DOI:10.12138/j.issn.1671－9638.20264696

·论著·

2024—2025 年邢台市呼吸道症候群病例 5 种细菌病原体监测及其流行病学特征

尚云霄[1]，贾肇一[2]，苏　铭[1]，宋红芳[1]，李　艳[1]
（1. 邢台市疾病预防控制中心微生物检验科，河北 邢台　054000；2. 河北省疾病预防控制中心 河北省传染病病原鉴定分析与流行病学重点实验室，河北 石家庄　050021）

［摘　要］ **目的**　了解邢台市呼吸道症候群病例中 5 种细菌病原体检出情况、流行特征及共同检出模式，为区域精准防控提供参考。**方法**　收集 2024 年 4 月—2025 年 12 月邢台市 6 所哨点医院呼吸道症候群标本，应用实时荧光定量聚合酶链反应（PCR）检测肺炎链球菌、流感嗜血杆菌、百日咳鲍特菌、A 族链球菌和肺炎克雷伯菌共 5 种目标细菌。采用 χ^2 检验、*Fisher* 确切概率法及 *Spearman* 秩相关进行统计分析，并采用 *Benjamini-Hochberg* 法对多重检验的 P 值进行校正。**结果**　共收集 1 299 份标本，目标细菌检出率为 33.18%（431 份），不同性别间检出率比较，差异无统计学意义（$P=0.124$）。优势病原体为肺炎链球菌（18.78%）和流感嗜血杆菌（11.86%）；分层分析显示，两者在未成年人群下呼吸道标本中检出率较高。肺炎克雷伯菌在≥60 岁组和＜1 岁组的检出率分别为 15.25%、11.63%，且下呼吸道标本检出率（11.94%）高于上呼吸道标本（2.54%，$P<0.001$）。主要病原体检出率于 2024 年 9—11 月及 2025 年 4—6 月呈双峰分布特征。肺炎链球菌与流感嗜血杆菌的检出呈弱正相关（$r=0.165$），两种共同检出的标本 56 份，主要见于未成年人群。**结论**　邢台地区呼吸道症候群以肺炎链球菌和流感嗜血杆菌检出率最高，且两者存在一定的共同检出现象；临床对学龄期患儿进行经验性治疗时，需高度警惕下呼吸道复合感染风险，并关注高龄患者下呼吸道标本中肺炎克雷伯菌的检出情况，为构建精准防控体系提供参考。

［关　键　词］ 呼吸道症候群；病原谱；流行病学特征；共同检出；哨点监测
［中图分类号］ R183.3

Surveillance and epidemiological characteristics of five bacterial pathogens in respiratory syndrome cases in Xingtai City, 2024－2025

Shang Yunxiao[1], *Jia Zhaoyi*[2], *Su Ming*[1], *Song Hongfang*[1], *Li Yan*[1] (1. *Department of Microbiological Testing, Xingtai Center for Disease Control and Prevention, Xingtai* 054000, *China*; 2. *Hebei Key Laboratory of Pathogens and Epidemiology of Infectious Diseases, Hebei Provincial Center for Disease Control and Prevention, Shijiazhuang* 050021, *China*)

［**Abstract**］ **Objective**　To understand the detection, epidemiological characteristics, and co-detection patterns of five bacterial pathogens in respiratory syndromes cases in Xingtai City, and to provide a reference for regional precision prevention and control. **Methods**　Respiratory specimens were collected from patients with respiratory syndromes at six sentinel hospitals in Xingtai City between April 2024 and December 2025. Real-time quantitative polymerase chain reaction (PCR) was used to detect five target bacterial pathogens: *Streptococcus pneumoniae*, *Haemophilus influenzae*, *Bordetella pertussis*, group A *Streptococcus*, and *Klebsiella pneumoniae*. Statistical analyses were performed using the chi-square test, Fisher's exact test, and Spearman's rank correlation analysis. The Benjamini-Hochberg method was used to adjust P values for multiple testing. **Results**　A total of 1 299 speci-

［收稿日期］ 2026－06－23
［基金项目］ 2024 年度邢台市市级科技自筹经费项目（2024ZC394）
［作者简介］ 尚云霄（1995－），女（汉族），河北省邢台市人，主管技师，主要从事病原微生物检验相关研究。
［通信作者］ 尚云霄　　E-mail：shangyunxiao@qq.com

mens were collected, with a taraget bacterial detection rate of 33.18% (431/1 299). No statistically significant difference in the detection rate was observed between sexes ($P = 0.124$). The predominant pathogens were *Streptococcus pneumoniae* (18.78%) and *Haemophilus influenzae* (11.86%). Stratified analysis showed that the detection rates of both pathogens remained relatively high in lower respiratory tract specimens from minors. The detection rates of *Klebsiella pneumoniae* were 15.25% in the ≥60-year age group and 11.63% in the <1-year age group. Its detection rate in lower respiratory tract specimens (11.94%) was higher than that in upper respiratory tract specimens (2.54%; $P<0.001$). The detection rates of the major pathogens exhibited a bimodal pattern, with peaks in September-November 2024 and April-June 2025. A weak positive correlation was observed between the detection of *Streptococcus pneumoniae* and *Haemophilus influenzae* ($r = 0.165$). Both pathogens were detected in 56 specimens, primarily from minors. **Conclusion** *Streptococcus pneumoniae* and *Haemophilus influenzae* had the highest detection rates among respiratory syndrome cases in Xingtai, with a certain degree of co-detection observed between the two pathogens. Clinicians should be highly alert to the risk of lower respiratory tract co-infections in school-aged children during empirical treatment and attention should be paid to the detection of *Klebsiella pneumoniae* in the lower respiratory tract specimens from elderly patients, providing a reference for establishing a targeted prevention and control system.

[**Key words**] respiratory syndrome; pathogen spectrum; epidemiological characteristics; co-infection; sentinel surveillance

呼吸道感染是临床常见且疾病负担较重的感染性疾病，已成为人类面临的重大公共卫生挑战，且其病原谱构成受人口结构、地理环境以及气候特征的影响。研究[1]证明，暴露于高浓度的 $PM_{2.5}$ 不仅会损伤气道结构，还能削弱呼吸道黏膜的免疫清除能力，从而增加人类对呼吸道细菌的易感性。尽管我国已建立国家致病菌识别网监测体系[2]，但既往研究多集中于北京[3]、石家庄[4]等城市。Hu 等[5]2024 年发表的研究指出，近年来我国百日咳发病率明显上升，且打破了既往的季节性流行规律，凸显了当前呼吸道传染病流行模式的复杂变化。

邢台市位于河北省南部、太行山脉东麓，受西高东低的半封闭地形影响，当地秋冬季大气层结稳定，易形成逆温层，导致底层空气污染物难以扩散。作为重要的工业和人口聚集区，邢台市目前尚缺乏标准化、连续的呼吸道细菌病原谱监测数据。因此，本研究严格遵循国家监测工作方案，对邢台市哨点医院采集的呼吸道标本进行多病原核酸检测，旨在阐明当地常见致病菌的分布规律，为构建区域性呼吸道传染病精准防控体系提供参考。

1 资料与方法

1.1 资料来源 本研究回顾性收集 2024 年 4 月—2025 年 12 月邢台市辖区内 6 所哨点医院（包括综合医院和儿童医院）送检的呼吸道症候群病例标本。病例纳入严格按《基于国家致病菌识别网的细菌性传染病实验室监测工作方案（2024 版）》执行。呼吸道症候群病例的纳入标准为同时满足以下 2 项条件：（1）具备急性感染表现（至少满足发热、白细胞计数异常、寒战或体温降低中的 1 项）；（2）具备呼吸道疾病临床表现（至少满足咽痛、鼻塞流涕、呼吸道黏膜充血或水肿、咳嗽加重、咳痰、气短、听诊呼吸音异常或胸痛中的 1 项）。明确诊断为肺炎的病例，除上述表现外，还需具备胸部 X 线片或 CT 提示的肺部炎性改变证据。

此外，本研究依托“国家致病菌识别网”专项常规监测项目开展。根据《基于国家致病菌识别网的细菌性传染病实验室监测工作方案（2024 版）》要求，该项目主要监测细菌、非典型病原体及真菌等病原体，故本研究的检测范围未涵盖病毒类病原体。实际执行中，本监测点按国家监测方案要求共完成 12 种呼吸道症候群相关病原体的核酸筛查。在后续数据处理与分析阶段，鉴于监测期间未检出军团菌，且非典型病原体、真菌与典型细菌在致病机制及临床经验性抗感染治疗策略上存在明显差异，为保证研究焦点的集中性与数据的同质性，本研究最终仅纳入肺炎链球菌、流感嗜血杆菌、百日咳鲍特菌、A 族链球菌和肺炎克雷伯菌 5 种典型细菌。

1.2 伦理审查声明 本研究已通过邢台市信都区人民医院医学伦理委员会审批（批准文号：2024-011）。本研究为基于国家致病菌识别网的常规回顾性监测数据分析，已获豁免患者知情同意。

1.3 标本采集与保存 各哨点医院经统一培训的

医务人员严格按照标准操作规程采集患者上呼吸道标本(口咽拭子等)或下呼吸道标本(支气管肺泡灌洗液、深部痰液等),采样完成后置于专用采样管中,2～8 ℃ 48 h 内冷链送至邢台市疾病预防控制中心微生物检验科进行呼吸道病原学监测。若标本在采集后 24 h 内无法完成核酸检测,则置于 -70 ℃超低温冰箱中冻存待检。

1.4 实验室检测

1.4.1 核酸提取 对 2024 年 4—10 月采集的标本,采用核酸自动提取仪(GenRotex96,西安天隆科技有限公司)及配套细菌基因组 DNA 提取试剂盒(批号:2312120T032)进行核酸提取;对 2024 年 11 月—2025 年 12 月采集的标本,采用全自动核酸提取仪(BG-Flex-48,上海伯杰医疗科技有限公司)及配套核酸纯化试剂盒(货号:TC-BG-009-96B-48)进行核酸提取,具体操作严格按说明书执行。

1.4.2 实时荧光定量聚合酶链反应(PCR)检测 按试剂盒说明书,使用 12 种呼吸道症候群致病菌核酸检测试剂盒[YZ-HX-930-200T-12,伯杰(青岛)医疗科技有限公司]对肺炎链球菌、流感嗜血杆菌、百日咳鲍特菌、A 族链球菌和肺炎克雷伯菌进行核酸检测。扩增仪器采用 LightCycler 480 Ⅱ型实时荧光定量 PCR 仪(瑞士 Roche 公司)和 Gentier 96E 全自动 PCR 仪(西安天隆科技有限公司)。PCR 反应体系总体积为 25 μL,反应循环参数均按照试剂盒说明书设置。

1.4.3 质量控制与结果判定 每次实验均同步设置试剂盒提供的阳性对照和阴性对照,以保证实验有效性。结果判定标准:扩增曲线呈典型 S 型且 Ct 值≤35 的标本判定为阳性;无扩增曲线或 Ct 值>35 判定为阴性。

1.5 统计学分析 应用 Excel 软件收集数据,并应用 R 软件(版本 4.5.1)进行数据清洗及统计分析。人口学特征及病原体检出情况等计数资料采用频数、构成比或检出率描述。组间检出率的比较采用 χ^2 检验,当理论频数<5 时,采用 *Fisher* 确切概率法。为控制多重检验的错误发现率(FDR),采用 *Benjamini-Hochberg* 法对病原体组间比较的 P 值进行校正。采用 *Spearman* 秩相关分析评估目标病原体检出的共现模式。采用 R 软件的 ggplot2 包绘制双 Y 轴趋势图,展示各病原体月度检出率及送检标本数量的变化;采用 ggVennDiagram 包绘制韦恩图,展示 5 种目标细菌的共同检出情况。所有统计检验均为双侧检验,检验水准 $\alpha = 0.05$。

2 结果

2.1 病例人口学特征与标本构成 研究共纳入 2024 年 4 月—2025 年 12 月邢台市哨点医院送检的呼吸道症候群病例标本 1 299 份。其中,标本主要采集于男性(59.43%),男女性别比约为 1.46∶1。各年龄组中,≥60 岁组占比最高,为 31.79%;其次为 6～17 岁组(25.33%)和 1～5 岁组(21.56%);<1 岁组占比最低,为 3.31%。标本类型方面,上呼吸道标本共 629 份(48.42%),以口咽拭子为主(626 份),另有鼻咽抽取物 3 份;下呼吸道标本主要为深部痰液 448 份(34.49%)和支气管肺泡灌洗液 221 份(17.01%),另有气管吸取物 1 份。见表 1。

表 1 2024—2025 年邢台市 1 299 份呼吸道症候群标本来源病例人口学特征及标本类型

Table 1 Demographic characteristics and specimen types of 1 299 respiratory syndrome specimens in Xingtai City, 2024-2025

项目	标本份数	构成比(%)
性别		
女性	527	40.57
男性	772	59.43
年龄(岁)		
<1	43	3.31
1～5	280	21.56
6～17	329	25.33
18～59	234	18.01
≥60	413	31.79
标本类型		
上呼吸道标本	629	48.42
下呼吸道标本	670	51.58

2.2 目标病原体检出情况 1 299 份标本经实时荧光定量 PCR 检测,共 431 份标本检出至少一种目标细菌,总体阳性检出率为 33.18%。其中,以单一病原体检出为主(341 份,79.12%)。5 种目标细菌中,肺炎链球菌检出率最高,为 18.78%(244 份);其次为流感嗜血杆菌,检出率为 11.86%(154 份);肺炎克雷伯菌检出率居第 3 位,为 7.39%(96 份);A 族链球菌和百日咳鲍特菌检出率较低,分别为 1.77%(23 份)、1.15%(15 份)。

2.3 不同人口学特征的病原体分布 上、下呼吸道

标本的总体细菌检出率比较，差异无统计学意义（32.91% VS 33.43%，$P=0.888$）。总体检出率在不同性别间比较，差异无统计学意义（$P=0.124$），但上呼吸道标本的总体检出率存在性别差异（$P=0.010$）。不同年龄组及标本类型的病原体检出情况亦有所不同。见表 2、3。

上呼吸道标本中，肺炎链球菌和流感嗜血杆菌在未成年人群中检出率较高，且不同年龄组间差异具有统计学意义（$P<0.001$）。肺炎链球菌在 1～5 岁组检出率最高（32.08%），流感嗜血杆菌在 6～17 岁组检出率最高（19.67%）。见表 3。

表 2 不同标本类型中 5 种目标细菌检出率比较[份(%)]

Table 2 Comparison of the detection rates of five target bacterial pathogens among different specimen types (No. of speimen [%])

细菌	上呼吸道标本	下呼吸道标本	χ^2	P
肺炎链球菌	132(20.99)	112(16.72)	3.601	0.058
流感嗜血杆菌	86(13.67)	68(10.15)	3.524	0.060
百日咳鲍特菌	6(0.95)	9(1.34)	0.157	0.692
A 族链球菌	14(2.23)	9(1.34)	0.990	0.320
肺炎克雷伯菌	16(2.54)	80(11.94)	40.492	<0.001
总体	207(32.91)	224(33.43)	0.020	0.888

表 3 不同性别及年龄组病例呼吸道标本目标细菌检出率比较

Table 3 Comparison of detection rates of target bacterial pathogens in respiratory specimens from cases of different sexes and age groups

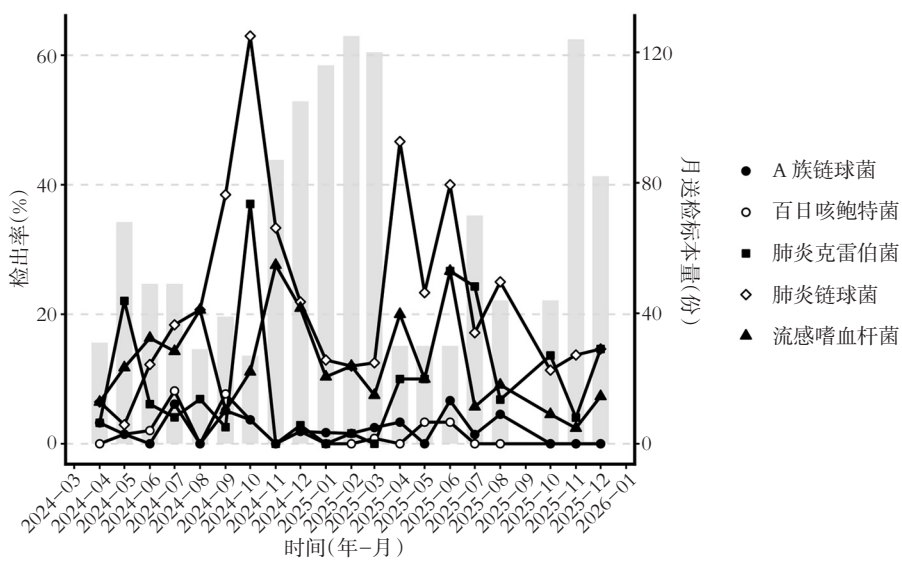
组别	总份数	总体阳性[份(%)]	肺炎链球菌[份(%)]	流感嗜血杆菌[份(%)]	百日咳鲍特菌[份(%)]	A 族链球菌[份(%)]	肺炎克雷伯菌[份(%)]
上呼吸道标本							
性别							
女	297	82(27.61)	52(17.51)	32(10.77)	2(0.67)	6(2.02)	7(2.36)
男	332	125(37.65)	80(24.10)	54(16.27)	4(1.20)	8(2.41)	9(2.71)
χ^2		6.771	3.715	3.552	/	0.004	<0.001
P		0.010	0.054	0.059	0.689*	0.952	0.978
年龄(岁)							
<1	33	10(30.30)	7(21.21)	3(9.09)	0(0)	0(0)	2(6.06)
1～5	212	90(42.45)	68(32.08)	34(16.04)	1(0.47)	0(0)	3(1.42)
6～17	183	74(40.44)	43(23.50)	36(19.67)	4(2.19)	11(6.01)	3(1.64)
18～59	116	22(18.97)	10(8.62)	11(9.48)	1(0.86)	3(2.59)	3(2.59)
≥60	85	11(12.94)	4(4.71)	2(2.35)	0(0)	0(0)	5(5.88)
χ^2		39.109	40.703	/	/	/	/
P		<0.001	<0.001	<0.001*	0.484*	<0.001*	0.099*
下呼吸道标本							
性别							
女	230	75(32.61)	39(16.96)	28(12.17)	2(0.87)	3(1.30)	22(9.57)
男	440	149(33.86)	73(16.59)	40(9.09)	7(1.59)	6(1.36)	58(13.18)
χ^2		0.058	<0.001	1.254	/	/	1.551
P		0.810	0.991	0.263	0.726*	1.000*	0.213
年龄(岁)							
<1	10	3(30.00)	2(20.00)	2(20.00)	0(0)	0(0)	3(30.00)
1～5	68	34(50.00)	28(41.18)	9(13.24)	0(0)	2(2.94)	3(4.41)
6～17	146	53(36.30)	29(19.86)	23(15.75)	4(2.74)	3(2.05)	3(2.05)
18～59	118	33(27.97)	15(12.71)	11(9.32)	2(1.69)	1(0.85)	13(11.02)
≥60	328	101(30.79)	38(11.59)	23(7.01)	3(0.91)	3(0.91)	58(17.68)
P		0.020*	<0.001*	0.024*	0.390*	0.438*	<0.001*

注：/表示无数值；* 表示采用 *Fisher* 确切概率法。

下呼吸道标本中，肺炎链球菌在 1～5 岁组检出率(41.18%)最高；流感嗜血杆菌在下呼吸道标本中的检出率以＜1 岁组(20.00%)和 6～17 岁组(15.75%)较高。值得注意的是，肺炎克雷伯菌在下呼吸道标本中的检出率(11.94%)高于上呼吸道标本(2.54%，P＜0.001)，在＜1 岁组及≥60 岁组检出率分别为 30.00%、17.68%。

2.4　时间分布特征　各病原体检出率呈现出明显的月份波动特征。肺炎链球菌在多数监测月份均有检出，2024 年 9—11 月出现检出高峰，其中 10 月检出率最高(62.96%)；2025 年 4—6 月出现次高峰，提示秋冬季节和春末夏初为其高发期。流感嗜血杆菌检出率变化趋势与肺炎链球菌部分相似，检出高峰集中在 2024 年 11—12 月及 2025 年 4 月和 6 月，呈现秋冬季和春夏之交两个检出高峰的特点。肺炎克雷伯菌于 2024 年 5 月出现一个较小高峰，2024 年 10 月检出率最高(37.04%)，2025 年 6—7 月检出率再次处于较高水平(超过 24.00%)。由于总体检出数较少，A 族链球菌和百日咳鲍特菌全年呈低水平散发，未观察到明显变化趋势。见图 1。

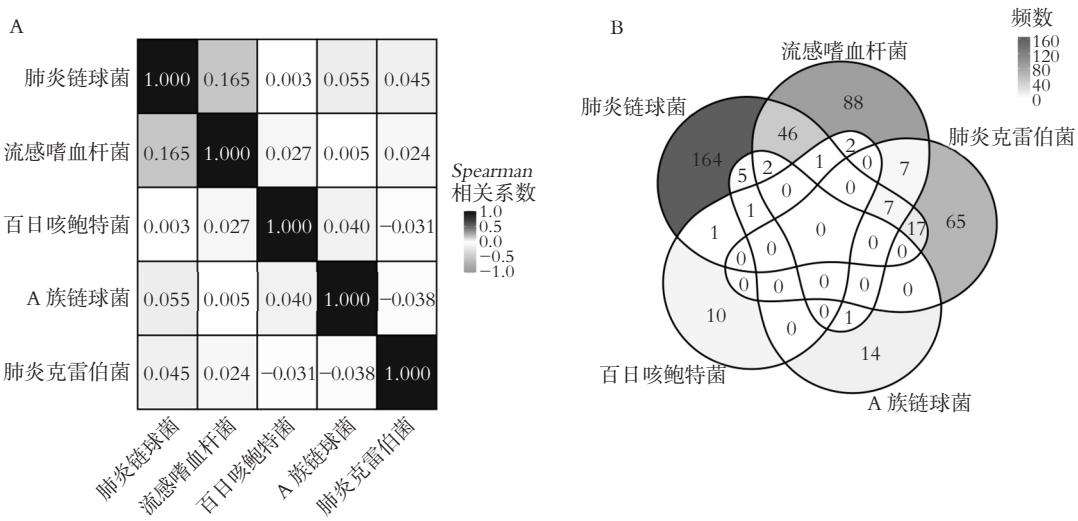
2.5　重点病原体的共同检出模式　431 份阳性标本中，仅检出单一病原体的标本占 79.12%(341 份)，同时检出 2 种目标细菌的标本占 18.33%(79 份)，同时检出 3 种目标细菌的标本占 2.55%(11 份)。共同检出模式分析结果显示，部分病原体的检出状态存在一定相关性。相关分析结果表明，肺炎链球菌与流感嗜血杆菌的检出呈弱正相关(r = 0.165，P＜0.001)；其他病原体两两之间的相关系数绝对值均较小，见图 2A。韦恩图展示 5 种病原体共同检出情况，其中肺炎链球菌与流感嗜血杆菌同时检出的标本最多(46 份)，其次为肺炎链球菌与肺炎克雷伯菌共同检出的标本(17 份)，见图 2B。将检出 3 种及以上病原体的标本纳入分析后，肺炎链球菌与流感嗜血杆菌共同检出的标本(56 份)主要来自未成年人群，见图 3。35 份上呼吸道共同检出标本中，以 1～5 岁(15 份)及 6～17 岁(17 份)为主；21 份下呼吸道共同检出标本中，以 6～17 岁组(8 份)和 18～59 岁组(5 份)为主。



注：图中折线代表 5 种目标细菌各月阳性检出率(%)。2025 年 9 月因哨点医院采样中断，该月无有效监测数据，故折线在该时间点中断。

图 1　2024—2025 年邢台市 1 299 份呼吸道症候群标本主要细菌病原体检出率的时间分布趋势

Figure 1　Temporal distribution trends in the detection rates of major bacterial pathogens among 1 299 respiratory syndrome specimens in Xingtai City, 2024－2025



注：A 为 *Spearman* 秩相关系数热力图；B 为 5 种目标细菌共同检出情况韦恩图。

图 2　2024—2025 年邢台市 1 299 份呼吸道症候群标本中 5 种目标细菌共同检出模式分析

Figure 2　Analysis of co-infection patterns of five target bacterial pathogens among 1 299 respiratory syndrome specimens in Xingtai City, 2024 - 2025

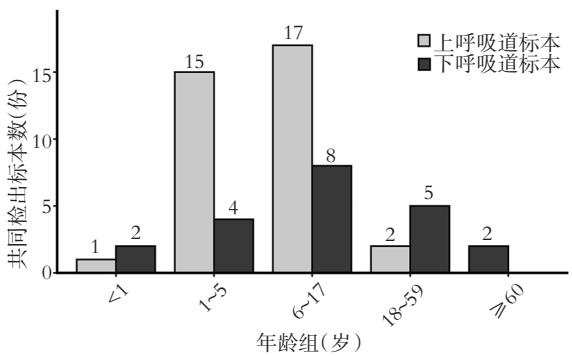


图 3　共同检出肺炎链球菌与流感嗜血杆菌的标本来源病例年龄及标本类型分布

Figure 3　Distribution of patient age and specimen types for specimens with co-detection of *Streptococcus pneumoniae* and *Haemophilus influenzae*

3　讨论

本研究结果显示，2024 年 4 月—2025 年 12 月邢台市呼吸道症候群病例 5 种目标细菌的总检出率为 33.18%，以肺炎链球菌和流感嗜血杆菌为主。与国内其他地区报道的监测数据[6-7]相比，邢台地区优势病原谱构成基本一致，但目标细菌检出率略高，提示新型冠状病毒感染疫情后呼吸道病原体流行情况可能发生变化。研究[8]推测，新型冠状病毒感染疫情期间非药物干预措施减少了人群对常见呼吸道病原体的暴露，可能与后续呼吸道感染的流行变化有关。Wang 等[9]发表的比较分析研究同样证实，解除非药物干预措施后，住院儿童呼吸道细菌总体检出率较疫情前显著升高，提示临床医生和疾病控制工作者应高度关注常见呼吸道细菌性病原体检出情况的变化。

肺炎链球菌和流感嗜血杆菌在邢台市儿童群体中检出率较高，且存在共同检出现象。值得强调的是，本研究对上、下呼吸道标本进行分层分析，以减少上呼吸道常驻菌群对真实检出数据的干扰。流感嗜血杆菌作为口咽部常见定植菌，其在上呼吸道标本中的高检出率可能部分反映了学龄儿童的细菌定植状态。然而，在下呼吸道标本中，流感嗜血杆菌在<1 岁组和 6～17 岁组的检出率仍高达 20.00%和 15.75%，肺炎链球菌在 1～5 岁组检出率更高达 41.18%。该结果提示这两类细菌可能在未成年人群下呼吸道感染中具备侵袭力。既往文献提示，两种细菌的共同检出现象可能与其在鼻咽部定植时的微生态互利共生有关。例如，流感嗜血杆菌产生的 β-内酰胺酶可能通过降解局部抗菌药物，为共存细菌提供庇护[10]；同时，两种细菌在呼吸道上皮形成的混合生物膜也可能增强其对宿主免疫清除的抵抗能力[11]。本研究发现，在 6～17 岁组及成人的下呼吸道标本中，这两种病原体构成最常见的共同检出病原体组合。该现象对临床具有重要的指导意义：在双峰流行季节，针对因下呼吸道感染入院的学龄期患儿，临床医生制定经验性抗感染治疗方案时应高度警惕该共感染风险，必要时应结合患者病情、病原学检测结果及当地细菌耐药监测数据，合理选择经验性抗感染治疗方案，以提高初始治疗成功率。世界卫生组织

最新公布的免疫接种覆盖数据表明，区域性疫苗接种率差异是导致感染发病率不同的重要因素[12]。目前，肺炎链球菌结合疫苗和 b 型流感嗜血杆菌疫苗在河北省仍属于非免疫规划类疫苗，接种率相对不足可能同样是导致两种细菌协同传播的原因之一。

本研究还发现病原体呈现出明显的季节性特征，肺炎链球菌和流感嗜血杆菌主要在秋冬及春夏交替季节出现检出高峰，该季节性分布特征可能与邢台特有的地理环境和气候条件有关。秋冬季邢台常受逆温层控制，细颗粒物等空气污染物浓度较高。既往证据已证实，长期暴露于高浓度细颗粒物环境会显著增加呼吸系统疾病负担和致死风险[13]。昆明地区的研究同样显示，呼吸道病原体检出率在冬季达到峰值，并与气温下降导致人群在室内密闭空间聚集及呼吸道黏膜免疫防御屏障功能下降高度相关[14]。该发现提示，卫生行政部门可在每年供暖季节之前，针对高风险暴露人群采取包含健康宣教和疫苗接种在内的综合预防措施。

值得注意的是，本研究发现肺炎克雷伯菌在≥60 岁人群中检出率较高，且其在下呼吸道标本中的检出率高于上呼吸道标本。肺炎克雷伯菌作为机会致病菌，更容易引起局部或全身免疫功能低下人群感染。既往研究指出，慢性阻塞性肺疾病、恶性肿瘤等基础疾病是肺部重症感染的独立危险因素[15]。需要指出的是，本研究比较不同标本类型检出率时可能存在临床采样策略带来的选择偏倚。在常规诊疗中，医生往往更倾向于对疑似深部感染或病情相对较重的患者采集下呼吸道标本（如深部痰液、支气管肺泡灌洗液）。由于本研究未能收集患者的疾病严重程度分级与基础疾病信息，故无法完全排除临床采样选择偏倚对肺炎克雷伯菌在下呼吸道标本中高检出率的影响。尽管如此，既往研究已明确证实，咽拭子极易受上呼吸道常驻菌群干扰，其对深部感染致病菌的监测敏感度远低于合格的下呼吸道标本[16]。此外，本研究未观察到总体阳性检出率的性别差异，提示在整体发病层面，高龄及潜在的基础疾病负担可能比单纯的性别特征发挥更核心的作用。上述结果共同提示，临床面对高度怀疑革兰阴性菌感染的老年肺炎患者时，在条件允许的情况下应规范采集下呼吸道深部标本，以减少定植菌对检测结果判读的干扰，并降低漏诊风险。

本研究存在一定局限性。首先，本研究基于国家致病菌识别网专项监测方案开展，主要针对细菌性病原体监测，未能涵盖流行性感冒病毒、呼吸道合胞病毒等常见呼吸道病毒，故无法评估全部阴性标本中病毒感染的占比及病毒 - 细菌混合感染情况。同时，因监测系统未同步采集患者白细胞计数、C 反应蛋白、降钙素原等临床检验指标，难以结合宿主系统性炎症反应水平对目标细菌阴性病例进行病因学辅助鉴别，亦难以从临床层面进一步区分呼吸道细菌感染与定植。未来需联合区域病毒监测网络数据，以全面评估病毒与细菌混合感染对发病趋势的综合影响。其次，PCR 核酸阳性仅代表标本中存在目标病原体基因片段，无法仅凭检测结果区分呼吸道感染与定植。第三，受限于监测数据，本研究缺乏患者疾病严重程度分级资料、抗菌药物暴露史及相关疫苗接种记录，限制了对易感因素及偏倚的分层探讨；同时，因日常监测物资批次调整，本研究在监测中期更换了核酸提取仪器及配套提取试剂，尽管两种提取体系均采用磁珠法原理且下游 PCR 扩增试剂与质控标准保持完全一致，但更换前后未开展严格的平行提取一致性验证，不同提取体系间可能存在的提取效率差异会对前后期检出率产生一定潜在偏倚。最后，标本仅来自邢台市，研究结果的地区代表性有待进一步验证，未来还需结合多病原体联合监测与测序技术开展长期纵向追踪。

综上所述，本研究系统地揭示了邢台地区呼吸道症候群病例中 5 种目标细菌感染的流行病学特征，发现肺炎链球菌与流感嗜血杆菌是本研究监测的主要检出细菌，且两者共同检出的标本主要来自未成年人群。本研究不仅填补了当地呼吸道传染病数据的空白，更提示临床医疗机构与公共卫生部门需充分考量病原体的季节规律及人群易感差异，推行精准化的协同防控策略，以切实提升区域呼吸道传染病的综合防治水平。

作者贡献声明：尚云霄负责研究设计、数据收集及整理、实验操作、图表制作、论文撰写、论文修改；贾肇一负责研究设计、写作指导、论文修改；苏铭负责实验操作、图表制作、数据收集及整理；宋红芳负责实验操作、数据分析；李艳负责数据收集及整理。

利益冲突：所有作者均声明不存在利益冲突。

[参 考 文 献]

[1] Zheng Tianqi, Wang Yajun, Zhou Zheng, et al. PM2.5 causes increased bacterial invasion by affecting HBD1 expression in

the lung[J]. J Immunol Res, 2024, 2024: 6622950.

[2] 中国疾病预防控制中心. 基于国家致病菌识别网的细菌性传染病实验室监测工作方案(2024 版)[R]. 2024.
Chinese Center for Disease Control and Prevention. Work plan for laboratory surveillance of bacterial infectious diseases based on the Chinese pathogen identification net(version 2024)[R]. 2024.

[3] 曹艳, 陈雨, 伊洁, 等. 北京地区 2023—2024 年秋冬季急性呼吸道感染疾病的病原体流行情况分析: 以北京协和医院 5 556 例患者为例[J]. 协和医学杂志, 2025, 16(3): 680-686.
Cao Yan, Chen Yu, Yi Jie, et al. Epidemiological analysis of pathogens in acute respiratory infections during the 2023-2024 Autumn-Winter season in Beijing: a case series of 5 556 patients at Peking Union Medical College Hospital[J]. Medical Journal of Peking Union Medical College Hospital, 2025, 16(3): 680-686.

[4] Zhao Pei, Zhang Yu, Wang Jie, 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.

[5] Hu Yahong, Guo Mengyang, Meng Qinghong, et al. Rising pertussis cases and deaths in China: current trends and clinical solutions[J]. Emerg Microbes Infect, 2024, 13(1): 2389086.

[6] 雷成江, 王元春, 张玉霞, 等. 2023—2024 年甘肃省天水市某三甲哨点医院急性呼吸道感染多病原监测分析[J]. 疾病监测, 2025, 40(12): 1547-1552.
Lei Chengjiang, Wang Yuanchun, Zhang Yuxia, et al. Surveillance for acute respiratory infections with multiple pathogens in a grade Ⅲ (A) sentinel hospital in Tianshui, Gansu, 2023-2024[J]. Disease Surveillance, 2025, 40(12): 1547-1552.

[7] 李林林, 刘军, 李素鹏. 枣庄市儿童急性呼吸道感染病原体监测结果分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2024, 19(7): 815-819.
Li Linlin, Liu Jun, Li Supeng. Analysis of the monitoring results of multiple pathogens of acute respiratory infection in children in Zaozhuang[J]. Journal of Pathogen Biology, 2024, 19(7): 815-819.

[8] Rubin R. From "immunity debt" to "immunity theft"-how COVID-19 might be tied to recent respiratory disease surges [J]. JAMA, 2024, 331(5): 378-381.

[9] Wang Heping, Guo Yuping, Wang Rongjun, et al. Epidemiological shifts in children respiratory pathogens in Shenzhen, China: a comparative analysis before and after the relaxation of COVID-19 non-pharmaceutical interventions[J]. Influenza Other Respir Viruses, 2025, 19(4): e70114.

[10] Brook I. The role of beta-lactamase-producing-bacteria in mixed infections[J]. BMC Infect Dis, 2009, 9: 202.

[11] Tikhomirova A, Kidd S P. Haemophilus influenzae and *Streptococcus pneumoniae*: living together in a biofilm[J]. Pathog Dis, 2013, 69(2): 114-126.

[12] WHO. Immunization coverage[EB/OL]. [2026-03-15]. https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/immunization-coverage.

[13] Chen Jie, Hoek G. Long-term exposure to PM and all-cause and cause-specific mortality: a systematic review and meta-analysis[J]. Environ Int, 2020, 143: 105974.

[14] 王学娟, 孟银平, 周晓芳, 等. 2018—2020 年昆明市发热呼吸道症候群哨点监测结果及分析[J]. 现代预防医学, 2022, 49(5): 773-777, 793.
Wang Xuejuan, Meng Yinping, Zhou Xiaofang, et al. Results and analysis of sentinel monitoring of febrile respiratory syndrome in Kunming, 2018-2020[J]. Modern Preventive Medicine, 2022, 49(5): 773-777, 793.

[15] Shimizu T, Okachi S, Imai N, et al. Risk factors for pulmonary infection after diagnostic bronchoscopy in patients with lung cancer[J]. Nagoya J Med Sci, 2020, 82(1): 69-77.

[16] Ma Zhanying, Deng Hua, Hua Lidong, et al. Suspension microarray-based comparison of oropharyngeal swab and bronchoalveolar lavage fluid for pathogen identification in young children hospitalized with respiratory tract infection[J]. BMC Infect Dis, 2020, 20(1): 168.

(本文编辑:陈玉华)

本文引用格式:尚云霄,贾肇一,苏铭,等. 2024—2025 年邢台市呼吸道症候群病例 5 种细菌病原体监测及其流行病学特征[J]. 中国感染控制杂志,2026,25(11):1665-1672. DOI:10.12138/j.issn.1671-9638.20264696.

Cite this article as: Shang Yunxiao, Jia Zhaoyi, Su Ming, et al. Surveillance and epidemiological characteristics of five bacterial pathogens in respiratory syndrome cases in Xingtai City, 2024-2025[J]. Chin J Infect Control, 2026, 25(11): 1665-1672. DOI: 10.12138/j.issn.1671-9638.20264696.