doi：10.7499/j.issn.1008-8830.2502050

论著·临床研究

住院患儿人偏肺病毒流行特征及重症肺炎危险因素分析

王祎轩[1,2]　路素坤[2,3]　黄坤玲[2,3]　曹丽洁[2,3]　褚亚娟[2,3]　牛波[2,3]

（1.河北医科大学研究生学院，河北石家庄　050017；2.河北省儿童医院/河北省儿童健康与疾病临床医学研究中心，河北石家庄　050031；3.河北省儿童医院呼吸二科，河北石家庄　050031）

［摘要］**目的**　分析住院患儿人偏肺病毒（human metapneumovirus, hMPV）的流行特征及重症肺炎的危险因素。**方法**　回顾性分析2019年1月—2023年12月于河北省儿童医院住院患儿的hMPV流行特征；并纳入2023年4—12月hMPV感染住院患儿的临床资料，通过logistic回归分析重症肺炎的独立危险因素。**结果**　共检测44 092例患儿，hMPV阳性率为7.30%（3 220/44 092）。3~6岁阳性患儿最多（1 318/3 220，40.93%）。不同年份检出率差异有统计学意义（P<0.001），其中2022年最高（978/7 919，12.35%）。2019—2021年为冬春季流行，2022—2023年转为春夏季。混合感染占比为38.70%（1 246/3 220）。以鼻病毒（600/1 246，48.15%）、肺炎支原体（217/1 246，17.42%）和呼吸道合胞病毒（182/1 246，14.61%）为主。hMPV肺炎主要表现为咳嗽、咳痰、发热。重症肺炎患儿年龄更小（P<0.05）。有喘息症状、基础病、混合感染及低龄为重症肺炎的独立危险因素（P<0.05）。**结论**　住院患儿hMPV流行特征存在显著年份及季节差异；低龄、基础病、喘息症状及混合感染是重症肺炎的独立危险因素。［中国当代儿科杂志，2025，27（10）：1205-1211］

［关键词］人偏肺病毒；流行病学；重症肺炎；危险因素；儿童

Epidemiological characteristics of human metapneumovirus and risk factors for severe pneumonia in hospitalized children

WANG Yi-Xuan, LU Su-Kun, HUANG Kun-Ling, CAO Li-Jie, CHU Ya-Juan, NIU Bo. Hebei Children's Hospital/Children's Health and Disease Clinical Medical Research Center of Hebei Province, Shijiazhuang 050031, China (Niu B, Email: 1994554492@qq.com)

Abstract: Objective　To investigate the epidemiological characteristics of human metapneumovirus (hMPV) and the risk factors for severe pneumonia in hospitalized children. **Methods**　The epidemiological characteristics of hMPV in hospitalized children at Hebei Children's Hospital from January 2019 to December 2023 were retrospectively analyzed. The clinical data of hospitalized children with hMPV infection from April to December 2023 were included, and independent risk factors for severe pneumonia were identified through logistic regression. **Results**　A total of 44 092 children were tested, with an hMPV positive rate of 7.30% (3 220/44 092). Children aged 3-6 years constituted the largest proportion (40.93%, 1 318/3 220) among hMPV-positive cases. The detection rate varied significantly by year (P<0.001), peaking in 2022 (12.35%, 978/7 919). The peak season of the epidemic was winter and spring from 2019 to 2021, but shifted to spring and summer from 2022 to 2023. The proportion of co-infection was 38.70% (1 246/3 220), primarily with rhinovirus (600/1 246, 48.15%), *Mycoplasma pneumoniae* (217/1 246, 17.42%), and respiratory syncytial virus (182/1 246, 14.61%). The main manifestations of hMPV pneumonia were cough, expectoration, and fever. Children with severe pneumonia were significantly younger (P<0.05). Wheezing, underlying diseases, co-infection, and younger age were identified as independent risk factors for severe pneumonia (P<0.05). **Conclusions**　There are significant annual and seasonal differences in the epidemiological characteristics of hMPV in hospitalized children. Young age, underlying diseases, wheezing, and co-infection are independent risk factors for severe pneumonia.

[Chinese Journal of Contemporary Pediatrics, 2025, 27(10): 1205-1211]

［收稿日期］2025-02-14；［接受日期］2025-07-24
［基金项目］河北省政府资助临床医学优秀人才培养项目（2022180）。
［作者简介］王祎轩，男，硕士研究生。
［通信作者］牛波，女，主任医师。Email：1994554492@qq.com。

Key words: Human metapneumovirus; Epidemiology; Severe pneumonia; Risk factor; Child

人偏肺病毒（human metapneumovirus, hMPV）是近年新发现的病毒，其结构及致病机制与呼吸道合胞病毒（respiratory syncytial virus, RSV）相似[1]。5岁以下患儿、老年人和免疫功能低下人群对hMPV易感，感染后多表现为上呼吸道症状，1周左右症状缓解；但严重者可出现毛细支气管炎、重症肺炎，免疫功能低下患者甚至可能死亡[2]。我国hMPV感染率呈上升趋势[3-10]，但河北地区相关研究仍较匮乏。本研究通过分析2019—2023年河北省儿童医院住院患儿的临床数据，旨在阐明hMPV的流行特征及重症肺炎的危险因素，为临床防治提供依据。

1 资料与方法

1.1 研究对象

研究对象为2019年1月—2023年12月河北省儿童医院hMPV阳性住院患儿。纳入标准：（1）确诊为hMPV感染的住院患儿；（2）年龄<14岁；（3）以呼吸道症状（咳嗽、咳痰、发热等）入院。排除标准：（1）在同一次住院过程中多次检测结果；（2）院内感染；（3）资料不完整。

病原检测方法：入院24 h内由护士使用吸痰设备吸取下呼吸道分泌物，经多重逆转录-聚合酶链反应和毛细电泳法检测病毒及非典型病原体（肺炎支原体、衣原体）；使用全自动微生物鉴定及药敏分析系统和平板培养法检测细菌。

肺炎诊断符合《儿童社区获得性肺炎诊疗规范（2019年版）》[11]中社区获得性肺炎的诊断标准。重症hMPV肺炎诊断参考《人偏肺病毒感染诊疗方案（2023年版）》[2]，具体为：（1）超高热或持续高热超过3 d；（2）出现气促（<2月龄，呼吸频率≥60次/min；2~12月龄，呼吸频率≥50次/min；1~5岁，呼吸频率≥40次/min；≥5岁，呼吸频率≥30次/min），除外发热和哭闹的影响；（3）静息状态下，吸空气时指氧饱和度≤93%；（4）出现鼻翼扇动、三凹征；（5）出现意识障碍或惊厥；（6）拒食或喂养困难，有脱水征；（7）出现呼吸衰竭，需要机械通气；（8）出现休克；（9）合并其他器官功能衰竭需入住重症监护室（intensive care unit, ICU）治疗。本研究为回顾性研究，经河北省儿童医院伦理委员会审核通过（医研伦审第2024106号），并免除患儿监护人知情同意。

1.2 临床资料收集

收集患儿一般情况（性别、年龄、入院时间）；临床症状及体征（咳嗽、咳痰、喘息、发热、肺部啰音）；疾病史（过敏史、喘息史、早产病史及基础病如支气管肺发育不良、哮喘等）；呼吸道病原体检测结果。

1.3 统计学分析

采用SPSS 21.0进行统计学分析。计数资料用频数和百分比（%）表示，组间比较采用χ^2检验。对于分类变量和重症肺炎的相关性分析，采用多因素logistic回归校正混杂因素，并计算比值比（odds ratio, *OR*）和95%置信区间（confidence interval, *CI*）。*P*<0.05为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 人口学资料

本研究检测44 092例患儿，共3 220例为hMPV阳性，总检出率为7.30%。其中男性1 882例（58.45%），女性1 338例（41.55%）。各年龄段均有检出，<1岁有759例（6.37%，759/11 920），1~3岁有784例（7.11%，784/11 023），3~6岁有1 318例（10.72%，1 318/12 294），≥6岁有359例（4.05%，359/8 855）。5年中，hMPV阳性患儿年龄分布差异有统计学意义（χ^2=384.071，*P*<0.001）。2019—2020年，3~6岁儿童取代<3岁儿童成为主要感染群体，其构成比显著高于2019—2020年。见表1。

表1 2019—2023年hMPV阳性患儿年龄分布情况

［例（%）］

时间	总数	<1岁	1~<3岁	3~<6岁	≥6岁
2019	394	186(47.20)	128(32.46)	68(17.26)	12(3.05)
2020	356	118(33.16)	105(29.49)	113(31.74)	20(5.61)
2021	336	68(20.24)	100(29.76)	146(43.45)	22(6.55)
2022	978	189(19.33)	191(19.53)	519(53.07)	79(8.07)
2023	1 156	198(17.13)	260(22.49)	472(40.83)	226(19.55)

2.2 hMPV阳性标本的年份和季节分布特征

2019—2023年均有hMPV检出。2022年检出率最高（12.35%，978/7 919），其次为2020年7.23%（356/4 926）、2023年6.84%（1 156/16 900）、2021年5.69%（336/5 908）、2019年4.67%（394/

8 439），不同年份检出率差异有统计学意义（χ^2=412.652，P<0.001）。检出率最低为0.16%（2019年9月），最高为27.12%（2022年5月），见图1。各年份hMPV流行高峰不同（图2）。2019—2021年为冬春季，2022—2023年转为春夏季，2023年在夏季达到高峰后，秋冬季检出率下降不明显。

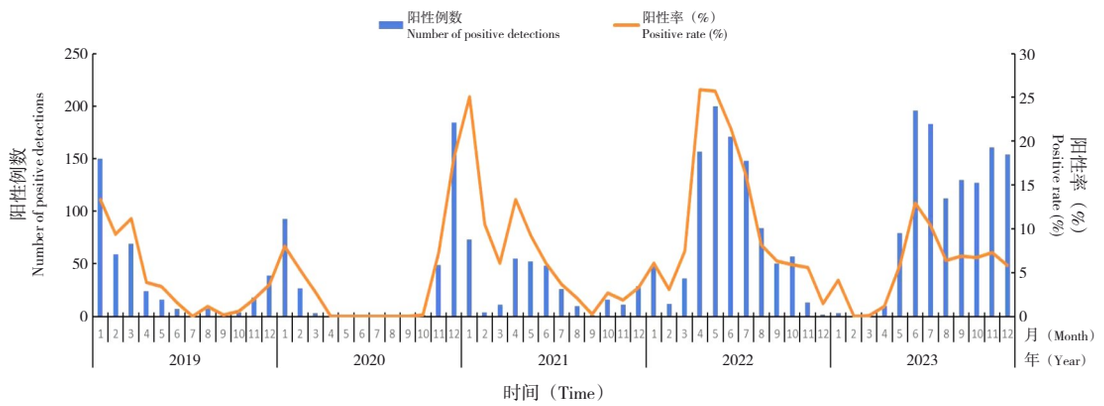


图1　2019~2023年河北省儿童医院住院患儿hMPV检出情况

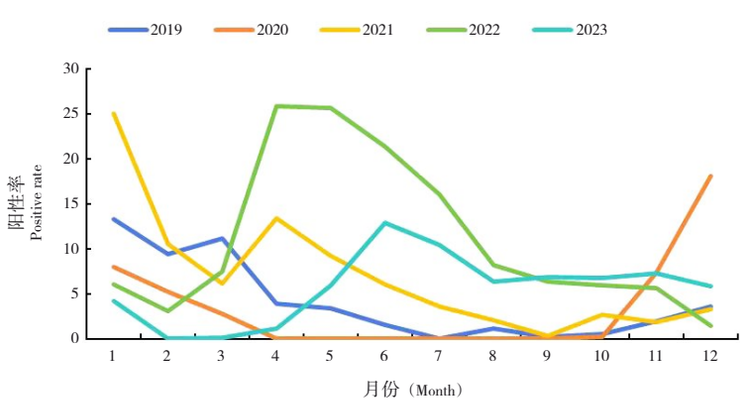


图2　2019—2023年河北省儿童医院住院患儿hMPV检出月份分布

2.3　hMPV感染病例混合检出情况

3 220例hMPV阳性标本中，1 246例与其他病原同时检出，混合感染占比为38.70%。同时检出的另1种病原体中，鼻病毒（human rhinovirus, HRV）（42.8%，407/950）、肺炎支原体（*Mycoplasma pneumoniae*, MP）（12.8%，122/950）和RSV（11.4%，108/950）占前3位。累计检出HRV 600例（48.15%，600/1 246）、MP 217例（17.42%，217/1 246）、RSV 182例（14.61%，182/1 246）占前3位，肺炎衣原体未检出。

2.4　重症hMPV肺炎的危险因素分析

根据流行病学研究，2023年hMPV感染住院患儿人数最多，且2023年4—12月为高发季节，故选取2023年4—12月患儿的临床资料进行分析。根据纳入和排除标准共纳入324例。

324例患儿中，男性186例，女性138例。非重症肺炎组265例（81.8%），重症肺炎组59例（18.2%）。重症肺炎组患儿年龄明显低于非重症肺炎组（P<0.05），尤其是<3岁儿童。有喘息病史、基础病及混合感染的儿童易发展成重症肺炎患者（P<0.05），见表2。

在临床症状与体征方面，两组患儿主要表现为发热、咳嗽、咳痰，但重症肺炎患儿更易发生喘息，见表3。

表2　重症肺炎与非重症肺炎患儿人口学资料对比

［例（%）］

特征	非重症肺炎组（n=265）	重症肺炎组（n=59）	χ^2值	P值
性别				
女	114(43.0)	24(40.7)	0.108	0.429
男	151(57.0)	35(59.3)		
年龄分组				
<1岁	49(18.5)	27(45.8)	22.147	<0.001
1~<3岁	51(19.2)	12(20.3)		
3~<6岁	121(45.7)	15(25.4)		
≥6岁	44(16.6)	5(8.5)		
年龄<3岁	100(37.7)	39(66.1)	15.851	<0.001
喘息病史	41(15.5)	16(27.1)	4.515	0.030
过敏史	78(29.4)	17(28.8)	0.009	0.531
早产史	26(9.8)	6(10.2)	0.007	0.546
基础病	26(9.8)	12(20.3)	5.166	0.025
混合感染	121(45.7)	37(62.7)	5.616	0.013

表3　重症肺炎与非重症肺炎患儿临床症状及体征比较

［例（%）］

症状/体征	非重症肺炎组（n=265）	重症肺炎组（n=59）	χ^2值	P值
发热	241(91.0)	50(84.8)	2.026	0.120
咳嗽	265(100.0)	59(100.0)	–	–
咳痰	252(95.1)	54(91.5)	1.171	0.214
喘息	54(20.4)	36(61.0)	39.727	<0.001
啰音	232(87.5)	55(93.2)	1.535	0.155

59 例重症患儿中，常见并发症为脓毒血症（11 例，18.6%），其次为急性呼吸衰竭（9 例，15.3%）、贫血（5 例，8.5%）、腹泻病（4 例，6.8%）、肺坏死（4 例，6.8%）、脑炎/脑病（3 例，5.1%）、心衰或疑似传导阻滞（3 例，5.1%）。有 17 例使用呼吸机辅助治疗。

2.5　混合感染

本研究有 158 例患儿为混合感染，其中非重症肺炎组混合感染 121 例，重症肺炎组 37 例。非重症肺炎组患儿合并病毒感染最多（73 例，60.3%），其次为合并细菌感染（22 例，18.2%）、多重合并（14 例，11.6%）及合并 MP 感染（12 例，9.9%）；检出病原多见 HRV（42 例）、MP（26 例）、副流感病毒（18 例）、肺炎链球菌（13 例）等。重症肺炎组患儿以合并细菌感染（14 例，37.8%）、病毒（14 例，37.8%）为主，其次为多重合并（8 例，21.6%），有 1 例仅合并 MP 感染；检出病原多为 HRV（11 例）、肺炎链球菌（10 例）、流感嗜血杆菌（7 例）等。

2.6　Logistic 回归分析

针对两组间有差异的临床特征，即年龄、合并感染、喘息病史、喘息症状、基础病，使用多因素 logistic 回归进一步探究这些因素是否是发展为重症肺炎的独立危险因素。结果显示，喘息、合并基础病、混合感染及低龄为独立危险因素（P<0.05），见表4。

表4　hMPV 重症肺炎多因素 logistic 回归分析

指标	回归系数	标准误	Waldχ^2	OR	95%CI	P
年龄	–0.416	0.180	5.357	0.659	0.463~0.938	0.021
混合感染	0.871	0.344	6.423	2.390	1.218~4.688	0.011
喘息病史	0.045	0.397	0.013	1.046	0.480~2.280	0.910
基础病	1.124	0.447	6.332	3.077	1.282~7.385	0.012
喘息	1.664	0.351	22.484	5.278	2.654~10.498	<0.001
常量	–2.338	0.414	0.096	0.096	–	<0.001

注：［hMPV］人偏肺病毒。年龄赋值：<1 岁=0，1~3 岁=1，3~6 岁=2，≥6 岁=3；混合感染赋值：单纯 hMPV 感染=0，hMPV+病毒=1，hMPV+细菌=2，hMPV+支原体=3，多重感染=4。余项均为二分类变量。

3　讨论

本研究 hMPV 检出率为 7.30%，高于黄石[12]、南京[13]、广州[9]、长春[3]等地区，低于承德[14]、沈阳[6]等地区。这种北高南低的分布模式与气候因素密切相关[15]，本研究证实低温是导致 hMPV 流行的重要因素之一。在年龄方面，2019—2020 年以 3 岁以下儿童为主，2021—2023 年 3~6 岁儿童明显增多，出现高龄化趋势，但仍与诊疗方案一致[2]。这种变化可能源于：（1）学龄前儿童接触密集，但免疫力较差；（2）3~5 岁儿童对戴口罩及手卫生等习惯的依从性较差，无法保证防护措施的持久性。这提示戴口罩及手卫生等非药物干预措施（non-pharmaceutical interventions, NPIs）对保

护学龄前儿童意义重大。

本研究得出hMPV流行变化与新型冠状病毒感染（COVID-19）流行期间NPIs动态变化有关。2020年冬春及2022年春夏的流行高峰时间与我省NPIs调整时间高度吻合。河南地区研究显示，当地解除NPIs后，阳性率由之前的19.57%~31.11%急剧攀升至42.11%[5]。其中的原因可能是COVID-19大流行导致hMPV暴露和传播减少，母体抗体减弱，易感人群累积，从而在NPIs解除后hMPV感染率明显升高。本研究还发现2022年hMPV检出率激增，考虑可能存在双重机制：一方面，西班牙[16]、日本东部[17]及我国长春[3]等地均观察到流行株从A2c亚型向B型转换的病毒进化特征；另一方面，“免疫负债”导致群体免疫力下降，当原有防控措施改变后发病率升高，并出现新流行模式[18]。人体在感染新型冠状病毒过程中，纤毛上皮细胞遭到明显破坏，增加了宿主对其他病原的易感性[19]；同时，体内强烈的细胞因子风暴[20]，对体液免疫造成巨大波动和消耗，免疫反应减弱使个体对其他病原的抵抗力下降。群体免疫力下降与同期儿童RSV[21]及MP[22]异常流行模式相互印证，有学者认为这也是我国2023年呼吸道感染反复出现的主要原因[23]。2023年检出人数增多与家长对呼吸道病原检测重视程度提高和我院住院患儿明显增多有关。

本研究分析得出低龄、合并基础病是hMPV肺炎发展为重症肺炎的危险因素，这与国内外研究结果一致[24-26]。重症肺炎患儿更易出现喘息，喘息症状为hMPV发展为重症肺炎的危险因素。程远等[27]研究显示，hMPV与RSV、博卡病毒能诱发儿童喘息发作。hMPV与RSV同属肺炎病毒科，临床致病机制方面具有相似性[1]。有研究发现，感染hMPV的哮喘患儿相比于感染RSV会产生更多的IFN-γ，加重了气道炎症，这可能是hMPV肺炎患儿发生喘息的原因之一[28]。对于hMPV引发喘息性疾病的机制有待进一步研究。

本研究分析得出混合感染显著增加重症肺炎发生风险。hMPV合并检出病毒主要为HRV和RSV。HRV是引起呼吸道感染的常见病原体，在健康人群中也有一定比例的携带者[29]。本研究中，2022—2023年hMPV流行季节与HRV有较长重叠。二者共感染可能会导致临床症状加重、住院时间延长[30-31]，甚至使患儿哮喘加重[32-33]。有分析显示，合并RSV感染是hMPV肺炎发展为重症肺炎的危险因素[34]，使5岁以下患儿入住ICU风险增加[35]。在合并细菌感染方面，肺炎链球菌和流感嗜血杆菌为主要病原。温州医科大学育英医院研究显示，重症hMPV肺炎有20.1%患儿痰培养阳性，入住ICU者检出率为33.3%[34]，这提示重症hMPV肺炎患儿需警惕合并细菌感染，入院后需及时行细菌学标本检查，并经验性选用抗菌药。呼吸支持方面，17例使用呼吸机辅助呼吸，9例出现急性呼吸衰竭，这与既往报道的重症hMPV感染致呼吸功能恶化进程相符[36-37]。这些发现强调了对学龄前儿童实施针对性防护、对重症病例及时开展微生物检测及呼吸支持评估十分重要。

本研究也存在一定局限性。本研究为单中心回顾性研究，虽然样本量大，但仅收集住院患儿的临床资料，门诊就诊的轻症患者未纳入研究，对流行病学分析结果可能产生偏差。同时，本研究未行基因型别分析，后续需要深入开展研究。本研究中，临床资料部分收集数据时排除率较高，可能导致选择偏倚，后续研究中对病例资料进行详尽记录和收集十分必要。而且，本研究未对诊疗经过及预后进行统计分析，对此方面的研究待有条件时可进一步开展。

作者贡献声明：王祎轩负责数据收集、统计分析与论文撰写；牛波、路素坤负责文章的构思、设计、修改与经费支持；黄坤玲、曹丽洁和褚亚娟负责文章的最终修改。

利益冲突声明：所有作者均声明无利益冲突。

［参　考　文　献］

[1] Rima B, Collins P, Easton A, et al. ICTV virus taxonomy profile: pneumoviridae[J]. J Gen Virol, 2017, 98(12): 2912-2913. PMID: 29087278. PMCID: PMC5775899. DOI: 10.1099/jgv.0.000959.

[2] 中华人民共和国国家卫生健康委员会. 人偏肺病毒感染诊疗方案（2023年版）[J]. 中华临床感染病杂志, 2023, 16(4): 249-250. DOI: 10.3760/cma.j.issn.1674-2397.2023.04.002.

[3] 谢智博, 崔爱利, 孙立伟, 等. 2019—2023年吉林省长春市儿童急性呼吸道感染住院病例中人偏肺病毒的基因型别和流行特征分析[J]. 中华预防医学杂志, 2024, 58(6): 862-868. PMID: 38955734. DOI: 10.3760/cma.j.cn112150-20240208-00120.

[4] 常莉, 刘芳, 车光璐, 等. 2019—2021年四川省某儿童医院急性呼吸道感染的非细菌性病原学特点与临床特征分析[J]. 中华预防医学杂志, 2024, 58(2): 219-226. PMID: 38387954. DOI: 10.3760/cma.j.cn112150-20230928-00232.

[5] Xie Z, Zhu Z, Xu J, et al. Seasonal and genetic characteristics of

human metapneumovirus circulating: Henan province, China, 2017-2023[J]. China CDC Wkly, 2024, 6(20): 450-456. PMID: 38846360. PMCID: PMC11150164.
DOI: 10.46234/ccdcw2024.087.

[6] 王爽, 王雪峰, 李娜, 等. 1 788 例社区获得性肺炎非细菌性病原体分布特征分析[J]. 中国当代儿科杂志, 2023, 25(6): 633-638. PMID: 37382134. PMCID: PMC10321430.
DOI: 10.7499/j.issn.1008-8830.2212079.

[7] Wang C, Wei T, Ma F, et al. Epidemiology and genotypic diversity of human metapneumovirus in paediatric patients with acute respiratory infection in Beijing, China[J]. Virol J, 2021, 18 (1): 40. PMID: 33602245. PMCID: PMC7890387.
DOI: 10.1186/s12985-021-01508-0.

[8] Wang X, Li Y, Deloria-Knoll M, et al. Global burden of acute lower respiratory infection associated with human metapneumovirus in children under 5 years in 2018: a systematic review and modelling study[J]. Lancet Glob Health, 2021, 9(1): e33-e43. PMID: 33248481. PMCID: PMC7783516.
DOI: 10.1016/S2214-109X(20)30393-4.

[9] 蔡勇, 黄楚鑫, 周蕾, 等. 广州 8 313 例社区获得性肺炎住院儿童人偏肺病毒流行病学特点[J]. 实用医学杂志, 2019, 35(19): 3094-3097. DOI: 10.3969/j.issn.1006-5725.2019.19.025.

[10] Xiao NG, Zhang B, Xie ZP, et al. Prevalence of human metapneumovirus in children with acute lower respiratory infection in Changsha, China[J]. J Med Virol, 2013, 85(3): 546-553. PMID: 23296388. PMCID: PMC7166472.
DOI: 10.1002/jmv.23501.

[11] 中华人民共和国国家健康委员会, 国家中医药局. 儿童社区获得性肺炎诊疗规范（2019 年版）[J]. 中华临床感染病杂志, 2019, 12(1): 6-13.
DOI: 10.3760/cma.j.issn.1674-2397.2019.01.002.

[12] 杜黎黎, 尚小玲, 高超, 等. 黄石地区住院儿童人偏肺病毒感染临床特征及流行病学分析[J]. 检验医学与临床, 2024, 21(3): 304-307, 312. DOI: 10.3969/j.issn.1672-9455.2024.03.004.

[13] Min X, Wang Y, Dong X, et al. Epidemiological characteristics of human metapneumovirus among children in Nanjing, China [J]. Eur J Clin Microbiol Infect Dis, 2024, 43(7): 1445-1452. PMID: 38801487. DOI: 10.1007/s10096-024-04858-z.

[14] 王倩, 苏萌, 李丹, 等. 333 例社区获得性肺炎住院儿童中人偏肺病毒和博卡病毒的分子流行及临床特征[J]. 中华实验和临床病毒学杂志, 2019, 33(3): 261-266.
DOI: 10.3760/cma.j.issn.1003-9279.2019.03.008.

[15] 白娜, 王晓梅, 张婷, 等. 人偏肺病毒感染流行特征及与气候的关系[J]. 云南医药, 2023, 44(6): 87-90.

[16] Piñana M, González-Sánchez A, Andrés C, et al. The emergence, impact, and evolution of human metapneumovirus variants from 2014 to 2021 in Spain[J]. J Infect, 2023, 87(2): 103-110. PMID: 37178807. DOI: 10.1016/j.jinf.2023.05.004.

[17] Shirato K, Suwa R, Nao N, et al. Molecular epidemiology of human metapneumovirus in east Japan before and after COVID-19, 2017-2022[J]. Jpn J Infect Dis, 2024, 77(3): 137-143. PMID: 38171847. DOI: 10.7883/yoken.JJID.2023.350.

[18] Cohen R, Ashman M, Taha MK, et al. Pediatric infectious disease group (GPIP) position paper on the immune debt of the COVID-19 pandemic in childhood, how can we fill the immunity gap?[J]. Infect Dis Now, 2021, 51(5): 418-423. PMID: 33991720. PMCID: PMC8114587.
DOI: 10.1016/j.idnow.2021.05.004.

[19] Lee IT, Nakayama T, Wu CT, et al. ACE2 localizes to the respiratory cilia and is not increased by ACE inhibitors or ARBs [J]. Nat Commun, 2020, 11(1): 5453. PMID: 33116139. PMCID: PMC7595232. DOI: 10.1038/s41467-020-19145-6.

[20] Zhou Z, Ren L, Zhang L, et al. Heightened innate immune responses in the respiratory tract of COVID-19 patients[J]. Cell Host Microbe, 2020, 27(6): 883-890. e2. PMID: 32407669. PMCID: PMC7196896. DOI: 10.1016/j.chom.2020.04.017.

[21] 曹贝贝, 翟宇, 段素霞, 等. 2019—2023 年河北地区儿童呼吸道合胞病毒流行特征分析[J]. 中华微生物学和免疫学杂志, 2024, 44(2): 142-148.
DOI: 10.3760/cma.j.cn112309-20240110-00014.

[22] 罗小娟, 蔡德丰, 任振敏, 等. 新型冠状病毒肺炎疫情前后急性呼吸道感染儿童支原体、衣原体和常见病毒谱分析[J]. 中国循证儿科杂志, 2021, 16(4): 296-300.
DOI: 10.3969/j.issn.1673-5501.2021.04.009.

[23] Conroy G. What's behind China's mysterious wave of childhood pneumonia?[J]. Nature, Epub ahead of print, PMID: 38012356.
DOI: 10.1038/d41586-023-03732-w.

[24] Cui A, Xie Z, Xu J, et al. Comparative analysis of the clinical and epidemiological characteristics of human influenza virus versus human respiratory syncytial virus versus human metapneumovirus infection in nine provinces of China during 2009-2021[J]. J Med Virol, 2022, 94(12): 5894-5903. PMID: 35981880. DOI: 10.1002/jmv.28073.

[25] 刘小兰, 罗小娟, 冯志冠, 等. 558 例住院儿童人偏肺病毒肺炎临床特征分析[J]. 临床儿科杂志, 2023, 41(6): 459-463.
DOI: 10.12372/jcp.2023.22e0294.

[26] Sarna M, Le H, Taye BW, et al. Clinical outcomes and severity of laboratory-confirmed RSV compared with influenza, parainfluenza and human metapneumovirus in Australian children attending secondary care[J]. BMJ Open Respir Res, 2024, 11(1): e002613. PMID: 39694679. PMCID: PMC11667329. DOI: 10.1136/bmjresp-2024-002613.

[27] 程远, 陈德晖, 黄向晖, 等. 5 岁以下儿童喘息性疾病与呼吸道合胞病毒、偏肺病毒、博卡病毒的相关临床分析[J]. 临床儿科杂志, 2014(4): 339-342.
DOI: 10.3969/j.issn.1000-3606.2014.04.012.

[28] Douville RN, Bastien N, Li Y, et al. Adult asthmatics display exaggerated IFNgamma responses to human metapneumovirus and respiratory syncytial virus[J]. Biochem Cell Biol, 2007, 85 (2): 252-258. PMID: 17534407. DOI: 10.1139/O07-005.

[29] Heinonen S, Jartti T, Garcia C, et al. Rhinovirus detection in symptomatic and asymptomatic children: value of host transcriptome analysis[J]. Am J Respir Crit Care Med, 2016, 193 (7): 772-782. PMID: 26571305. PMCID: PMC4824929.
DOI: 10.1164/rccm.201504-0749OC.

[30] Yan Y, Huang L, Wang M, et al. Clinical and epidemiological

profiles including meteorological factors of low respiratory tract infection due to human rhinovirus in hospitalized children[J]. Ital J Pediatr, 2017, 43(1): 23. PMID: 28270165. PMCID: PMC5341482. DOI: 10.1186/s13052-017-0346-z.

[31] Lu QB, Wo Y, Wang LY, et al. Molecular epidemiology of human rhinovirus in children with acute respiratory diseases in Chongqing, China[J]. Sci Rep, 2014, 4: 6686. PMID: 25328042. PMCID: PMC4202208. DOI: 10.1038/srep06686.

[32] Su YT, Lin YT, Yang CC, et al. High correlation between human rhinovirus type C and children with asthma exacerbations in Taiwan[J]. J Microbiol Immunol Infect, 2020, 53(4): 561-568. PMID: 30591259. DOI: 10.1016/j.jmii.2018.12.001.

[33] Jartti T, Bønnelykke K, Elenius V, et al. Role of viruses in asthma [J]. Semin Immunopathol, 2020, 42(1): 61-74. PMID: 31989228. PMCID: PMC7066101. DOI: 10.1007/s00281-020-00781-5.

[34] 黄柯, 李海燕, 陈铭慧, 等. 重症人偏肺病毒感染致社区获得性肺炎患儿临床特征及危险因素分析[J]. 中华儿科杂志, 2023, 61(4): 322-327. PMID: 37011977. DOI: 10.3760/cma.j.cn112140-20221231-01079.

[35] Li Y, Pillai P, Miyake F, et al. The role of viral co-infections in the severity of acute respiratory infections among children infected with respiratory syncytial virus (RSV): a systematic review and meta-analysis[J]. J Glob Health, 2020, 10(1): 010426. PMID: 32566164. PMCID: PMC7295447. DOI: 10.7189/jogh.10.010426.

[36] Ravindranath TM, Gomez A, Harwayne - Gidansky I, et al. Pediatric acute respiratory distress syndrome associated with human metapneumovirus and respiratory syncytial virus[J]. Pediatr Pulmonol, 2018, 53(7): 929-935. PMID: 29737017. DOI: 10.1002/ppul.24044.

[37] Spaeder MC, Custer JW, Bembea MM, et al. A multicenter outcomes analysis of children with severe viral respiratory infection due to human metapneumovirus[J]. Pediatr Crit Care Med, 2013, 14(3): 268-272. PMID: 23392374. DOI: 10.1097/PCC.0b013e3182720fc7.

（本文编辑：张辉）

（版权所有©2025 中国当代儿科杂志）

•消息•

关于“新生儿ABO溶血病所致高胆红素血症再入院危险因素分析及风险预测模型构建”一文的更正启事

由于排版人员疏忽，《中国当代儿科杂志》2025年第27卷第7期第834~841页“新生儿ABO溶血病所致高胆红素血症再入院危险因素分析及风险预测模型构建”一文第834页中，需将中文摘要结果部分改为“共纳入483例ABO-HDN高胆红素血症的新生儿，患儿再入院率为13.0%（63例）。多因素logistic回归分析显示，光疗开始年龄较早、累计光疗时间较长、反跳性高胆红素血症的发生、出院时血清总胆红素水平较高、出院时间接胆红素水平较高是ABO-HDN新生儿发生高胆红素血症再入院的独立危险因素（分别*OR*=2.373、4.840、6.475、5.033、1.336，均*P*<0.05）。基于这5个危险因素构建了ABO-HDN高胆红素血症再入院风险预测模型；模型评估结果显示该模型预测效能良好。”。特此更正。给作者、读者带来不便，深表歉意。

《中国当代儿科杂志》编辑部
2025年9月22日