·专题报道——预防流感，守护健康·

2023—2024 年贵州省流感样病例人鼻病毒流行病学及 VP4/VP2 基因特征分析

庄丽，吴萍，郑菊，柯倩，蒋维佳

贵州省疾病预防控制中心实验中心病毒科，贵阳 550004
通信作者：蒋维佳，E-mail：245791378@qq.com

【摘　要】目的 了解贵州省流感样病例中人鼻病毒的流行特征，并分析人鼻病毒的 VP4/VP2 基因特征及变化规律。**方法** 收集贵州省 2023—2024 年流感样病例咽拭子 8 451 份，通过多重荧光定量 PCR 方法对其进行人鼻病毒（HRV）、流感病毒（IFV）、呼吸道合胞病毒（RSV）、副流感病毒（HPIV）、腺病毒（ADV）、普通冠状病毒（HCoV）、新型冠状病毒（SARS-CoV-2）、偏肺病毒（HMPV）、肠道病毒（EV）、博卡病毒（HBoV）和肺炎支原体（MP）共 11 种常见病原体检测；采用 SPSS 22 对各病原体检出率进行 χ^2/*Fisher* 检验分析；筛选 HRV 阳性样本进行 VP4/VP2 基因测序，采用 MEGA 等软件进行 VP4/VP2 基因分型及遗传进化分析。**结果** 共检测出 11 种常见病原体阳性样本 3 602 份，总阳性率为 42.62%，单一病原体检出率最高为 SARS-CoV-2（6.63%），其次是 HRV（6.41%）。HRV 年龄组间检出率差异有统计学意义（P<0.001），检出率最高为 0～4 岁（8.33%），≥60 岁检出率最低（2.02%）；HRV 不同季节检出率差异有统计学意义（P<0.001），秋季检出率最高（9.20%），夏季（4.03%）检出率最低。HRV 混合感染检出率为 1.93%，以 HRV 与 EV 的混合感染检出最多，检出率为 0.56%。共获得 42 条 HRV 的 VP4/VP2 基因序列，其中 32 株 HRV-A，2 株 HRV-B，8 株 HRV-C。**结论** HRV 是贵州省 2023—2024 年流感样病例的主要病原体之一，并存在 HRV-A、HRV-B、HRV-C 的共同流行。

【关键词】 流感样病例；人鼻病毒；流行病学；VP4/VP2 基因；贵州省

Epidemiological characteristics of human rhinovirus and VP4/VP2 gene in influenza-like cases in Guizhou province from 2023 to 2024

ZHUANG Li, WU Ping, ZHENG Ju, KE Qian, JIANG Weijia (*Virology Department*, *Experimental Center*, *Guizhou Provincial Center for Disease Control and Prevention*, *Guiyang* 550004, *China*)
Corresponding author: JIANG Weijia, E-mail: 245791378@qq.com

【Abstract】 Objective To understand the epidemiological characteristics of human rhinovirus (HRV) in influenza-like cases in Guizhou province, and analyze the VP4/VP2 gene features and variation patterns of HRV. **Methods** A total of 8 451 throat swabs were collected from influenza-like cases in Guizhou province from 2023 to 2024. Multiplex fluorescent quantitative PCR was employed to detect 11 common pathogens: HRV, influenza virus (IFV), respiratory syncytial virus (RSV), human parainfluenza virus (HPIV), adenovirus (ADV), human common coronavirus (HCoV), severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2), human metapneumovirus (HMPV), enterovirus (EV), human bocavirus (HBoV), and *Mycoplasma pneumoniae* (MP). SPSS 22 was used for χ^2/*Fisher* test on the detection rates of various pathogens. The HRV-positive samples were selected for VP4/VP2 gene sequencing, and MEGA was used for VP4/VP2 gene typing and phylogenetic analysis. **Results** A total of 3 602 positive samples for 11 common pathogens were detected, with a total positive rate of 42.62%. SARS-CoV-2 showed the highest single-pathogen detection rate (6.63%), followed by HRV (6.41%). The detection rate of HRV varied among age groups (P < 0.001), being the highest in the age group of 0–4 years old (8.33%) and the lowest in the age group of ≥ 60 years old (2.02%). In addition, the detection rate of HRV varied among different seasons (P < 0.001), being the highest in autumn (9.20%) and the lowest in summer (4.03%). The detection rate of mixed infections of HRV was 1.93%, and the mixed infection of HRV and EV had the highest detection rate at 0.56%. A total of 42 HRV VP4/VP2 gene sequences were obtained, comprising 32 sequences of HRV-A, 2 sequences of HRV-B, and 8 sequences of HRV-C. **Conclusions** HRV is one of the main pathogens causing influenza-like cases in Guizhou province during 2023–2024, and HRV-A, HRV-B, and HRV-C coexist as the common species.

【Keywords】 influenza-like cases; human rhinovirus; epidemiology; VP4/VP2 genes; Guizhou province

开放获取：CC BY-NC-ND 4.0 DOI：10.11847/zgggws1147049
基金项目：贵州省科技计划项目（黔科合支撑〔2021〕一般 025）；贵州省科技计划项目（黔科合支撑〔2021〕一般 028）
第一作者：庄丽（1980—），副主任医师，硕士，研究方向：呼吸道病毒检测。
收稿日期：2025-02-10　修回日期：2025-05-31　录用日期：2025-08-12
利益冲突：不存在　伦理审查：已获取　出版授权：全体作者已与编辑部签署作者贡献声明及版权转让协议

人鼻病毒（human rhinovirus，HRV）为单股正链 RNA 病毒，属于小 RNA 病毒科（*Picornaviridae*）肠道病毒属（*Enterovirus genus*），是引发人类急性呼吸道感染最常见的主要病原体之一，也是流感样病例最常见的病因之一[1]。HRV 病毒主要通过接触和飞沫传播，临床表现多样，可引起轻度上呼吸道感染，也可引发严重的下呼吸道疾病，尤其是婴幼儿，还会引发支气管炎、哮喘和慢性阻塞性肺炎等肺部疾病急性加重[2]。根据国际病毒分类委员会（International Committee on Taxonomy of Viruses, ICTV）的定义，HRV 分为 A、B、C 3 个型别，共 169 个基因型，其中 HRV-A 包括 80 个基因型，HRV-B 包括 32 个基因型，HRV-C 包括 57 个基因型[3]。HRV 基因可编码 11 个蛋白，包括 4 种结构蛋白和 7 种非结构蛋白，其中 4 种结构蛋白 VPl、VP2、VP3、VP4 组成壳粒包裹 RNA。VPl、VP2、VP3 部分序列暴露在壳粒表面，VP4 完全不暴露在壳粒表面[4]。HRV 的 VP4/VP2 区编码蛋白的核苷酸序列包含抗体特异中和位点，具有广泛的遗传分化特征，故目前仍然普遍采用 VP4/VP2 区作为流行病学研究中的分型鉴定[5]。HRV 基因型众多，不同型别与疾病的致病相关性尚不明确，不同地区、年份和年龄组人群的 HRV 检出率及呼吸道病原谱组成均有所不同。本研究通过对 2023—2024 年贵州省流感样病例咽拭子进行 HRV 的病原学检测及 VP4/VP2 基因测序分型，为了解贵州省 HRV 的流行特征及 VP4/VP2 基因特征变化规律提供数据支持。

1 材料与方法

1.1 *样本来源*　研究对象为贵州省 9 个市州（贵阳市、铜仁市、安顺市、遵义市、毕节市、黔西南州、黔南州、黔东南州、六盘水市）流感哨点监测医院的门诊流感样病例及住院流感样病例，流感样病例的病例定义为同时具备体温≥38 ℃ 并伴有咳嗽或咽痛症状之一的患者。采样日期为 2023 年 10 月—2024 年 9 月，每周一至周四定期采集符合流感样病例定义的咽拭子（包括口咽拭子及鼻咽拭子）样本，采样 48 h 内冷藏保存送至贵州省流感网络实验室进行呼吸道病原体多病原检测。本研究共采集样本 8 451 份，所涉及采样信息为性别、年龄、发病日期、采样日期及送样日期。根据年龄不同将病例分为 4 组：0～4 岁（学龄前组）、5～14 岁（学龄组）、15～59 岁（中青年组）、≥60 岁（老年组）。春季为 3—5 月；夏季为 6—8 月；秋季为 9—11 月；冬季为 12 月—次年 2 月。本研究经贵州省疾病预防控制中心伦理委员会审批通过，批件号为 S2020-08。

1.2 *主要试剂与仪器*　多重荧光定量 PCR 病毒检测（multiplex real time polymerase chain reaction, MRT-PCR）试剂盒为 DNA/RNA 提取试剂盒（西安天隆科技有限公司）；呼吸道多病原检测试剂盒（深圳生科原有限公司），检测项目包括 HRV、流感病毒（influenza virus, IFV）、呼吸道合胞病毒（respiratory syncytial virus，RSV）、副流感病毒（human parainfluenza, HPIV）、腺病毒（respiratory adenovirus, ADV）、普通冠状病毒（human coronavirus, HCoV）、新型冠状病毒（severeacuterespiratory syndromecoronavirus 2, SARSCoV-2）、偏肺病毒（metapneumovirus, HMPV）、肠道病毒（enterovirus, EV）、博卡病毒（human bocavirus, HBoV）和肺炎支原体（mycoplasma pneumoniae, MP）。主要仪器为自动核酸提取仪（西安天隆科技有限公司）及荧光 PCR 仪（西安天隆科技有限公司）。

1.3 *检测方法*

1.3.1 *11 种常见病原体检测样本筛选*　通过多重荧光定量 PCR 病毒检测（multiplex real time polymerase chain reaction, MRT-PCR）方法进行样本筛选。按照 MRT-PCR 检测试剂盒说明书进行操作。

1.3.2 *VP4/VP2 基因测序*　对检测出的所有 HRV 阳性样本，通过荧光定量 PCR 法筛选 CT 值≤30 的 HRV 阳性样本，送至上海伯杰有限公司通过双脱氧测序法（Sanger）进行 VP4/VP2 基因测序。

1.4 *统计分析*　使用 SPSS 22 统计软件对贵州省流感样病例中人鼻病毒检出率进行不同性别、不同年龄组和不同季节的分类数据（计数）分析，采用 χ^2 检验或 Fisher 检验分析病原体检出率差异，采用双侧检验水准为 α=0.05。计数资料采用率（%）描述。通过 NCBI 数据库（www.ncbi.nlm.nih.gov）下载不同型别 HRV 原型株的 VP4/VP2 基因参考序列D00239.1（HRV-A1B）；FJ445126.1（HRV-A31）；FJ445154.1（HRV-A77）；FJ445122.1（HRV-A22）；DQ473486.1（HRV-B6）；PQ525433.1（HRV-C16）等。使用 MEGA 软件基于 VP4/VP2 序列进行基因分型，使用邻接法（neighbor-joining method, NJ）构建亲缘关系进化树。采用 Kimura 2-parameter model 模型对人鼻病毒和参考株进行样本间平均遗传距离分析。

2 结　果

2.1 *呼吸道常见病原体检出情况*　共检测 8 451 份呼吸道咽拭子样本，11 种常见呼吸道病原体总检出率为 42.62%（3 602/8 451），检出率前 3 位的是 SARS-CoV-2，检出率 6.63%（560/8 451），HRV 检出率 6.41%（542/8 451），EV 检出率 5.61%（474/8 451）。其他病原体的检出率依次为 ADV 检出

率4.69%(396/8 451)、IFV 检出率4.24%(358/8 451)、MP 检出率 3.93%(332/8 451)、HPIV 检出率 3.86%(326/8 451)、RSV 检出率 3.15%(266/8 451)、HCoV 检出率 2.52%(213/8 451)。检出率较低的有 HMPV 检出率 0.80%(68/8 451)、HBoV 检出率 0.79%(67/8 451)。

2.2 HRV 病毒混合感染检出情况(表 1) HRV 病毒混合感染检出率为 1.93%(163/8 451),其中 2 种病原体混合感染检出率 1.68%(142/8 451),3 种病原体混合感染检出率 0.25%(21/8 451)。检出 2 种病原体的混合感染模式有 9 种组合方式,在 HRV 混合感染中占比 87.12%(142/163),HRV 与 EV、RSV、HCoV、HMPV、HPIV、HBoV、ADV、SARS-CoV-2、MP 均有检出。其中 HRV 与 EV 的混合感染检出率最高,为 0.56%(47/8 451),HRV 与 HBoV 的混合感染检出率最低为 0.02%(2/8 451)。χ^2 检验分析结果显示,HRV+EV 混合感染与 HRV+HPIV 混合感染的检出率差异有统计学意义(χ^2=9.095,P=0.003),HRV+EV 混合感染与其他 7 种混合感染的检出率差异均有统计学意义(P 值均<0.001);检出 3 种病原体的混合感染模式有 15 种组合方式,在 HRV 混合感染中占比 12.88%(21/163),但每种组合的检出率均较低。其中 HRV 与 ADV+EV 的混合感染检出率稍高,为 0.05%(4/8 451),在混合感染中占比 2.45%(4/163);其次 HRV 与 HPIV+EV、ADV+MP、RSV+ADV 的 3 重混合感染检出率均为 0.02%(2/8 451),在混合感染中占比均为 1.23%(2/163);HRV 与 EV+MP、RSV+EV、HBoV+EV、SARS-CoV-2+EV、RSV+MP、HBoV+MP、HPIV+MP、IFV+ADV、ADV+HCoV、SARS-CoV-2+HCoV、HMPV+HCoV 的混合感染检出最少,均为 1 例。

2.3 不同性别、年龄段和季节 HRV 检出情况差异性分析(表 2、3) 8 451 份样本中,男性患者检出率 6.50%;女性患者检出率 6.31%,不同性别检出率差异无统计学意义(P>0.05);0～4 岁样本检出率(8.33%)最高,5～14 岁检出率(6.13%)及 15～59 岁检出率(6.05%)次之,≥60 岁检出率(2.02%)最低,年龄组间检出率差异有统计学意义(P<0.001);不同季节间检出率最高为秋季(9.20%),其次为春季(7.39%)、冬季(4.81%),夏季(4.03%)检出率最低。不同季节间比较差异有统计学意义(P<0.001)。HRV 每月均有检出,检出率最高为 10 月(9.34%),其次为 9 月(9.27%),10 月和 9 月形成全年最大的一个流行高峰,另一个稍小的峰值出现在 5 月。

2.4 HRV 病毒 VP4/VP2 基因测序 通过荧光定量 PCR 法对所有 HRV 阳性样本进行筛选,CT 值≤30 的样本纳入测序。共筛选出合格 HRV 阳性样本 42 份,对其进行 VP4/VP2 基因测序,最终获得 42 条 HRV 病毒基因序列。

表 1 2023—2024 年贵州省人鼻病毒混合感染检出情况
Table 1 Detection of mixed infections of human rhinovirus in Guizhou province from 2023 to 2024

混合感染模式	病原体	阳性样本/份	检出率/%
2种病原体	HRV+EV	47	0.56
	HRV+RSV	18	0.21
	HRV+HCoV	9	0.11
	HRV+HMPV	3	0.04
	HRV+HPIV	22	0.26
	HRV+HBoV	2	0.02
	HRV+ADV	16	0.19
	HRV+SARS-CoV-2	12	0.14
	HRV+MP	13	0.15
3种病原体	HRV+ADV+EV	4	0.05
	HRV+HPIV+EV	2	0.02
	HRV+ADV+MP	2	0.02
	HRV+RSV+ADV	2	0.02
	HRV+EV+MP	1	0.01
	HRV+RSV+EV	1	0.01
	HRV+HBoV+EV	1	0.01
	HRV+SARS-CoV-2+EV	1	0.01
	HRV+RSV+MP	1	0.01
	HRV+HBoV+MP	1	0.01
	HRV+HPIV+MP	1	0.01
	HRV+IFV+ADV	1	0.01
	HRV+ADV+HCoV	1	0.01
	HRV+SARS-CoV-2+HCoV	1	0.01
	HRV+HMPV+HCoV	1	0.01
合计		163	1.93

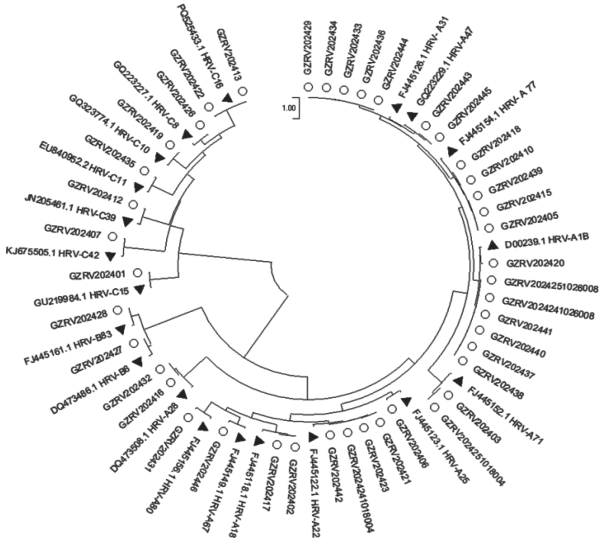
表 2 不同性别、年龄、季节 HRV 检出情况
Table 2 Detection of HRV in different genders, age groups, and seasons

特征	分类	总检测数/份	阳性数/份	检出率/%	χ^2值	P值
性别	男性	4 571	297	6.50	0.117	0.732
	女性	3 880	245	6.31		
年龄/岁	0～4	3 564	297	8.33	63.770	<0.001
	5～14	1 207	74	6.13		
	15～59	2 396	145	6.05		
	≥60	1 284	26	2.02		
季节	春季	1 557	115	7.39	74.709	<0.001
	夏季	3 550	143	4.03		
	秋季	2 804	258	9.20		
	冬季	540	26	4.81		

表 3 2023—2024 年贵州省人鼻病毒每月检出情况
Table 3 Monthly detection of human rhinovirus in Guizhou province from 2023 to 2024

月份	检测样本数/份	阳性样本数/份	检出率/%
1	187	10	5.35
2	240	14	5.83
3	360	25	6.94
4	452	33	7.30
5	745	57	7.65
6	1 027	66	6.43
7	1 296	45	3.47
8	1 229	32	2.60
9	1 403	130	9.27
10	1 264	118	9.34
11	140	10	7.14
12	108	2	1.85
总计	8 451	542	6.41

2.4.1 HRV 病毒 VP4/VP2 基因进化分析（图 1、表 4） 基于 HRV 病毒 VP4/VP2 基因序列构建基因进化树进行基因分型，共发现 32 株 HRV-A，2 株 HRV-B，8 株 HRV-C。型别间检出差异有统计学意义（χ^2=54.000，P<0.001）。其中 HRV-A 检出 11 个基因型，HRV-C 检出 7 个基因型，HRV-B 检出 2 个基因型。



注：○本研究 HRV-VP4/VP2 基因序列；▲ HRV 原型株 VP4/VP2 基因序列。

图 1 基于人鼻病毒 VP4/VP2 基因序列构建基因进化树
Fig. 1 Phylogenetic tree of human rhinovirus based on VP4/VP2 gene sequences

2.4.2 HRV 病毒相同型别间核苷酸平均遗传距离分析 HRV-A 与参考株的核苷酸平均遗传距离为 0.068～0.131：HRV-A18 为 0.005，HRV-1B 为 0～0.127，HRV-A22 为 0.008～0.02，HRV-A28 为 0.005，HRV-A31 为 0.001～0.015，HRV-A47 为 0.006，HRV-A71 为 0.002，HRV-A77 为 0.002～0.054；HRV-B 与参考株的核苷酸平均遗传距离为 0.087～0.129；HRV-C 与参考株的核苷酸平均遗传距离为 0.005～0.158。

表 4 2023—2024 年贵州省人鼻病毒分型情况
Table 4 Gene typing of human rhinovirus in Guizhou province from 2023 to 2024

基因型	亚型	数量/株	构成比/%
HRV-A	HRV-A18	2	4.76
	HRV-A22	4	9.52
	HRV-A25	1	2.38
	HRV-A28	2	4.76
	HRV-A31	5	11.90
	HRV-A47	2	4.76
	HRV-A67	1	2.38
	HRV-A71	2	4.76
	HRV-A77	5	11.90
	HRV-A80	1	2.38
	HRV-A1B	7	16.67
HRV-B	HRV-B6	1	2.38
	HRV-B83	1	2.38
HRV-C	HRV-C16	2	4.76
	HRV-C10	1	2.38
	HRV-C11	1	2.38
	HRV-C15	1	2.38
	HRV-C39	1	2.38
	HRV-C8	1	2.38
	HRV-C42	1	2.38

3 讨　论

人鼻病毒是引起急性呼吸道感染的主要病原体之一。人鼻病毒在儿童病例中可引起肺巨噬细胞对病原体的免疫反应发生改变，减弱机体的防御功能，增加机体各器官的感染损害及人鼻病毒的变异风险；在成人病例中出现慢性阻塞性肺部疾病急性加重及哮喘急性发作时，常常可检测到人鼻病毒[6]；在老年人群及免疫功能低下人群中可引发肺炎、支气管炎及哮喘等疾病的急性加重[2]。此外，特定型别的人鼻病毒能够引起聚集性暴发疫情，可导致更为严重的呼吸道症状甚至死亡[7]。

本次调查贵州省流感样病例中呼吸道病原体检出率前 3 位分别是新型冠状病毒、人鼻病毒、肠道病毒，人鼻病毒检出率排名第 2 位，仅次于新冠病毒。相较于其他省市，贵州省人鼻病毒检出率高于徐州市[8]，低于宁夏回族自治区[9]、石家庄[10]、江苏省常熟市[11]、上海市[12] 及长春市[13]，原因可能是不同省市存在不同气候条件，比如温

度、湿度的差异。贵州省属于亚热带季风性气候，具有雨热同季等特点，日照少，降水多，相对湿度较高，与其他地区气候条件有明显差异。此外，不同地区的年龄人群构成有所不同，检测试剂灵敏性不同等因素均可导致 HRV 检出率不同。本次调查人鼻病毒检出率为 6.41%，与 2022 年贵州省人鼻病毒检出率相近[14]。相较于 2022 贵州省人鼻病毒的调查结果，本研究扩大了检测范围及检测数量，数据准确性更高，偏差更小。同时，人鼻病毒是非包膜病毒，病毒表面稳定性较高，对常规消毒剂、高温、极端 pH 值等有更强的抵抗力，在外界存活时间更长[15]。人鼻病毒可以通过空气和接触两种传播途径进行传播，佩戴口罩并不能有效降低人鼻病毒的传播。有研究表明人鼻病毒检出情况与流感病毒呈负相关，与腺病毒、呼吸道合胞病毒等呈正相关[16]，均与本次调查研究结果一致。

本次调查检出病原体以单一感染为主，HRV 合并其他病原体的混合感染占比较高，人鼻病毒是主要的混合感染病毒，与 HRV 混合感染的常见病原体 EV 检出最多，其次为 HPIV、RSV。混合感染组成模式包括 2 种病原体的混合感染和 3 种病原体的混合感染，与 2022 年贵州省 HRV 混合感染检出情况相似[14]。王焕焕[17] 研究结果显示 HRV 与 RSV 的混合感染出现时，临床症状比单独 HRV 感染更加严重，故后续应持续加强 HRV 混合感染监测，为临床诊断及治疗提供依据。

本次调查结果显示，不同年龄 HRV 检出率差异有统计学意义，0～4 岁检出率最高，随着年龄增加，HRV 检出率随之减少。与成都市[18]、广东省[19]、深圳市[20] 等地研究中的年龄分布特征类似。不同季节 HRV 检出率差异有统计学意义，秋季检出率最高，春季次之，夏季及冬季检出率较低，表现出明显季节性流行特征。与长春市[13] 的季节流行模式相似。但与上海市[12]、深圳市[20-21] 等地冬季检出率最高不同，说明地理环境、温湿度的气候条件和人群构成等因素，可能影响不同的季节流行模式。贵州省 HRV 全年均有检出，共出现 2 个高峰，最大的流行高峰出现在每年 9 月和 10 月，5 月出现另一个稍小的峰值。结合贵州省年龄组检出率最高为学龄前及学龄组，9 月是开学季，5、10 月均为学生在校期间，说明人鼻病毒检出率与学校开学时间有明显关联，人群聚集是形成流行高峰的主要原因之一 。

HRV 的 VP4/VP2 区关键氨基酸的变化可能会导致 HRV 的抗原性、宿主范围、生物学特征的改变，可长期作为 HRV 分型鉴定的依据。HRV-A 和 HRV-C 与临床症状表现为中度及重度疾病的病例相关，HRV-C 与哮喘发作密切相关，而 HRV-B 主要与临床症状表现较轻微（比如仅有轻微咳嗽或卡他症状）的病例相关[22-23]。本次调查结果显示，贵州省存在 HRV-A、HRV-B、HRV-C3 种基因型共同流行，HRV-A 为主要流行型别，HRV-C 次之、HRV-B 检出最少。与广东省[19]、徐州市[8]、长春市[13] 等地研究结果一致。HRV-A 共发现 11 个基因型，A1B 占比最多；HRV-C 共发现 7 个基因型，C16 占比最多；HRV-B 仅发现 2 个基因型，占比均较少。HRV 病毒相同型别样本间核苷酸平均遗传距离较近，说明各型别内的病毒变异程度较小。

目前 HRV 疫苗仍在研发过程中，需要持续提供大量的 HRV 基础数据，故持续进行人鼻病毒相关监测尤为重要。为降低人鼻病毒传播风险，建议保持良好的卫生习惯，戴口罩，勤洗手，尽量避免用手触摸眼、鼻或口。尤其是婴幼儿、老年人、患有基础病、免疫力低下的相关人群尽量减少人群聚集，降低传播风险。

数据可用性声明 本研究的数据来源于对人类受试者的研究，涉及个人敏感信息。在进行研究之前，研究团队已按照国际伦理准则和国家相关法律法规的要求，向贵州省疾病预防控制中心伦理委员会提交了详细的研究方案并获批准。由于数据的敏感性以及保护参与者隐私的需要，无法公开提供原始数据。

参考文献

[1] Souty C, Masse S, Valette M, et al. Baseline characteristics and clinical symptoms related to respiratory viruses identified among patients presenting with influenza-like illness in primary care[J]. Clinical Microbiology and Infection, 2019, 25(9): 1147-1153.

[2] Bizot E, Bousquet A, Charpié M, et al. Rhinovirus: a narrative review on its genetic characteristics, pediatric clinical presentations, and pathogenesis[J]. Frontiers in Pediatrics, 2021, 9: 643219.

[3] Simmonds P, Gorbalenya A E, Harvala H, et a. Recommendations for the nomenclature of enteroviruses and rhinoviruses[J]. Archives of Virology, 2020, 165(3): 793-797.

[4] Warner S M, Wiehler S, Michi A N, et al. D. Rhinovirus replication and innate immunity in highly differentiated human airway epithelial cells[J]. Respiratory Research, 2019, 20(1): 150.

[5] Mcintyre C L, Knowles N J, Simmonds P. Proposals for the classification of human rhinovirus species A, B and C into genotypically assigned types[J]. Journal of General Virology, 2013, 94(Pt 8): 1791-1806.

[6] Kan-O K, Washio Y, Fujimoto T, et al. Differences in the spectrum of respiratory viruses and detection of human rhinovirus C in exacerbations of adult asthma and chronic obstructive pulmonary disease[J].

Respiratory Investigation, 2022, 60(1): 129-136.

[7] El Idrissi K R, Isabel S, Carbonneau J, et al. Molecular and epidemiologic investigation of a rhinovirus outbreak in a neonatal intensive care unit[J]. Infection Control and Hospital Epidemiology, 2019, 40(2): 245-247.

[8] 祝雯雯, 吴畏畏, 高雪, 等. 2018—2021 年徐州市儿童流感样病例中肠道病毒和鼻病毒感染流行病学特征 [J]. 江苏预防医学, 2023, 34(6): 729-731.

[9] 苏艳艳, 王新宁, 曹憋, 等. 2021 年宁夏回族自治区银川市流感样病例人鼻病毒感染情况及基因分型研究 [J]. 疾病监测, 2023, 38(7): 812-818.

[10] 李岩, 韩光跃, 姜彩肖, 等. 河北省石家庄地区某哨点医院 2018—2020 年住院儿童肺炎患者鼻病毒流行病学及基因特征分析 [J]. 中国病毒病杂志, 2021, 11(4): 303-307.

[11] 李娜, 龚利强, 高祯, 等. 2021 年冬季江苏省常熟市成年人患者呼吸道鼻病毒感染分析 [J]. 疾病监测, 2023, 38(3): 270-276.

[12] 刘嘉婧, 邱琪, 张万菊, 等. 2020—2022 年上海市成年人急性呼吸道感染监测病例中病毒感染情况研究 [J]. 疾病监测, 2023, 38(7): 792-798.

[13] 夏百成, 马英伟, 孙利伟, 等. 2019—2021 年长春市儿童急性呼吸道感染病例中鼻病毒感染状况及其分子分型研究 [J]. 疾病监测, 2022, 37(4): 469-474.

[14] 庄丽, 柯倩, 郑菊, 等. 2022—2023 年贵州省呼吸道病毒病原谱及流感 A(H1N1)pdm 亚型病毒基因特征分析 [J]. 中国公共卫生, 2024, 40(9): 1045-1051.

[15] Firquet S, Beaujard S, Lobert P E, et al. Survival of enveloped and non-enveloped viruses on inanimate surfaces[J]. Microbes and Environments, 2015, 30(2): 140-144.

[16] Tanner H, Boxall E, Osman H. Respiratory viral infections during the 2009-2010 winter season in Central England, UK: incidence and patterns of multiple virus co-infections[J]. European Journal of Clinical Microbiology and Infectious Diseases, 2012, 31(11): 3001-3006.

[17] 王焕焕. 北京地区呼吸道感染住院儿童中人鼻病毒的流行状况和基因特征分析 [D]. 济南: 泰山医学院, 2011.

[18] 董泽丰, 郑田利, 范雪佳, 等. 2011—2013 年成都地区发热呼吸道症候群住院患儿鼻病毒流行病学特征 [J]. 吉林大学学报 (医学版), 2016, 42(1): 177-181.

[19] 杨康, 谢家敏, 黄鑫鑫, 等. 2019—2021 年广东省严重急性呼吸道感染病例中鼻病毒流行情况及其分子分型研究 [J]. 病毒学报, 2023, 39(2): 364-371.

[20] 余光清, 茬静, 唐启文, 等. 深圳地区急性上呼吸道感染中人鼻病毒的流行状况和基因特征分析 [J]. 职业与健康, 2018, 34(11): 1457-1460.

[21] Li L, Wang H P, Liu A L, et al. Comparison of 11 respiratory pathogens among hospitalized children before and during the COVID-19 epidemic in Shenzhen, China[J]. Virology Journal, 2021, 18(1): 202.

[22] Lauinger I L, Bible J M, Halligan E P, et al. Patient characteristics and severity of human rhinovirusinfections in children[J]. Journal of Clinical Virology, 2013, 58(1): 216-220.

[23] Kennedy J L, Pham S, Borish L. Rhinovirus and asthma exacerbations[J]. Immunology and Allergy Clinics of North America, 2019, 39(3): 335-344.