7.26	484	5.87	1 671	6.79
EV	1 208	7.39	267	3.24	1 475	6.00
COVID－19	1 002	6.13	264	3.20	1 266	5.15
RSV	499	3.05	490	5.94	989	4.02
ADV	644	3.94	292	3.54	936	3.81

2.2　时间分布特征

2.2.1　基本情况　2024—2025 年贵州省呼吸道病原体检出数共出现 4 个高峰，高峰多分布在冬春季，2024 年第 23—43 周整体检出数呈下降趋势，2024 年第 44 周—2025 年第 6 周检出数上升后开始呈波动式下降，第 36—49 周再次呈波动式上升，后开始呈下降趋势。*S. pneumoniae* 和 *H. influenzae* 阳性率稳居高位，一些病原体具有明显的季节性，如 IFV、RSV 在冬春季高发，HRV、EV、COVID－19、普通冠状病毒在夏秋季高发；其余病原阳性率均在较低水平。合并感染率与病原体阳性率呈同步周期性波动趋势，2024—2025 年贵州省呼吸道多病原检出趋势见图 1。

2.2.2　不同病原体构成情况　根据图 2 可知，1—3 月以 IFV、*H. influenzae* 和 *S. pneumoniae* 为主，4—7 月以 *H. influenzae*、COVID－19、EV、*S. pneumoniae* 和 HRV 为主，8—9 月以 *H. influenzae*、*S. pneumoniae*、普通冠状病毒、HRV、RSV 和 EV 为主，10—12 月以 IFV、*H. influenzae*、*S. pneumoniae*、RSV、HRV 和 EV 为主。

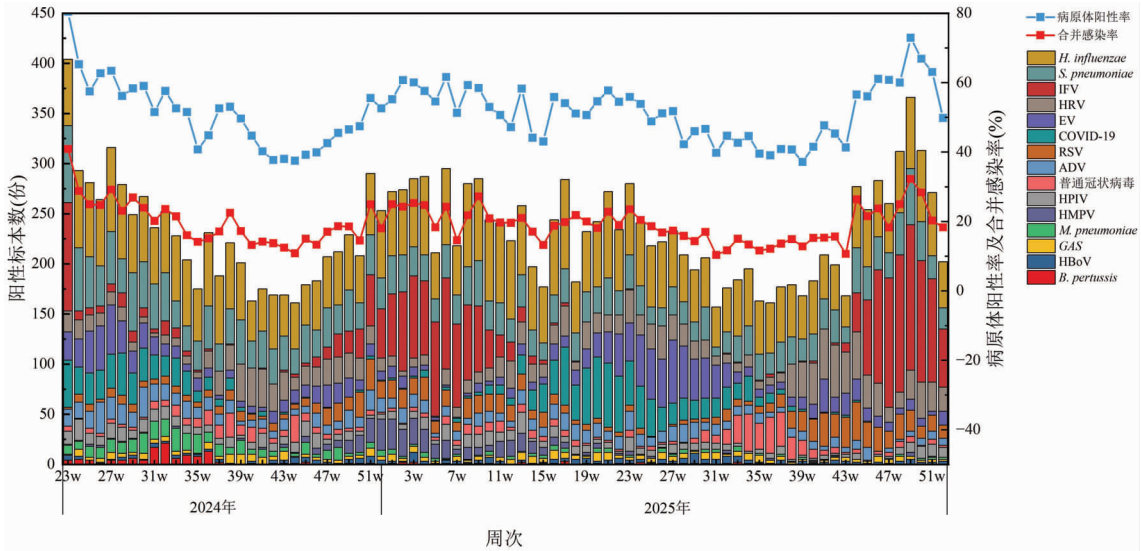


图 1　2024—2025 年贵州省呼吸道多病原检出趋势

Fig. 1　Trend of respiratory multi – pathogen detection in Guizhou Province, 2024 – 2025

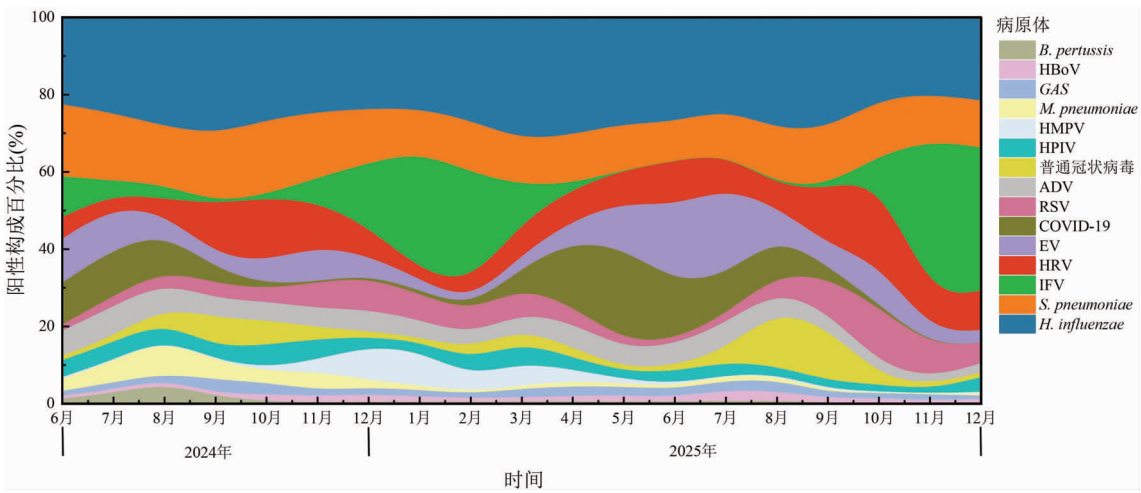


图 2　2024—2025 年呼吸道多病原阳性构成百分比

Fig. 2　Percentage composition of respiratory multi – pathogen positivity in 2024 – 2025

2. 2. 3　不同病原体流行情况聚类分析

(1)聚类方法与分组结果:监测期间,呼吸道病原体检出率呈现多种分布形态,详见图 3。为进一步探索分布规律,对各病原体的流行趋势开展聚类分析,本研究共探索了 5 种层次聚类连接方式(ward. D2、single、complete、average、mcquitty)、DTW 窗口大小(6 ~ 12 周)、聚类数(k = 2 ~ 6)的组合效果,以平均轮廓系数为核心评价指标筛选最优方案,最终选取 k = 3、Ward 最小方差法为最优方案,对应平均轮廓系数为 0. 315,最终将其划分为 3 个聚类组,各组病原体组成见图 4。

(2)各聚类组流行趋势:聚类分析将病原体分为三组,其流行特征差异显著(见图 5、图 6)。第 1 组呈明显的夏季高峰,其中 *H. influenzae*、COVID – 19 与 EV 在 2024 年和 2025 年均出现明显夏季峰,阳性率峰值达 15% ~ 28%,其余病原体仅在 2024 年存在明显夏季峰,阳性率维持在 5% ~ 8%,仅 *S. pneumoniae* 长期保持在 10% 以上;第 2 组为典型冬春季高发,呈现双峰流行,2024 年末至 2025 年初首个高峰 IFV 达 34%,RSV 及 HMPV 约 10%,2025 年末次高峰 IFV 突破 46%,RSV 回升至 10% 以上,而 HMPV 维持低水平;第 3 组全年持续低水平流行,无明显季节性,表现为与上述两组交替的流行小峰,其中 HRV 强度最高(12% ~ 16%),普通冠状病毒于 2025 年第 33 周前后出现约 10% 的独立高峰,与 HRV 呈错峰流行,HBoV 与 *GAS* 阳性率持续低于 5%,波动平缓,仅伴随其他病原体流行出现小幅波动,整体呈持续散发状态。

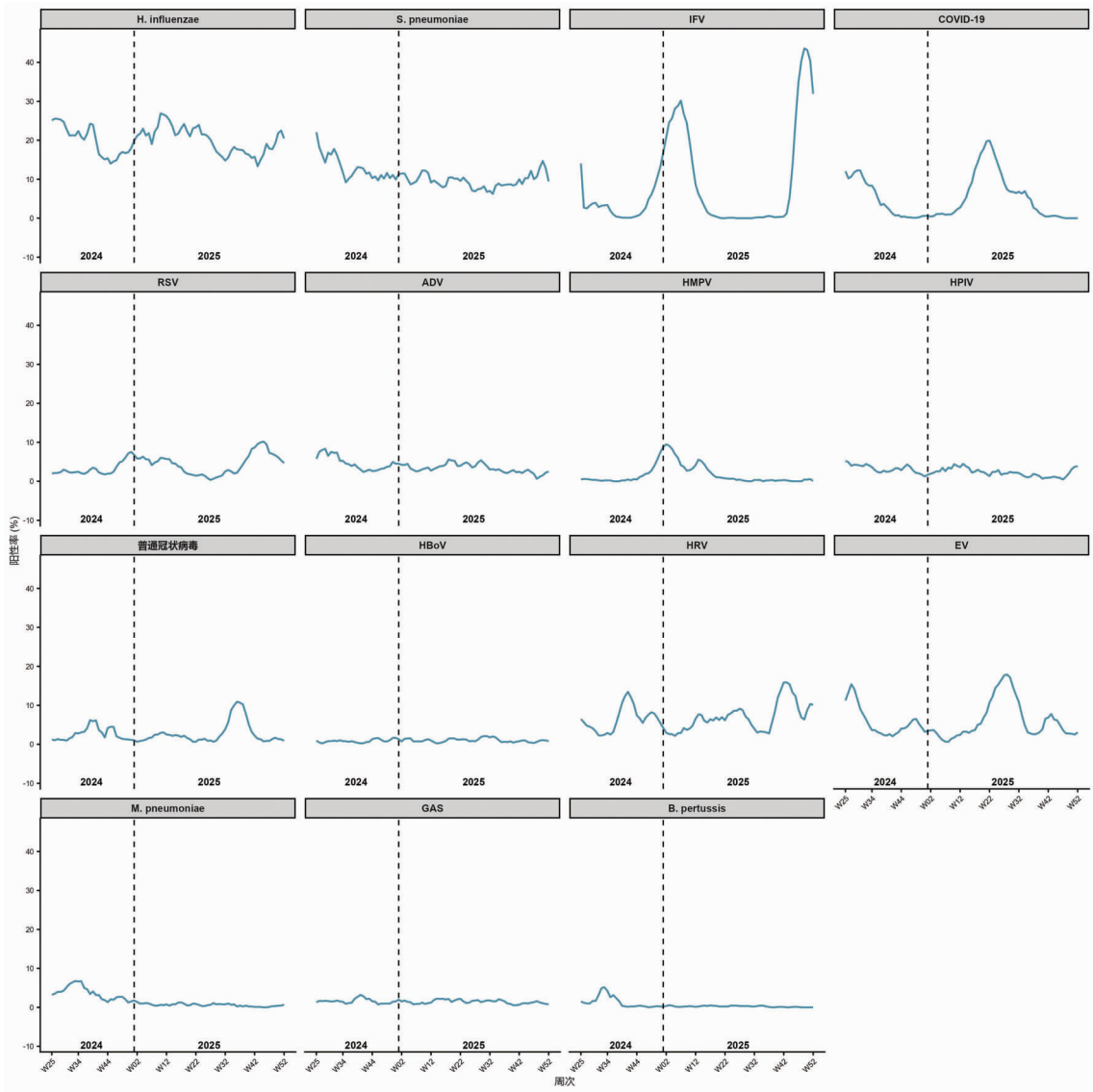


图 3　各病原体阳性率时间分布

Fig. 3　Time distribution of positive rates for each pathogen

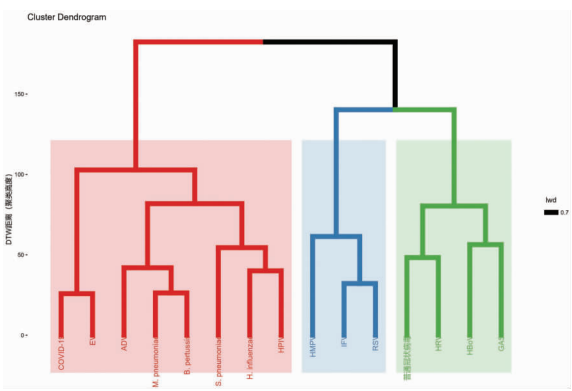
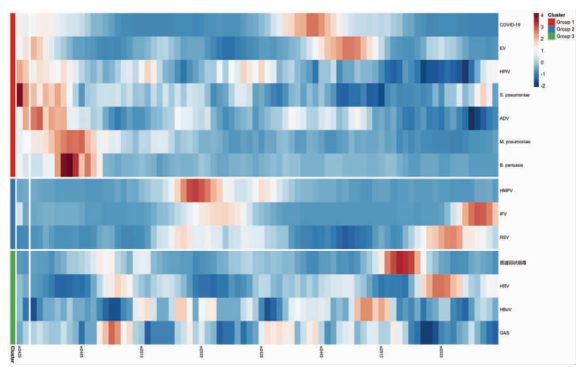


图 4　病原体流行趋势聚类树状图

Fig. 4　Pathogen epidemic trend cluster dendrogram



注：图中红、蓝、绿 3 个组分别对应同颜色的 3 个聚类组的热图。

图 5　病原体阳性率时间序列聚类热图（标准化后）

Fig. 5　Time series clustering heatmap of pathogen positive rates (standardized)

2.3　地区分布特征　贵州省 10 个多病原监测哨点医院位置分布见图 7 中标点处。贵州省 2024—2025 年各市（州）均检出呼吸道多病原阳性标本，其中黔西南州阳性率最高（1 651，67.06%），遵义市阳性率最低（869，35.33%）。

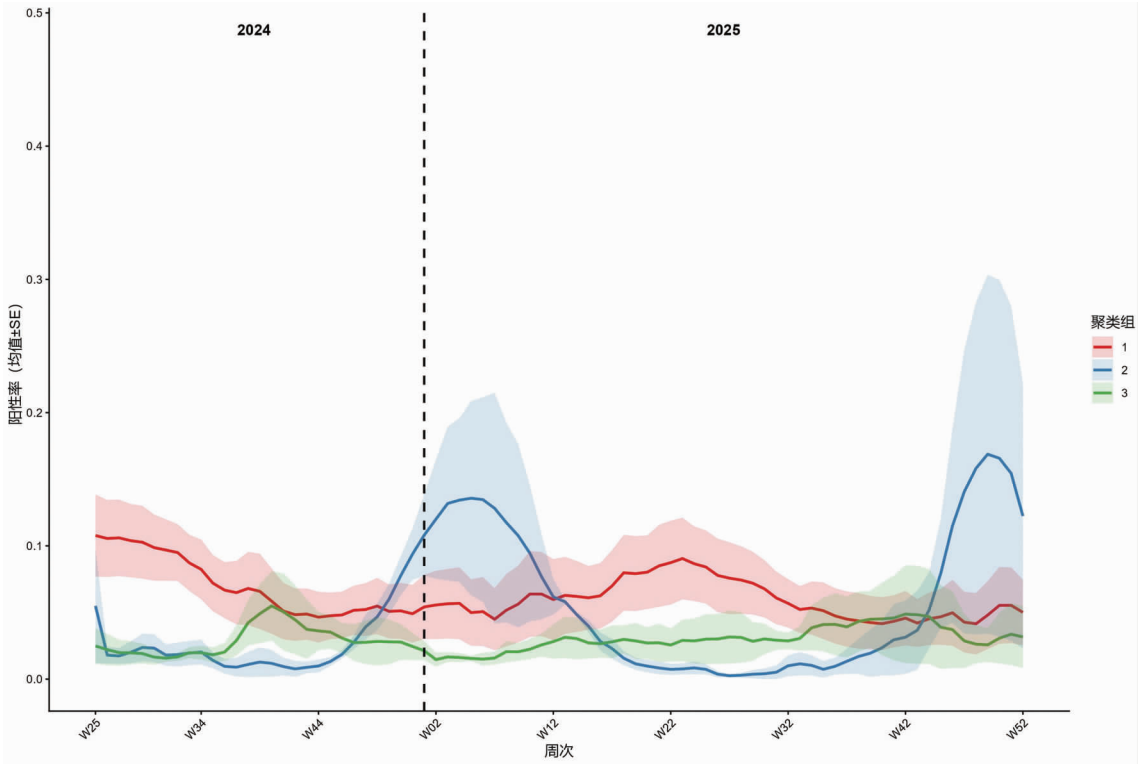


图 6 各聚类组病原体流行趋势（均值 ± 标准差）

Fig. 6 Pathogen prevalence trends for each cluster group (mean ± SD)

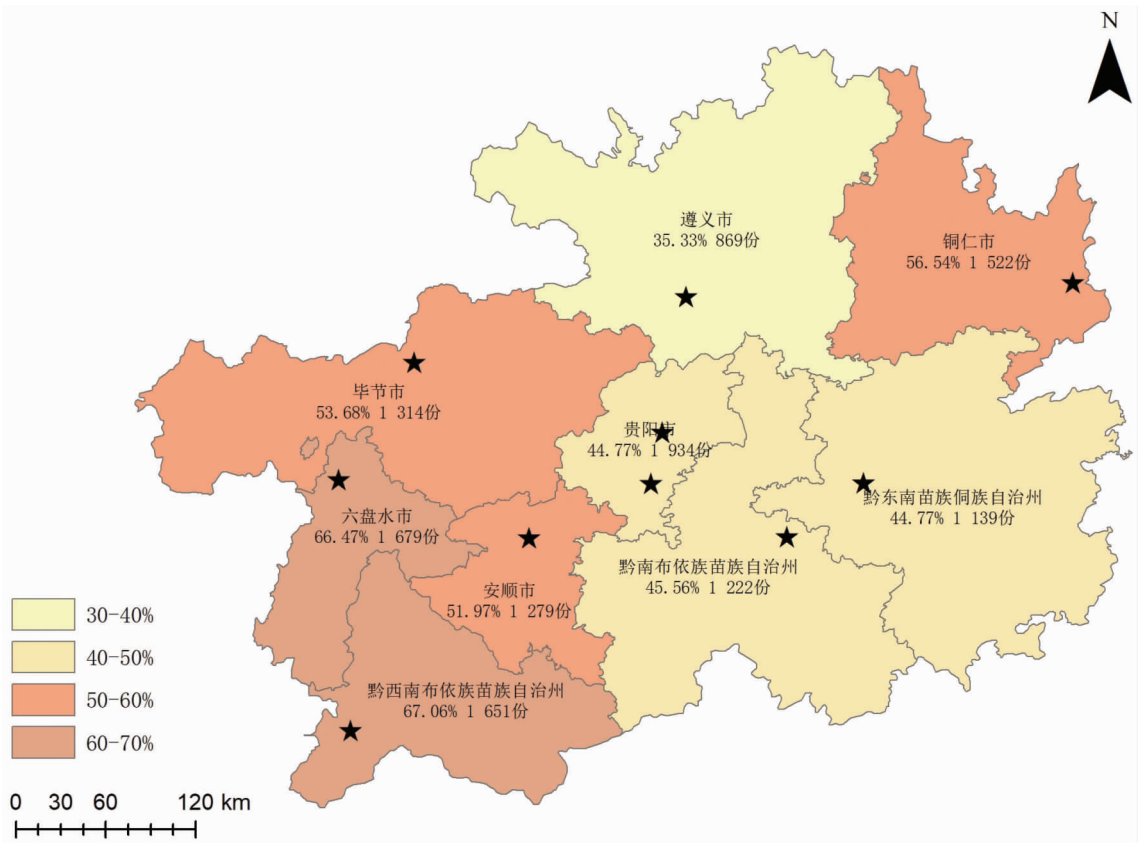


图 7 贵州省多病原哨点医院及多病原阳性标本分布图[审图号:GS(2024)0568 号]

Fig. 7 Distribution map of multi - pathogen sentinel hospitals and multi - pathogen positive specimens in Guizhou Province[Map Review No: GS(2024)0568]

进一步分析各市(州)阳性率较高的病原体发现，大多数地区阳性率较高的病原体为 *S. pneumoniae* 和 *H. influenzae*。除 *S. pneumoniae* 和 *H. influenzae* 以外，黔西南州 EV(11.60%)阳性率最高；安顺市 HRV(11.98%)阳性率最高；六盘水市、铜仁市、毕节市、黔南州、贵阳市、黔东南州和遵义市均为 IFV 阳性率最高，分别为 12.38%、8.21%、6.90%、7.85%、6.97%、13.52% 和 7.61%（见表 4）。

表 4　贵州省各市(州)呼吸道病原体检出份数及阳性率(%)

Table 4　Number of respiratory pathogen detections and positive rates in each city (prefecture) of Guizhou Province (%)

地区	*H. influenzae*	*S. pneumoniae*	IFV	HRV	EV	COVID-19	RSV	ADV
黔西南州	645(25.88)	367(14.73)	227(9.11)	220(8.83)	289(11.60)	142(5.70)	134(5.38)	171(6.86)
六盘水市	763(29.89	451(17.67)	316(12.38)	246(9.64)	257(10.07)	135(5.29)	135(5.29)	123(4.82)
铜仁市	631(23.11)	379(13.88)	224(8.21)	158(5.79)	185(6.78)	125(4.58)	143(5.24)	150(5.49)
毕节市	458(18.48)	338(13.64)	171(6.90)	142(5.73)	169(6.82)	114(4.60)	148(5.97)	115(4.64)
安顺市	739(29.31)	170(6.74)	227(9.00)	302(11.98)	45(1.79)	132(5.24)	39(1.55)	29(1.15)
黔南州	630(23.23)	290(10.69)	213(7.85)	123(4.54)	135(4.98)	137(5.05)	68(2.51)	85(3.13)
贵阳市	553(12.71)	341(7.84)	303(6.97)	198(4.55)	188(4.32)	231(5.31)	234(5.38)	164(3.77)
黔东南州	234(10.41)	90(4.00)	304(13.52)	113(5.03)	111(4.94)	176(7.83)	44(1.96)	52(2.31)
遵义市	269(10.71)	245(9.76)	191(7.61)	169(6.73)	96(3.82)	74(2.95)	44(1.75)	47(1.87)

2.4　合并感染情况分析

2.4.1　合并感染人群特征　2024—2025 年贵州省呼吸道多病原合并感染率为 19.27%(4 739/24 595)，其中男性合并感染率为 20.77%(2 759/13 284)，女性为 17.51%(1 980/11 311)，男性高于女性(χ^2 = 41.847，P < 0.001)；ILI 和 SARI 的合并感染率分别为 22.12%(3 615/16 345)、13.62%(1 124/8 250)，ILI 高于 SARI(χ^2 = 254.208，P < 0.001)。合并感染人群以 0 ~ 14 岁为主，占 78.43%；职业以散居儿童、幼托儿童、学生为主，占 76.18%。

2.4.2　合并感染病原体特征　合并感染病原体中以合并两种病原体感染为主，占 71.15%(3 372/4 739)(图 8)，以 *S. pneumoniae* + *H. influenzae* 感染最常见(占 8.17%)；合并三种病原体感染的占 23.74%（表 5)，主要为 *S. pneumoniae*、*H. influenzae* 共同或单独混合其他病原体感染，以 IFV + *S. pneumoniae* + *H. influenzae* 感染最常见(占 2.60%)；合并四种病原体感染的占 4.60%，仍以 *S. pneumoniae*、*H. influenzae* 共同混合其他病原体为主，其中 HRV + EV + *S. pneumoniae* + *H. influenzae* 最常见(占 0.70%)；合并五种病原体感染的占 0.46%，合并六种和七种病原体感染的标本各有 1 份。

S. pneumoniae 和 *H. influenzae* 属于上呼吸道定植菌，为排除二者对研究结果的影响，进一步分析除 *S. pneumoniae*、*H. influenzae* 以外的病原体合并感染情况，除 *S. pneumoniae* 和 *H. influenzae* 以外共有 630 份合并感染标本，以双重感染为主(占 91.75%)，其中排名前 3 的合并感染组合为 HRV + EV(占 12.86%)、HRV + IFV(占 5.71%)、HRV + COVID-19(占 2.70%)和 IFV + *GAS*(占 2.70%)，HRV 合并其他病原体感染较常见。

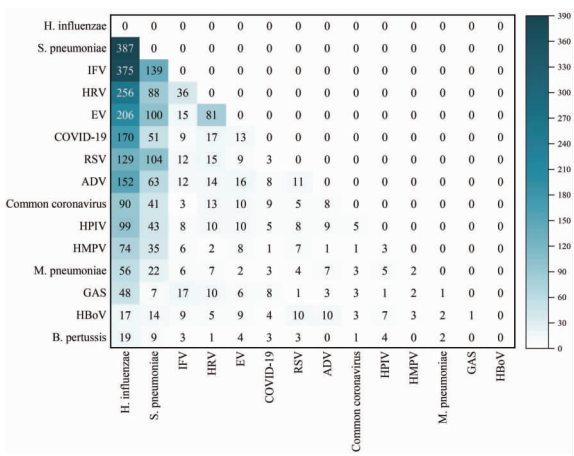


图 8　合并两种病原体感染模式图

Fig. 8　Combined infection pattern of two pathogens

表 5　三种病原体合并感染份数排名前 10 位

Table 5　Top 10 counts of co-infections by three pathogens

合并三种病原体感染类型	份数(份)	构成比(%)
IFV + *S. pneumoniae* + *H. influenzae*	123	2.60(123/4 739)
EV + *S. pneumoniae* + *H. influenzae*	84	1.77(84/4 739)
ADV + *S. pneumoniae* + *H. influenzae*	69	1.46(69/4 739)
HRV + *S. pneumoniae* + *H. influenzae*	68	1.43(68/4 739)
HRV + EV + *H. influenzae*	65	1.37(65/4 739)

（续表）

合并三种病原体感染类型	份数（份）	构成比（%）
RSV + *S. pneumoniae* + *H. influenzae*	46	0.97（46/4 739）
HPIV + *S. pneumoniae* + *H. influenzae*	41	0.87（41/4 739）
普通冠状病毒 + *S. pneumoniae* + *H. influenzae*	32	0.68（32/4 739）
HMPV + *S. pneumoniae* + *H. influenzae*	26	0.55（26/4 739）
COVID－19 + *S. pneumoniae* + *H. influenzae*	23	0.49（23/4 739）

3 讨 论

本研究对贵州省呼吸道多病原监测数据开展系统性分析，结果显示研究期间呼吸道病原体总阳性率为 51.27%，与同期安徽省结果（50.64%）基本持平[8]，但低于河南省（63.61%）[9]。这种差异可能与人群年龄构成不同有关，贵州省监测阳性病例中儿童占比较高，60 岁以上老年人占比较低。

为验证猜测，我们对年龄分层进行对比，贵州及河南等多地监测数据均显示，18 岁以下青少年儿童为呼吸道高感染人群，其病原体阳性率处于 32% ~ 85% 之间[7, 9, 10]，这可能与儿童免疫力低下、呼吸道狭窄、卫生习惯差有密不可分的关系[11]。进一步分析不同年龄组感染情况显示，*S. pneumoniae*、HRV、RSV 易在 0 ~ 4 岁人群中传播，*H. influenzae*、IFV、ADV、EV 易在 5 ~ 14 岁人群中传播，COVID－19 易在 15 ~ 59 岁人群中传播。该现象的形成与 HRV 等病原体分支亚型较多相关，反复感染不同亚型难以形成长期免疫，容易导致持续感染[12]，也有研究表明与儿童在学校聚集易发生感染有关[13]。

门诊 ILI 病例阳性率高于住院 SARI 病例，与安徽省监测结果相同[8]，有研究显示病毒载量会随着症状出现的时间而变化[14]，造成本次结果的原因可能是门诊采集的为发病 3 天内的病例，而住院采集的是发病 10 天内的病例，病毒载量受病程、治疗用药情况等因素影响下降。

为解决不同呼吸道病原体流行分布特征难以直观界定的问题，我们引入聚类分析，结果显示平均轮廓系数为 0.315，提示聚类存在一定结构，但整体区分度偏弱，主要与聚类所用的监测周期较少、季节流行趋势不显著有关，但其结果仍可反映监测期间不同病原体流行规律，可用于指导公共卫生防控。对于第 1 组和第 2 组，存在典型夏季（如 COVID－19、EV 等）和冬春季（如 IFV、RSV 等）高发的季节性呼吸道病毒聚类，易在特定季节流行，提示应在流行季来临前提前部署重点人群疫苗接种，在高峰期间强化防控措施；对于第 3 组呈现极低水平流行的病原体，提示其在人群中传播风险较低，可作为常规监测的补充指标。

分析呼吸道病原体检出情况发现，贵州省 *H. influenzae* 和 *S. pneumoniae* 的阳性率最高，*S. pneumoniae* 和 *H. influenzae* 在健康人群中比较常见，常定植在鼻咽部，属于上呼吸道的定植菌[15]，还有 HRV、HBoV、ADV 等也易定植于上呼吸道，这些病原体在健康人群中可长期或短暂定植于鼻咽部，并不一定引起临床症状，如健康儿童鼻咽部携带 *H. influenzae* 的概率为 80%，携带 *S. pneumoniae* 的概率为 20%，故检出此类病原体需结合宿主免疫状态、临床症状及病程综合判断，对于免疫力低下的人群定植菌易引发呼吸道感染[16]。而对于 RSV、IFV、COVID－19 等不常定植于上呼吸道的病原体，其检出结果与感染的相关性更高。

针对病原体合并感染结果显示，合并感染率为 19.27%。合并感染常见于男性、0 ~ 14 岁人群，以合并两种病原体感染为主。本研究发现贵州省 2024—2025 年合并感染以 *S. pneumoniae* 或 *H. influenzae* 合并其他病原体感染为主，由于二者同属于上呼吸道定植菌，研究结果可能会高于真实值，在排除二者后发现合并感染以 HRV 合并其他病原体感染为主，与湖北荆州市的研究结果相同[12]。合并感染中以细菌－病毒最为常见，多数呈正交互作用[17]，如欧洲一项监测结果显示 *H. influenzae* 和 *S. pneumoniae* 与其他病原体大多会产生协同作用[18]；部分病原体间存在抑制作用，它们被认为通过资源竞争、免疫反应和蛋白干扰等方式来干扰其他病原体的生长[19]。当前的研究结果仅揭示了病原体之间的统计关系，但其生物学机制仍不明确，这或许为未来的研究提供了新的路径。

总体而言，本研究系统分析 2024—2025 年贵州省呼吸道多种病原体的流行病学特征，明确其人群、时间、地区分布规律，厘清合并感染流行特点与优势病原组合，可为当地呼吸道传染病常态化监测、重点病原精准防控及合并感染综合防治策略制定提供数据支撑与科学参考。但仍存在一定不足，本研究的研究时段较短，无法完全反映病原体长期流行规律与季节周期变化；同时，标本种类为咽拭子，易受上呼吸道定植菌群干扰，造成部分病原感染率偏高；此外，本研究纳入监测病原种类有限，未涵盖肺炎衣原体、鹦鹉热衣原体等，后续需进一步拓宽监测范围，完善区域呼吸道病原监测体系。

利益冲突声明　本研究不存在任何利益冲突

参考文献

[1] Niederman MS, Torres A. Respiratory infections[J]. European Respiratory Review, 2022, 31(166): 220150.

[2] Witek TJ, Ramsey DL, Carr AN, et al. The natural history of community – acquired common colds symptoms assessed over 4 – years[J]. Rhinology, 2015, 53(1): 81 – 88.

[3] Jin XT, Ren JJ, Li RH, et al. Global burden of upper respiratory infections in 204 countries and territories, from 1990 to 2019[J]. eClinicalMedicine, 2021, 37(1): 100986.

[4] Lv GJ, Shi LM, Liu Y, et al. Epidemiological characteristics of common respiratory pathogens in children[J]. Scientific Reports, 2024, 14(1): 16299.

[5] 赵璐,柳颖秀. 923 例呼吸道感染患儿病原学特点及流行病学分析[J]. 实用预防医学,2025,32(8):1007 – 1010.
Zhao L, Liu YX. Pathogen Characteristics and epidemiological analysis of 923 children with respiratory tract infections[J]. Practical Preventive Medicine, 2025, 32(8): 1007 – 1010. (In Chinese)

[6] 吴晓晗,承丽,骆银珊,等. 2022—2023 年淮南市某院住院肺炎儿童呼吸道多种病原体流行特征及防控对策分析[J]. 实用预防医学,2025,32(5):614 – 617.
Wu XH, Cheng L, Luo YS, et al. Analysis of the epidemic characteristics and prevention and control strategies of multiple respiratory pathogens in hospitalized children with pneumonia in a hospital in Huainan City from 2022 to 2023[J]. Practical Preventive Medicine, 2025, 32(5): 614 – 617. (In Chinese)

[7] Li ZJ, Zhang HY, Ren LL, et al. Etiological and epidemiological features of acute respiratory infections in China[J]. Nature Communications, 2021, 12(1): 5026.

[8] 孙永,陆皖行,俞俊岭,等. 安徽省 2024 年急性呼吸道感染病原谱特征分析[J]. 安徽预防医学杂志,2025,31(3):177 – 181, 190.
Sun Y, Lu WH, Yu JL, et al. Analysis of pathogen spectrum characteristics of acute respiratory infections in Anhui province in 2024[J]. Anhui Journal of Preventive Medicine, 2025, 31(3): 177 – 181, 190. (In Chinese)

[9] 僧明华,赵升,杨凯朝,等. 河南省 7 034 例急性呼吸道感染病例多病原检测结果分析[J]. 现代疾病预防控制,2025,36(5):325 – 330.
Seng MH, Zhao S, Yang KC, et al. Analysis of multi – pathogen detection results from 7034 acute respiratory infection cases in Henan Province[J]. Modern Disease Control and Prevention, 2025, 36(5): 325 – 330. (In Chinese)

[10] Liu YN, Zhang YF, Xu Q, et al. Infection and co – infection patterns of community – acquired pneumonia in patients of different ages in China from 2009 to 2020: a national surveillance study[J]. Lancet Microbe, 2023, 4(5): e330 – e339.

[11] Zhao P, Zhang Y, Wang J, et al. Epidemiology of respiratory pathogens in patients with acute respiratory infections during the COVID – 19 pandemic and after easing of COVID – 19 restrictions[J]. Microbiol Spectr, 2024, 12(11): e0116124.

[12] Luka MM, Otieno JR, Kamau E, et al. Rhinovirus dynamics across different social structures[J]. Npj Viruses, 2023, 1(1): 6.

[13] Bell C, Goss M, Norton D, et al. Descriptive epidemiology of pathogens associated with acute respiratory infection in a community – based study of K – 12 school children (2015 – 2023)[J]. Pathogens, 2024, 13(4): 340.

[14] Berger A, Groh AM, Diaz D, et al. Temporal dynamics of SARS – CoV – 2 detection in household contacts: divergences between time to first positive test, symptom onset, and maximum viral load[J]. Infectious Diseases and Therapy, 2025, 14(11): 2605 – 2617.

[15] Man WH, de Steenhuijsen Piters WA, Bogaert D. The microbiota of the respiratory tract: gatekeeper to respiratory health[J]. Nature Reviews Microbiology, 2017, 15(5): 259 – 270.

[16] Tikhomirova A, Kidd SP. Haemophilus influenzae and Streptococcus pneumoniae: living together in a biofilm[J]. Pathogens and Disease, 2013, 69(2): 114 – 126.

[17] Lalbiaktluangi C, Yadav MK, Singh PK, et al. A cooperativity between virus and bacteria during respiratory infections[J]. Front Microbiol, 2023, 14(1): 1279159.

[18] Horemheb – Rubio G, Eggeling R, Schmeiβer N, et al. Respiratory viruses dynamics and interactions: ten years of surveillance in central Europe[J]. BMC Public Health, 2022, 22(1): 1167.

[19] Piret J, Boivin G. Viral interference between respiratory viruses[J]. Emerging Infectious Diseases, 2022, 28(2): 273 – 281.

收稿日期:2026-03-31

(上接第 3400 页)

[17] Qie RR, Huang H, Sun PY, et al. Combined healthy lifestyles and risk of depressive symptoms: a baseline survey in China[J]. Journal of Affective Disorders, 2024, 363(1): 152 – 160.

[18] Zeng X, Liu S, Liu Y, et al. Smoking prevalence in urban and rural areas – China, 2024[J]. China CDC Wkly, 2025, 7(22): 751 – 759.

[19] Chan KH, Xiao D, Zhou MG, et al. Tobacco control in China[J]. Lancet Public Health, 2023, 8(12): e1006 – e1015.

[20] Central Government of the People's Republic of China. Healthy China Initiative (2019 – 2030)[EB/OL]. [2026 – 08 – 11]. https://www.gov.cn/xinwen/2019 – 07/15/content_5409694.htm.

[21] Chen ST, Hong JT, Milton K, et al. Analysis of national physical activity and sedentary behaviour policies in China[J]. BMC Public Health, 2023, 23(1): 1024.

[22] Yu D, Zhao L, Zhao W. Status and trends in consumption of grains and dietary fiber among Chinese adults (1982 – 2015)[J]. Nutrition Reviews, 2020, 78(Suppl 1): 43 – 53.

[23] Chu Y, Aune D, Yu C, et al. Temporal trends in sleep pattern among Chinese adults between 2010 and 2018: findings from five consecutive nationally representative surveys[J]. Public Health, 2023, 225(1): 360 – 368.

收稿日期:2026-03-26