

doi: 10.3969/j.issn.1674-1242.2026.04.043

2025 年漯河地区流感样病例病原谱特征分析

周晓帅, 胡艳萍, 张冰雅, 赵 静*

(漯河市疾病预防控制中心 卫生检测检验科, 河南漯河 462000)

【摘要】目的 分析 2025 年漯河地区流感样病例(influenza-like illness, ILI)病原谱特征。**方法** 收集 2025 年漯河市中心医院采集的 ILI 咽拭子 751 份, 采用国家急性呼吸道传染病多病原核酸检测试剂盒同步检测 18 种呼吸道相关病原靶标(13 类以上), 并进行流行病学分析。**结果** 阳性检出率 82.56%(620/751), 共检出病原 1 058 株次。流感嗜血杆菌(40.61%)、甲型流感 H3N2(24.37%)、肺炎链球菌(24.10%)位居前列;肺炎支原体及百日咳鲍特菌未检出。混合感染率达 64.35%(399/620), 以“甲型流感+细菌”组合为主。季节性分析显示, 甲型 H3N2 在 Q4(10—12 月)阳性率达 77.87%, 鼻病毒在 Q4 出现高峰(27.66%), 流感嗜血杆菌与肺炎链球菌呈全年高携带基线;各主要病原在不同季度的分布差异均有统计学意义(均 $P < 0.05$)。**结论** 漯河地区 ILI 呈病毒—细菌共流行态势;鉴于流感嗜血杆菌与肺炎链球菌的高核酸检出率, 在 ILI 监测中应将其视为重要的流行病学负荷标志物, 而非直接等同于临床感染。

【关键词】 流感样病例; 病原谱; 多重实时荧光 PCR; 呼吸道多病原检测**【中图分类号】** R56**【文献标志码】** A

文章编号: 1674-1242 (2026) 04-0200-04

Analysis of the pathogen spectrum characteristics of influenza-like illness in Luohe region in 2025

ZHOU Xiaoshuai, HU Yanping, ZHANG Bingya, ZHAO Jing*

(Department of Health Detection and Laboratory, Center for Disease Control and Prevention, Luohe 462000, Henan, China)

【Abstract】Objective To analyze the pathogenic spectrum of influenza-like illness (ILI) in Luohe region in 2025. **Methods** A total of 751 ILI throat swab samples were collected from Luohe Central Hospital from January to December 2025. The national multipathogen nucleic acid detection kit for acute respiratory infectious diseases was used to simultaneously detect 18 respiratory-related pathogen targets (more than 13 categories), and epidemiological analysis was conducted. **Results** The overall positive rate was 82.56% (620/751), with 1,058 pathogen strains detected. The nucleic acid positivity rates were highest for *Haemophilus influenzae* (40.61%), Influenza A H3N2 (24.37%), and *Streptococcus pneumoniae* (24.10%). *Mycoplasma pneumoniae* and *Bordetella pertussis* were not detected. The co-infection rate reached 64.35% (399/620), predominantly the “Influenza A + bacteria” pattern. Seasonal analysis revealed that Influenza A H3N2 peaked in Q4 (October–December) with a positivity rate of 77.87%, while rhinovirus peaked in Q4 (27.66%). *Haemophilus influenzae* and *Streptococcus pneumoniae* maintained high baseline carriage rates throughout the year. The distribution differences of each major pathogen in different quarters were all statistically significant (all $P < 0.05$). **Conclusion** ILI in Luohe region in 2025 exhibited a co-epidemic pattern of viruses and bacteria. Given the high nucleic acid detection rates of *Haemophilus influenzae* and *Streptococcus pneumoniae*, they should be regarded as important epidemiological burden markers in ILI surveillance rather than direct evidence of clinical infection.

【Key words】 Influenza-like illness; Pathogen spectrum; Multiplex real-time fluorescence PCR; Respiratory multi-pathogen detection

流感样病例(influenza-like illness, ILI)指急性起病、发热(体温 $\geq 38^{\circ}\text{C}$)伴咳嗽或咽痛之一的临床综合征,是冬春季门急诊最常见的就诊原因之一^[1]。

ILI可由流感病毒、新型冠状病毒等多种呼吸道病原引发,不同病原导致的临床表现高度重叠,传统基于症状的分诊模式难以实现对病原的精准鉴别,易导

收稿日期: 2026-02-11。

作者简介: 周晓帅, 本科, 主管技师, 研究方向: 细菌学检测、病毒学检测。E-mail: 15890220585@163.com。

通信作者: 赵 静, 本科, 研究方向: 细菌学检测、病毒学检测。E-mail: zj13839522474@126.com。

致误诊误治与抗菌药物不合理使用^[2]。多重实时荧光定量聚合酶链反应(polymerase chain reaction, PCR)、靶向基因测序与微流控芯片等技术推动呼吸道多病原并行检测广泛应用,已成为目前ILI哨点监测的核心手段^[3-4]。呼吸道传染病流行具有一定地域特征,豫中南地区甲型H3N2呈活跃流行态势。目前针对漯河市地区ILI病例的全年病原谱特征研究仍较为欠缺。基于此,本研究以漯河市疾病预防控制中心2025年度收集的ILI门诊咽拭子标本为研究对象,同步完成18项病毒/细菌靶标筛查,旨在梳理该区域ILI病例的病原谱构成、优势流行株及混合感染特征。

1 资料与方法

1.1 一般资料

标本来自2025年1月1日至2025年12月31日漯河市中心医院就诊的ILI患者。依据世界卫生组织(World Health Organization, WHO)及国家流感监测网络定义的ILI标准(腋下体温 $\geq 38^{\circ}\text{C}$,伴咳嗽或咽痛,发病 $\leq 3\text{d}$)完成病例识别与登记。采集鼻咽/口咽拭子置入病毒运输液(viral transport medium, VTM), 4°C 冷链转运至漯河市疾病预防控制中心BSL-2级PCR实验室, -80°C 冻存待检。全年共接收合格咽拭子标本751份。

纳入标准:①符合上述ILI临床定义;②发病后72h内就诊并完成咽拭子采样。排除标准:①标本出现溶血、污染或运输温度超标,导致RNA严重降解;②临床资料(年龄、性别、采样日期等)缺失;③同一病例重复采样。

1.2 方法

1.2.1 核酸提取

标本操作均于生物安全柜内完成。取200 μl VTM上清,采用中元汇吉EXM6000型全自动磁珠法核酸提取仪提取总核酸,洗脱体积60 μl 。提取产物立即用于后续PCR检测,或 -80°C 短期保存。

1.2.2 多重实时荧光PCR检测

采用国家急性呼吸道传染病多病原核酸检测试剂盒(货号:D399OYF-B-12T-200)进行PCR检测。靶标包括多种呼吸道病毒(甲流M基因及H1/H3亚型、乙流、新型冠状病毒等13种)和细菌(肺炎支原体、百日咳鲍特菌、肺炎链球菌lytA基因、流感嗜血杆菌hia基因、A型链球菌spy基因)。于天隆Gentier

96实时荧光定量PCR系统上机,根据说明书配制反应体系,荧光通道(FAM/HEX/ROX/Cy5)同步采集信号,配套软件自动输出Ct值($C_t \leq 38$ 作为阳性判定标准)。

判定标准:将病原核酸阳性统一定义为“病原检出”。其中,流感嗜血杆菌(hia基因)与肺炎链球菌(lytA基因)的核酸检出仅反映咽部病原携带负荷或定植状态,不能直接等同于活动性侵袭性感染,需结合临床症状、炎性指标及影像资料综合判断。本研究将上述两类靶标的核酸阳性结果作为流行病学携带负荷标志物开展分析。

1.2.3 质量控制

每批次检测同步设置三类质控体系:①阴性对照(RNase-free水);②阳性对照(试剂盒自带);③内部内参(人RNase P基因),用于全程监控标本采样充足度与反应体系内的PCR抑制物。目标通道无扩增时,内标对照通道有S型扩增,且Ct值 ≤ 38 ;若目标通道有S型扩增,则对内标对照通道无要求。

1.4 统计学方法

采用Excel 2021建立数据库,SPSS 26.0进行统计分析。计数资料以例(%)描述;病原阳性率的组间比较采用 χ^2 检验或Fisher确切概率法;计算主要混合感染组合的百分比及95%置信区间(95% confidence interval, 95%CI)。 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 ILI呼吸道病原检出情况

表1所示,751份ILI咽拭子标本中,病原阳性率82.56%(620/751);阴性(所有靶标均阴性)率17.44%(131/751)。各单一病原阳性计数累加值(1058株次)远高于阳性标本数,提示漯河地区ILI存在高度的病原叠加流行特征。流感嗜血杆菌、甲型流感病毒(H3N2为主)、肺炎链球菌和鼻病毒构成该地区ILI核酸检出的前四位病原;乙型流感几乎消隐(仅1例),肺炎支原体与百日咳鲍特菌则全年零检出,与2025年全市流感流行株更替及支原体流行间歇期特征相符。

2.2 流感病毒亚型分布特征

甲型流感245例中,H3N2占74.69%(183/245),为绝对优势株;H1N1 pdm09占25.31%(62/245);乙型BV仅1例。流感病毒(甲+乙)总阳性率32.76%

表 1 2025 年漯河地区 ILI 呼吸道病原检出情况 (n = 751)

病原类型	病原名称	阳性例数 (例)	阳性率 (%) *	构成比 (%)
病毒	甲型流感病毒 (合计)	245	32.62	23.16
	H3N2 亚型	183	24.37	17.30
	H1N1 pdm09 亚型	62	8.26	5.86
	乙型流感病毒 (BV 型)	1	0.13	0.09
	新型冠状病毒	26	3.46	2.46
	鼻病毒	99	13.18	9.36
	呼吸道合胞病毒	53	7.06	5.01
	副流感病毒	31	4.13	2.93
	人偏肺病毒	24	3.20	2.27
	普通冠状病毒	26	3.46	2.46
	腺病毒	12	1.60	1.13
	博卡病毒	4	0.53	0.38
	肠道病毒	37	4.93	3.50
	流感嗜血杆菌	305	40.61	28.83
	肺炎链球菌	181	24.10	17.11
细菌	A 型链球菌	14	1.86	1.32
非典型	肺炎支原体	0	0	0
	百日咳鲍特菌	0	0	0

注：ILI：流感样病例。*阳性率 (%) = 阳性例数/751×100%；构成比 (%) = 阳性例数/1058 (总检出株次) ×100%。

(246/751), 与同期河南省哨点网络报告的流感阳性率区间基本一致(表 2)。

表 2 流感病毒阳性标本亚型构成 (n = 246)

亚型	例数 (例)	构成比 (%)
甲型 H3N2	183	74.39
甲型 H1N1 pdm09	62	25.2
乙型 BV	1	0.41
合计	246	100

2.3 ILI 混合感染分布分析

620 份阳性标本中, 单一病原感染 221 份 (35.65%), ≥2 种病原混合感染 399 份 (64.35%)。混合感染中以“病毒+细菌”组合 (257/399, 64.41%) 占主导, 最常见模式为“甲型流感+流感嗜血杆菌”

(75 例)、“甲型流感+肺炎链球菌”(32 例)及“鼻病毒+流感嗜血杆菌”(44 例)(表 3)。

表 3 ILI 混合感染分布 (n = 399)

排序	混合感染组合	例数 (例)	占混合 感染比 (%)	95%CI (%)
1	甲型流感+流感嗜血杆菌	75	18.8	15.09 ~ 23.04
2	甲型流感+流感嗜血杆菌+肺炎链球菌	45	11.28	8.43 ~ 14.81
3	鼻病毒+流感嗜血杆菌	44	11.03	8.21 ~ 14.51
4	甲型流感+肺炎链球菌	32	8.02	5.63 ~ 11.15
5	鼻病毒+肺炎链球菌	32	8.02	5.63 ~ 11.15
6	呼吸道合胞病毒+流感嗜血杆菌	16	4.01	2.34 ~ 6.45
-	其他组合	155	38.85	34.10 ~ 43.78

注：ILI：流感样病例；95%CI：95% 置信区间。本研究仅统计前 6 位混合感染组合。

为排除细菌定植对混合感染率的高估, 本研究进行了敏感性分析: 仅统计“病毒+病毒”组合, 其发生率为 9.52% (59/620); 若仅统计“病毒+A 族链球菌 (非常见定植菌)”组合, 发生率为 0.81% (5/620)。提示若剔除流感嗜血杆菌和肺炎链球菌的定植因素, 真正的侵袭性混合感染比例显著降低, 但仍存在一定的病毒共流行现象。

2.4 ILI 主要病原体季节性分布特征

主要病原体的阳性率在各季度间的分布差异均具有统计学意义 (均 $P < 0.05$)。甲型流感呈典型冬春季双峰格局: Q1 检出 H1N1 pdm09 (62 例), Q4 检出 H3N2 (183 例); 鼻病毒全年散在分布, 但其流行高峰显著集中于 Q4 (65 例), 其余季度维持在较低水平; 流感嗜血杆菌与肺炎链球菌携带阳性无明显季节窄峰, 呈持续性高基线水平 (表 4)。

表 4 ILI 主要病原体阳性率季节变化特征 (n = 751)

病原类型	Q1 (n ₁ =198)	Q2 (n ₂ =176)	Q3 (n ₃ =142)	Q4 (n ₄ =235)	χ ²	P
甲流 H3N2	0 (0)	0 (0)	0 (0)	77.87% (183)	486.32	<0.001
甲流 H1N1	31.31% (62)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	145.67	<0.001
鼻病毒	6.06% (12)	6.25% (11)	7.75% (11)	27.66% (65)	48.91	<0.001
呼吸道合胞病毒	9.60% (19)	3.98% (7)	2.82% (4)	9.79% (23)	12.54	0.006
流感嗜血杆菌	46.97% (93)	14.20% (25)	15.49% (22)	70.21% (165)	148.08	<0.001
肺炎链球菌	31.31% (62)	6.82% (12)	11.97% (17)	38.30% (90)	68.71	<0.001

注：ILI：流感样病例；2025 年按季度分组，Q1：1~3 月，Q2：4~6 月，Q3：7~9 月，Q4：10~12 月。

3 讨论

呼吸道 ILI 病原谱的动态演变是全球公共卫生

监测的核心议题之一^[5]。本研究依托漯河市疾病预防控制中心的标准化分子诊断平台, 对 2025 年度

751 份 ILI 门诊标本开展 18 项呼吸道病原筛查,较为完整地揭示豫中南地区该年度呼吸道病原的流行特征:病毒层面以甲型 H3N2 为绝对优势株,鼻病毒与呼吸道合胞病毒次之;细菌层面以流感嗜血杆菌与肺炎链球菌的高核酸检出率形成持续流行病学负荷;混合感染率高达 64.35%,其中“病毒损伤上皮—细菌继发定植”的组合模式最为突出^[6-7]。

从流行毒株更替角度看,甲型 H3N2 占甲流总数的 74.69%,这一结果与 2024—2025 年度北半球流感季的毒株构成趋势一致——H3N2 自 2023—2024 年低谷后强势反弹,抗原漂移积累使其逃逸既往疫苗诱导的中和抗体,导致易感人群累积发病。值得注意的是,本研究中 H1N1 pdm09 仍维持约 1/4 的甲流占比,提示两种亚型处于共循环状态,在制订次年流感疫苗组分时需兼顾。乙型 BV 几乎消隐(仅 1 例检出),符合近年全球乙型流感低活跃度的总体趋势^[8]。

细菌病原的高核酸检出率是本研究的突出发现,也是结果解读的核心难点。流感嗜血杆菌(40.61%)与肺炎链球菌(24.10%)的核酸阳性率甚至高于多数病毒病原,但这并不等同于“活动性细菌感染”,二者亦可作为上呼吸道正常菌群/携带状态存在^[9]。然而 ILI 急性期标本高比例共检出,提示可能存在病毒性呼吸道感染破坏黏膜屏障后细菌继发定植/感染的桥接效应。临床针对重症 ILI、持续高热不退或白细胞/C 反应蛋白(C-reactive protein, CRP)显著升高的病例,建议在抗病毒基础上警惕细菌合并感染,并以病原学证据为支撑,合理应用抗菌药物,而非经验性广谱滥用。未来 ILI 监测应尝试引入半定量 Ct 值阈值或联合炎症指标,以便更好地区分定植与感染。

本研究局限性在于:样本仅来自一家三甲医院,未覆盖基层及私立医疗机构,且限制 72 h 内采样,存在一定就诊选择偏倚,影响结论的外推性;缺乏血常

规、CRP/降钙素原(procalcitonin, PCT)及影像学资料,难以精确界定细菌“携带”与“致病”的边界;多重 PCR 无法覆盖罕见/新发病原,有待引入宏基因组做补充探索。

综上,2025 年漯河地区 ILI 病原谱呈现“甲型 H3N2 优势流行+鼻病毒/呼吸道合胞病毒协同循环+细菌高携带基线+广泛混合感染”的特征。本研究明确了流感嗜血杆菌与肺炎链球菌的高检出率主要代表流行病学负荷,而非直接临床感染证据。后续建议纳入不同层级医疗机构数据,结合临床指标建立区分定植与感染的判别模型,以提升监测数据的公共卫生预测价值。

参考文献

- [1] RASHID H, RAFIQ S M. Defining influenza-like illness[J]. *Infect Control Hosp Epidemiol*, 2006, 27(11):1285-1286.
- [2] 张晓飞, 刘颖, 张伟, 等. 2022—2023 年北京市某儿童医院流感样疾病患儿呼吸道病原体流行病学特征分析[J]. *中华预防医学杂志*, 2024, 58(6): 905-909.
- [3] UPADHYAY P, REDDY J, PROCTOR T, *et al.* Expanded PCR panel testing for identification of respiratory pathogens and coinfections in influenza-like illness[J]. *Diagnostics*, 2023, 13(12):2014.
- [4] ZUMLA A, AL-TAWFIQ J A, ENNE V I, *et al.* Rapid point of care diagnostic tests for viral and bacterial respiratory tract infections--needs, advances, and future prospects[J]. *Lancet Infect Dis*, 2014, 14(11):1123-1135.
- [5] CHEN C, YOU Y, DU Y, *et al.* Global epidemiological trends in the incidence and deaths of acute respiratory infections from 1990 to 2021[J]. *Heliyon*, 2024, 10(16):e35841.
- [6] 舒巧燕, 刘兴晖, 张盼. 急性呼吸道感染患者病原体流行病学分析[J]. *浙江临床医学*, 2025, 27(2): 266-268.
- [7] LALBIAKTLUANGI C, YADAV M K, SINGH P K, *et al.* A cooperativity between virus and bacteria during respiratory infections[J]. *Front Microbiol*, 2023, 14:1279159.
- [8] YANG J, LAU Y C, WU P, *et al.* Variation in Influenza B Virus Epidemiology by Lineage, China[J]. *Emerg Infect Dis*, 2018, 24(8):1536-1540.
- [9] 苏日娜, 郑建东, 赵宏婷, 等. 基于流感样病例监测的 2023-2025 监测年度中国呼吸道多病原共同检出流行特征分析[J]. *中华流行病学杂志*, 2026, 47(4): 603-611.