

引用本文:周坤,胡茂红,童小琴,等.南昌市2010—2020年流行性感胃监测结果分析[J].安徽医药,2024,28(1): 134-138.DOI:10.3969/j.issn.1009-6469.2024.01.028.

◇临床医学◇



南昌市2010—2020年流行性感胃监测结果分析

周坤¹,胡茂红¹,童小琴¹,宋文涛¹,熊勋¹,李铭先²,吴景文¹

作者单位:¹传染病预防控制国家重点实验室研究基地、江西省动物源与媒介生物性传染病重点实验室、南昌市疾病预防控制中心,江西 南昌330038;²西湖区疾病预防控制中心,江西 南昌330038

基金项目:江西省卫生健康委科技计划项目(202211686)

摘要 目的 分析2010—2020年度南昌市流行性感胃(简称“流感”)的流行病学特征及病原学分布规律,为防控提供科学依据。**方法** 收集南昌市2010—2020年度南昌大学第一附属医院、江西省儿童医院、南昌市第三医院3家流感监测哨点医院的流感监测数据、病原学监测数据和暴发疫情资料,利用SPSS 22.0软件进行 χ^2 检验。**结果** 南昌市2010—2020年度流感样病例(influenza-like illness, ILI)各年度总体趋势先降后升, ≤ 4 岁年龄组构成比占比最高,占49.04%(155 064/316 223);共检测ILI样本25 813份,流感病毒核酸检测阳性检出4 045份,阳性检出率为15.7%,不同年度阳性检出率差异有统计学意义($\chi^2=388.44, P<0.001$),且各年度流感优势毒株不同;共报告54起流感样病例暴发疫情,绝大部分发生在托幼机构和中小学,其中26起是由B型流感导致。**结论** 2010—2020年度南昌市流行性感胃疫情冬春季高发,每年的流行毒株各不相同,呈交替或混合流行,托幼机构和中小学是较易发生流感疫情的场所,应加强流行性感胃监测和防控并提高重点人群流感疫苗接种率。

关键词 流感;人;正黏病毒科;流感样病例;病原学监测;暴发疫情;流行病学

Analysis of influenza surveillance in Nanchang from 2010 to 2020

ZHOU Kun¹, HU Maohong¹, TONG Xiaoqin¹, SONG Wentao¹, XIONG Xun¹, LI Mingxian², WU Jingwen¹

Author Affiliations:¹The Collaboration Unit for Field Epidemiology of State Key Laboratory for Infectious Disease Prevention and Control, Jiangxi Provincial Key Laboratory of Animal-origin and Vector-borne Diseases, Nanchang Center for Disease Control and Prevention, Nanchang, Jiangxi 330038, China; ²Xihu District Center for Disease Control and Prevention, Nanchang, Jiangxi 330038, China

Abstract Objective To understand the epidemic characteristics and etiological distribution of influenza in Nanchang from 2010 to 2020, and to provide scientific basis for the prevention and control of influenza in Nanchang. **Methods** Influenza surveillance data, etiological surveillance data and outbreak data were collected from the First Affiliated Hospital of Nanchang University, the Children's Hospital of Jiangxi Province and the Third Hospital of Nanchang City from 2010 to 2020, and SPSS 22.0 software was tested. **Results** The annual general trend of influenza-like illness (ILI) cases in Nanchang city from 2010 to 2020 decreased first and then increased. The composition ratio of 0-4 years old group was the highest. Accounting for 49.04% (155 064/316 223). A total of 25 813 ILI samples were detected, and 4 045 influenza virus nucleic acid positive samples were detected, with a positive rate of 15.7% ($\chi^2=388.44, P<0.001$). The dominant influenza strains were different in each years. A total of 54 influenza-like outbreaks were reported, mostly in childcare facilities and primary and secondary schools, of which 26 were caused by influenza B. **Conclusions** From 2010 to 2020, the influenza epidemic in Nanchang was high in winter and spring, and the epidemic strains were different in each year, presenting alternating or mixed epidemics. Nurseries and primary and secondary schools were the key places for influenza epidemic prevention and control, so it was necessary to strengthen surveillance and prevention and control, and improve the influenza vaccine coverage rate among the key population.

Keywords Influenza, human; Orthomyxoviridae; Influenza-like illness; Pathogenic surveillance; Outbreak; Epidemiology

流行性感胃(简称“流感”)是由流感病毒感染导致的一种急性呼吸道传染病,好发于孕妇、5岁以下的儿童、老年人和慢性病人^[1]。流感也是全球

发病和死亡较高的病种之一^[2],据世界卫生组织统计,每年流感的重症人数为300万至500万,其中29万至65万人会死于流感^[3],由于流感病毒容易变

异,会导致定期季节性流感传播和偶尔的大流行事件^[4-5]。流感监测是掌握流感流行特征及病原学分布规律的重要手段,本研究通过对南昌市2010—2020年流行性感冒监测结果分析,了解南昌市流感的流行病学特征和病原学的分布规律,为流感防控提供科学依据。

1 资料与方法

1.1 资料来源 流感样病例监测数据来源于中国流感监测信息系统中的南昌大学第一附属医院、江西省儿童医院、南昌市第三医院3家哨点医院,监测年度为当年的第14周到次年第13周,收集3家哨点医院2010年第14周至2020年第13周的监测数据,病原学监测数据来自省疾控中心和市疾控中心网络实验室,流感暴发疫情监测来源于中国流感监测信息系统中的流感暴发监测。本研究符合《世界医学协会赫尔辛基宣言》相关要求。

1.2 方法

1.2.1 流感样病例监测 根据流感样病例定义,南昌市3家流感监测哨点医院对每日就诊的病例进行诊断,并对流感样病例的就诊总人数和门急诊、发热门诊的就诊人数进行分年龄组登记,每周一分诊室在流感系统中录入流感监测数据。

1.2.2 流感病原学监测 根据《江西省流感监测方案(2012)》要求,每家哨点医院采集流感样病例(ILI)发病3 d内咽拭子标本,每周采集20份ILI标本,48 h内送至南昌市疾控中心网路实验室,采用Promega核酸全自动纯化仪16型,ABI7300型实时荧光定量PCR基因扩增仪,Promega核酸纯化试剂盒(磁珠法,批号AS1150);荧光PCR法流感病毒核酸检测试剂盒,进行荧光定量反转录PCR病毒核酸检测。

1.2.3 流感暴发疫情监测 根据《中国流感样病例暴发疫情处置指南》中流感暴发疫情定义,同一集体单位如学校、托幼机构1周内出现10例及以上的流感样病例,区、县CDC接到疫情报告后,立即开展

疫情处置,进行流行病学调查,采集标本送往市CDC检测,并24 h内在中国流感监测信息系统和突发公共卫生事件系统中报告。

1.3 统计学方法 采用Excel 2016对南昌市2010年4月5日至2020年3月29日流感监测数据进行汇总整理,不同年度、不同年龄组之间的率比较,运用SPSS 22.0进行 χ^2 检验,检验水准 $\alpha=0.05$ 。

2 结果

2.1 流感样病例监测结果

2.1.1 流感样病例总体概况 2010年4月5日(14周)至2020年3月29日(13周),南昌市3家哨点流感样病例总体趋势先降后升,医院门急诊病例就诊总数11 717 162例,其中ILI病例数316 223,ILI就诊百分比为2.70%,其中2010—2011年度ILI就诊百分比最高,达到6.41%(45 671/711 980),2016—2017年度ILI就诊百分比最低,为1.23%(16 923/1 377 592),见图1。

2.1.2 时间分布 10个监测年度ILI%线性趋势较为一致,总体趋势为逐年下降后缓慢上升。高峰期均在次年的1~3月,2010—2011年、2012—2013年和2013—2014年,3个监测年度ILI%维持在较高水平,且逐年递减,2015—2016年、2016—2017年和2017—2018年监测年度ILI%与其他监测年度相比处在较低水平;2019—2020年监测年度ILI%高峰持续时间较长,峰值比其他监测年度略提前,本监测年度病原学阳性率最高为1月份,高峰持续时间集中在1~2月,峰顶分布在1月中旬,见图2。

2.1.3 ILI年龄分布 将2010—2020年ILI构成比分成3个年龄组,ILI构成比在5~14岁年龄组有逐年下降的趋势,15岁以上年龄组有缓慢上升趋势。 ≤ 4 岁年龄组流感样病例发病儿童最多(155 064例),占ILI总病例数的49.04%;其次为>4~14岁组(27.55%),流感样病例发病最低的人群为>14岁组(23.41%),见表1。

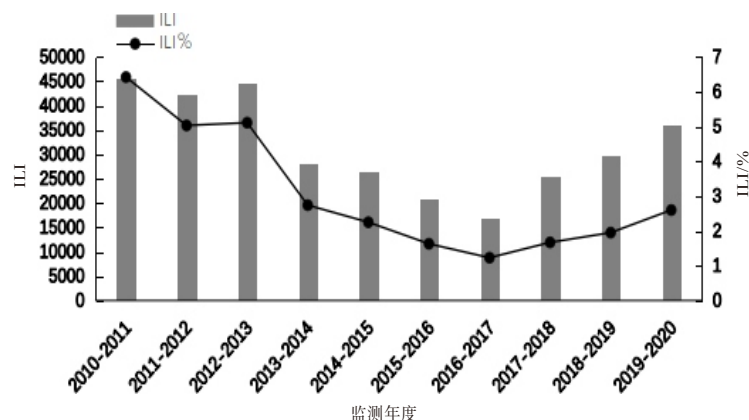


图1 2010—2020年度南昌市流感样病例(ILI)时间分布(检测年度为第一年的第14周到次年的第13周)

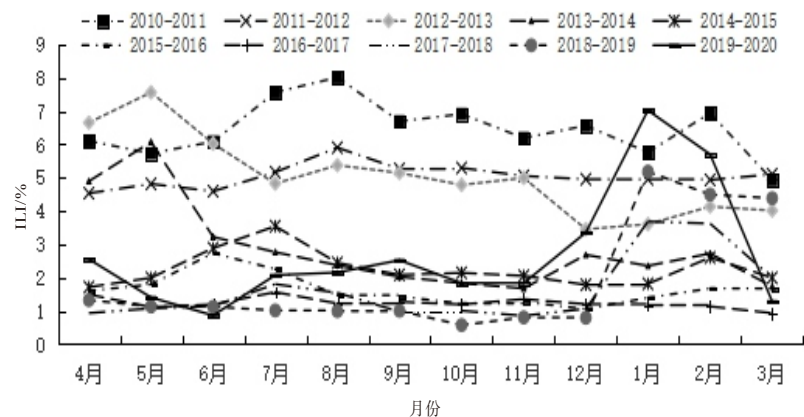


图2 2010—2020年度南昌市流感监测哨点医院流感样病例(ILI)分月监测结果(检测年度为第一年的第14周到次年的第13周)

2.2 病原学检测结果

2.2.1 总体概况 2010—2020年度,南昌市3家哨点医院共采集25 813例ILI咽拭子样本进行流感病毒核酸检测,其中阳性率为阳性样本数与检测数的比值,10个监测年度共检测出阳性标本40 45份,阳性率为15.7%,其中季H3检出率最高,为6.5%。不同年度的阳性检出率差异有统计学意义($\chi^2=388.44, P<0.001$)。阳性标本检出时间集中在11月至次年3月(冬春季)、4~7月(夏季)。不同年度阳性检出高峰时间不同,流行的优势毒株也不同,10个监测年度的优势毒株依次为季节性H3、B型流感病毒和新甲型H1,见表2。

2.2.2 流感病毒各亚型构成情况 各年度流感病毒优势毒株各不相同,总体上看每年流行毒株以B

型流感病毒和季节性H3为主,其中2011—2012年度主要以B型流感病毒流行,占比为12.2%,新甲型H1与季节性H3呈现散发,2012—2013年度以季节性H3成为流行优势株,B型流感病毒检出率仅为0.6%,2014—2015年度主要优势毒株为季节性H3,占比为11.0%,而2017—2018年度,新甲型H1、季节性H3和B型流感病毒交替流行,2018—2019年度主要以新甲H1流感病毒流行,占比为7.6%,而2019—2020年度新甲H1流感病毒检出率占比仅为0.7%,见图3。

2.3 暴发疫情 2010—2020年度共报告流感暴发疫情54起,发病人数总计1 435例,波及人数总计99 366例,无死亡病例。其中,由新甲H1引起的8起(14.81%),季H3引起的16起(29.63%),B型流感

表1 2010—2020年度南昌市流感样病例各年龄组ILI构成比分布(检测年度为第1年的第14周到次年的第13周)/%

年龄组	2010— 2011年度	2011— 2012年度	2012— 2013年度	2013— 2014年度	2014— 2015年度	2015— 2016年度	2016— 2017年度	2017— 2018年度	2018— 2019年度	2019— 2020年度
0~4岁组	58.58	59.4	54.81	43.31	43.17	37.66	34.76	37.75	48.78	47.88
>4~14岁组	32.55	30.72	36.67	27.98	25.75	19.42	20.36	26.15	22.45	20.49
>14岁组	8.87	9.89	8.52	28.71	31.08	42.92	44.88	36.10	28.77	31.64

表2 南昌市2010—2020年流感核酸检测结果

年份	检测数/ 例	阳性数/ 例	阳性 率/%	新甲H1		季H3		B型		其他	
				阳性数/例	阳性率/%	阳性数/例	阳性率/%	阳性数/例	阳性率/%	阳性数/例	阳性率/%
2010—2011	984	119	12.1	21	2.1	5	0.5	39	4.0	54	5.5
2011—2012	985	147	14.9	1	0.1	19	1.9	120	12.2	7	0.7
2012—2013	705	105	14.9	26	3.7	73	10.4	4	0.6	2	0.3
2013—2014	3509	691	19.7	277	7.9	251	7.2	161	4.6	2	0.1
2014—2015	3382	522	15.4	5	0.1	373	11.0	144	4.3	0	0
2015—2016	3299	419	12.7	86	2.6	225	6.8	107	3.2	1	0
2016—2017	3317	475	14.3	74	2.2	280	8.4	121	3.6	0	0
2017—2018	3192	813	25.5	272	8.5	224	7.0	317	9.9	0	0
2018—2019	3245	378	11.6	245	7.6	80	2.5	53	1.6	0	0
2019—2020	3195	376	11.8	23	0.7	149	4.7	204	6.4	0	0
合计	25 813	4 045	15.7	1 030	4.0	1 679	6.5	1 270	4.9	66	0.3

注:年份范围诸如“2010—2011”指2010年第14周至2011年的第13周。

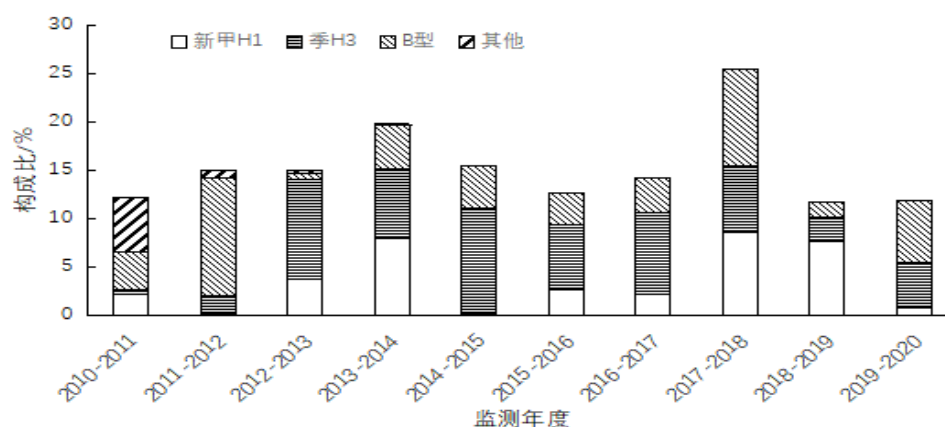


图3 2010—2020年南昌市流感病毒各亚型构成情况(检测年度为第一年的第14周到次年的第13周)

引起的26起(48.15%),混合型4起(7.41%)。学校52起(96.30%),均发生的托幼机构及中小学,农场2起(3.70%)。

3 讨论

南昌市2010—2020年度流感监测结果显示,南昌市流感全年均可发生,2010—2011年度ILI及ILI%显著高于其他监测年度,南昌市ILI及ILI%峰值基本吻合,近10年ILI%呈现逐年下降后缓慢递增趋势。南昌市2010—2020年度流感样病例中0~4岁年龄组比例最大,其次是>4~14岁年龄组,14岁以下为主要易感人群,与我国南方其他地市监测结果一致^[6-8]。2010—2020年度ILI%曲线在每年12月至次年的3月达到高峰,与我国其他地市研究结果一致^[9-11]。

南昌市流感流行季一般在冬春季节,个别监测年度夏季也会出现一个流行小高峰,这与流感的流行特征一致^[12-15]。10个监测年度中,2019—2020年流行季进入活跃期最早,流行水平较高,监测显示,该年度B型毒株和季节性H3交替流行,且该年度B型和季节性H3流感病毒与疫苗株存在差异,同时该年度降温提前,这可能是导致该年度流感季稍提前的原因。2010—2020年度流感优势株交替变化,流行亚型的数量和叠加流行的时间对流感峰值和持续时间影响较大,优势毒株交替变化是导致流感在世界范围内流行的主要原因,造成流感防控难度大^[16]。

暴发疫情监测结果显示,发生流感暴发疫情的场所主要是托幼机构、中小学校,这符合14岁以下年龄组易感染的特征^[17],同时,托幼机构和中小学校的人员密集场所,这更容易导致流感疫情暴发^[18-20]。提示应做好冬春托幼机构和中小学校流感疫情防控工作。本研究显示每年11月份开始,ILI及ILI%开始升高,而流感疫苗接种2~4周后,抗体才会产生,故建议重点人员流感疫苗的接种应于每

年10月底前完成。

综上,南昌市2010—2020年度流感冬春季高发,疫情暴发主要发生在托幼机构和中小学校,现有的流感监测系统能够初步预测流感流行趋势,在一定程度上为南昌市流感防控工作提供科学依据。

参考文献

- [1] FISCHER WA 2ND, GONG M, BAGWANJEE S, et al. Global burden of influenza as a cause of cardiopulmonary morbidity and mortality[J]. Glob Heart, 2014,9(3):325-336.
- [2] 龚慧, 杨娟. 2017年流感相关下呼吸道感染导致的死亡、发病和住院数:全球疾病负担研究[J]. 中华医学杂志, 2021,101(8):567-567.
- [3] 朱爱琴, 郑亚明, 秦颖, 等. 中国流感经济负担研究系统综述[J]. 中华预防医学杂志, 2019,53(10):1043-1048.
- [4] COX NJ, SUBBARAO K. Global epidemiology of influenza: past and present[J]. Annu Rev Med, 2000,51:407-421.
- [5] COX NJ, SUBBARAO K. Influenza [J]. Lancet, 1999, 354(9186):1277-1282.
- [6] 李泽颖, 谭夏林, 李作超, 等. 2014—2019年永州市流感监测结果分析[J]. 预防医学情报杂志, 2021,37(10):1382-1387.
- [7] 程燕, 刘如春, 李叶兰, 等. 2012—2016年长沙市流感监测结果[J]. 职业与健康, 2018,34(2):200-203.
- [8] 汪鹏, 杨小兵, 孔德广, 等. 武汉市2012—2017年流感监测结果分析[J]. 现代预防医学, 2018,45(1):141-144.
- [9] 金丽娜, 史凤琳, 赵燕航, 等. 2016—2020年度北京市海淀区流行性感冒流行特征分析[J]. 首都公共卫生, 2021,15(4):224-227.
- [10] 韩亚凤, 宋丹. 2016—2019年天津市河北区流行性感冒监测分析[J]. 中国校医, 2021,35(9):671-672,699.
- [11] 史恒越, 顾幸幸, 兰玉杰, 等. 2014—2019年度阜新市流感监测结果分析[J]. 预防医学情报杂志, 2021,37(2):249-254.
- [12] 张静, 杨维中, 郭元吉, 等. 中国2001~2003年流行性感冒流行特征分析[J]. 中华流行病学杂志, 2004,25(6):461-465.
- [13] 肖晗曦. 2015年中国大陆流行性感冒流行特征分析[J]. 农家参谋, 2017(19):256.
- [14] 吴翠萍. 对流行性感冒的流行特征进行分析并探讨相应的预防控制方法[J]. 中国社区医师, 2020,36(6):181-182.
- [15] 王秀丽. 流行性感冒流行特征分析与预防控制研究[J/CD]. 临

- 床医药文献电子杂志, 2019, 6(54): 24. DOI: 10.16281/j.cnki.jocml.2019.54.018.
- [16] 高燕, 方立群, 张勇, 等. 中国大陆季节性流感活动的时空分布特征[J]. 中华流行病学杂志, 2009, 30(11): 1097-1101.
- [17] 刘利君, 谈敦芳. 2015—2019年北京市顺义区15岁以下学生和婴幼儿传染病发病特征分析[J]. 首都公共卫生, 2022, 16(1): 52-55.
- [18] 陈万庚, 何飞, 杨书宏, 等. 一起托幼机构甲型流感暴发调查[J]. 疾病监测, 2011, 26(7): 586.
- [19] 张晓峰, 尤爱国, 安勇进, 等. 三门峡市某中学一起H₃N₂流感暴发疫情调查[J]. 河南医学研究, 2021, 30(27): 5035-5039.
- [20] 叶勇, 刘红艳, 李黎莎, 等. 普洱市一起某中学甲型H1N1流感暴发疫情调查分析[J]. 应用预防医学, 2019, 25(6): 477-479.
- (收稿日期: 2022-06-22, 修回日期: 2022-07-12)

引用本文: 刘莹, 连海伟, 易伟, 等. 环状RNA同源性蛋白激酶3靶向微RNA-338促进胶质瘤细胞侵袭、迁移的实验研究[J]. 安徽医药, 2024, 28(1): 138-142. DOI: 10.3969/j.issn.1009-6469.2024.01.029.

◇临床医学◇



环状RNA同源性蛋白激酶3靶向微RNA-338促进胶质瘤细胞侵袭、迁移的实验研究

刘莹, 连海伟, 易伟, 张淑娣, 朱晓楠

作者单位: 武汉大学人民医院神经外科, 湖北 武汉 430060

通信作者: 张淑娣, 女, 副主任护师, 研究方向为神经外科解剖与组织胚胎学, Email: rm000697@whu.edu.cn

基金项目: 湖北省自然科学基金(2020CFB256)

摘要 **目的** 探讨人血清环状RNA同源性蛋白激酶3(CircHIPK3)靶向微RNA-338(miR-338)对胶质瘤细胞U251细胞侵袭、迁移的影响。**方法** 2021年2—12月, 在武汉大学人民医院科研中心将U251细胞分为空白(NG)组、CircHIPK3阴性对照(sh-control)组、HIPK3敲减(sh-CircHIPK3)组, 实时荧光定量PCR(qRT-PCR)检测U251细胞中CircHIPK3、miR-338表达水平; Transwell检测细胞迁移与侵袭; 划痕法检测细胞迁移; 流式细胞术检测细胞周期; 通过Circular RNA Interactome、RegRNA2.0、CircBank Database网站预测CircHIPK3(ID: hsa_circ_0000284)的靶向miRNA并用双萤光素酶实验验证, 蛋白质印迹法检测基质金属蛋白酶(MMP)-2、MMP-9蛋白表达。**结果** 与NG组、sh-control组比较, sh-CircHIPK3组中CircHIPK3(1.00 ± 0.00 、 1.06 ± 0.26 比 0.56 ± 0.06)表达水平显著降低($P < 0.05$), miR-338(1.00 ± 0.00 、 1.12 ± 0.19 比 1.89 ± 0.28)表达、G₁期细胞比例[(58.72 ± 0.36)%、(58.45 ± 0.27)%比(64.72 ± 0.47)%]升高($P < 0.05$), U251细胞侵袭数目[(164.89 ± 12.55)个、(165.77 ± 12.16)个比(80.13 ± 11.37)个]、划痕愈合率[(25.66 ± 2.37)%、(26.38 ± 2.53)%比(10.36 ± 1.53)%]、迁移细胞数目[(196.72 ± 18.75)个、(194.65 ± 17.86)个比(95.58 ± 8.66)个]、S期细胞比例[(26.45 ± 0.39)%、(26.57 ± 0.41)%比(20.72 ± 0.18)%]明显降低($P < 0.05$); miR-338是CircHIPK3的靶基因。与NG组、sh-control组比较, sh-CircHIPK3组MMP-2(1.31 ± 0.23 、 1.33 ± 0.20 比 0.61 ± 0.05)、MMP-9(1.16 ± 0.22 、 1.15 ± 0.21 比 0.85 ± 0.19)蛋白表达水平均显著降低($P < 0.05$)。**结论** 沉默CircHIPK3通过靶向上调miR-338表达能抑制胶质瘤细胞U251细胞迁移和侵袭。

关键词 神经胶质瘤; 微RNA-338; 人血清环状RNA同源性蛋白激酶3; 迁移; 侵袭; U251细胞

Experimental study on CircHIPK3 targeting mir-338 promoting invasion and migration of glioma cells

LIU Ying, LIAN Haiwei, YI Wei, ZHANG Shudi, ZHU Xiaonan

Author Affiliation: Neurosurgery Department of Wuhan University People's Hospital, Wuhan, Hubei 430060, China

Abstract **Objective** To investigate the effect of human serum cyclic RNA homologous protein kinase 3 (CircHIPK3) targeting microRNA-338 (miR-338) on the migration and invasion of glioma cells U251. **Methods** Glioma cells U251 were assigned into blank (NG) group, CircHIPK3 negative control (sh-control) group and HIPK3 knockdown (sh-CircHIPK3) group at the Scientific Research Center of the People's Hospital of Wuhan University from February to December 2021. The expression levels of CircHIPK3 and miR-338 in U251 cells were detected by real-time PCR (qRT-PCR); the migration and invasion ability of cells were detected by Transwell; the migration ability of cells was detected by scratch method; the cell cycle was detected by flow cytometry; CircHIPK3 was predicted by circular RNA interactome, RegRNA2.0 and CircBank Database website (ID: hsa_circ_0000284) and verified by double luciferase