· 循证医学 ·

中文遗传关联研究 Meta 分析文章报告质量评价*

李帅,孙傲伊,孙可欣,方凯,胡永华

摘　要:目的　评价中文遗传关联研究 Meta 分析文章报告质量。**方法**　按制定策略检索中文数据库收录的遗传关联研究 Meta 分析文章,时间至 2012 年 12 月,2 名研究者独立按制定纳入排除标准进行文章筛选,意见不一致时咨询第 3 位研究者,运用 MOOSE 规范对文章的报告质量进行评价。**结果**　共纳入 440 篇文章,0.7% 的文章陈述了研究假设,72.7% 的文章报告了完整检索策略,15.2% 的文章报告了处理只有摘要和未发表文献的方法,47.3% 的文章报告了文献筛选方法,32.7% 的文章评价了文献质量,8.6% 的文章有流程图总结入选文献流程,32.0% 的文章公布了研究资助来源。**结论**　中文遗传关联研究 Meta 分析文章报告质量在报告研究假设、文献检索、只有摘要和未发表文献处理、文献筛选方法、文献质量评价、提供文献筛选流程图和公布资助来源等方面存在一定问题。

关键词:遗传关联研究;Meta 分析;报告质量;质量评价;MOOSE 规范
中图分类号:R 195　**文献标志码:**A　**文章编号:**1001-0580(2014)04-0516-05　DOI:10.11847/zgggws2014-30-04-45

Reporting quality of meta-analysis on genetic association studies published in Chinese journals

LI Shuai, SUN Ao-yi, SUN Ke-xin, et al (*Department of Epidemiology and Biostatistics, School of Public Health, Peking University, Beijing* 100191, China)

Abstract: Objective　To evaluate reporting quality of meta-analysis on genetic association studies published in Chinese journals. **Methods**　Meta-analysis of genetic association studies published in Chinese journals until December 2012 were searched through 4 Chinese electronic databases (China Biomedicine Database, China Knowledge Resource Integrated Database, Wanfang Data, and VIP Information). Articles selected by two researchers independently under definite inclusion and exclusion criteria were included in this study (consulting a third researcher if inconsistent opinions existed). Meta-analysis of observational studies in epidemiology (MOOSE) checklist was used to evaluate the reporting quality. **Results**　Totally 440 articles were included in this study. Among the articles, 0.7% stated their research hypotheses; 72.7% reported their search strategies; 15.2% reported the method of handling abstracts and unpublished studies; 47.3% documented how data were classified and coded; 32.7% reported the assessment of study quality; 8.6% had graphicsummarizing individual study estimates and overall estimate; and 32.0% disclosed the funding source. **Conclusion**　Meta-analyses on genetic association studies published in Chinese journals should be improved in reporting quality, especially in statement of hypothesis, search strategy, method of handling grey literature, method of study selection, assessment of study quality, reporting flow chart, and disclosure of funding source.

Key words: genetic association study; meta-analysis; reporting quality; quality evaluation; MOOSE checklist

针对遗传关联研究进行 Meta 分析已经成为一种探讨基因与疾病关联的常见研究方法。此方法可以综合不同研究结果从而获得较大把握度,而且可以发现不同研究之间潜在异质性[1-2]。遗传关联研究 Meta 分析报告是否规范,直接影响其对以后研究和实践的指导作用。规范的报告,不仅可以条理清晰地展现整个分析过程和结果,还有助于编辑检查分析质量,读者准确理解分析内容。目前,适用于评价遗传关联研究 Meta 分析报告质量方面均有一定问题。如 QUOROM(quality of reporting of meta-analyses)[3]及其修订版本 PRISMA(preferred reporting items for systematic reviews and meta-analyses)[4]针对随机对照实验 Meta 分析;MOOSE(meta-analysis of observational studies in epidemiology)[5]针对观察性研究,但对具体领域针对性并不强,一些遗传关联研究的关键问题(如 Hardy-Weinberg 定律)难以涉及;STREGA(strengthening the reporting of genetic association studies)[6]为遗传关联研究报告规范,而非其 Meta 分析报告规范。由此可见,目前缺乏专门针对遗传关联研究 Meta 分析的报告规范。但相较而言,MOOSE 规范得到了广泛认可,JAMA 等[7]杂志要求观察性研究 Meta 分析均按此规范进行报告。国内研究者针对遗传关联研究进行了许多 Meta 分析,但这些 Meta 分析的报告质量尚不可知。故本研

* **基金项目:**国家自然科学基金(30671807;30872173)
作者单位:北京大学公共卫生学院流行病与卫生统计学系,北京 100191
作者简介:李帅(1988 -),男,山东潍坊人,硕士,研究方向:遗传流行病学。
通讯作者:胡永华,E-mail:yhhu@bjmu.edu.cn
数字出版日期:2014 - 3 - 12 10:17
数字出版网址:http://www.cnki.net/kcms/detail/21.1234.R.20140312.1017.028.html

究采用 MOOSE 规范对发表于中文期刊的遗传关联研究 Meta 分析文章进行报告质量评价,不仅可以知晓此类文章的报告质量,还可以发现不足之处以待改善。为避免混淆,本文中,运用“研究”指代本研究,运用“文章”指代纳入的遗传关联研究 Meta 分析文章,运用“文献”指代 Meta 分析纳入的原始研究。

1　资料与方法

1.1　文章检索　由本研究研究者检索中国生物医学数据库、中国期刊全文专题数据库、万方数据资源和中国科技期刊数据库中收录的公开发表的中文文献,检索式为(“基因”或“遗传”或“变异”或“突变”或“位点”或“多态性”)和(“系统评价”或“Meta 分析”或“系统综述”或“荟萃分析”),检索项目为题名或关键词,时间为数据库起始时间至 2012 年,最后 1 次检索日期为 2013 年 1 月 23 日。

1.2　文章纳入与排除标准　纳入标准:⑴公开发表于中文期刊的文章;⑵遗传关联研究 Meta 分析;⑶研究对象为人类;⑷纳入文献研究设计为病例对照研究、队列研究或全基因组遗传关联研究。排除标准:⑴外文文章或外文文章翻译;⑵无明确基因型;⑶研究暴露因素为基因表达或其产物;⑷重复发表文章,取最近发表的一篇;⑸文献类型为摘要、会议论文和学位论文。

1.3　文章筛选　分 2 步进行。首先,由 2 名研究者独立对检索到的文章进行初步筛选,通过阅读题目和摘要判断是否纳入本研究。然后,对初筛纳入的文章搜集全文,对于难以直接获得全文的文章,向原作者联系以取得文章,由 2 名研究者独立阅读全文进行再次筛选。以上 2 步中,均对 2 名研究者的意见进行交叉核对,不一致之处,参考第 3 位研究者意见进行判定。

1.4　报告质量评价工具　本研究采用 MOOSE 规范对纳入文章进行报告质量评价,规范的中文翻译参考相关文章[8-9]。MOOSE 规范关注观察性研究 Meta 分析的研究背景、文献检索策略、研究方法、研究结果、讨论和研究结论 6 个部分,要求文章必须报告各个部分中的相关内容。

1.5　文章信息提取及评价　运用 Epi Data 3.1 建立数据库,包括文章一般信息和 MOOSE 规范各条目内容。文章一般信息为文章题目、第一作者、单位、研究的基因、结局、研究人群等。由 2 名研究者独立进行信息提取及评价。所有研究者均熟知遗传流行病学和系统评价基本原理和方法。对提取的信息和评价进行交叉核对,不一致之处参考第 3 位研究者意见进行判定。

1.6　统计分析　运用 SPSS 19.0 软件进行统计分析。主要进行描述性分析,描述纳入文章中符合 MOOSE 规范各条目的比例。

2　结　果

2.1　文章筛选结果(图 1)　共检索到 2003 篇文章,去除重复文章 914 篇,通过阅读题目和摘要初步纳入 488 篇文章,通过阅读全文最终 440 篇文章被纳入本研究。

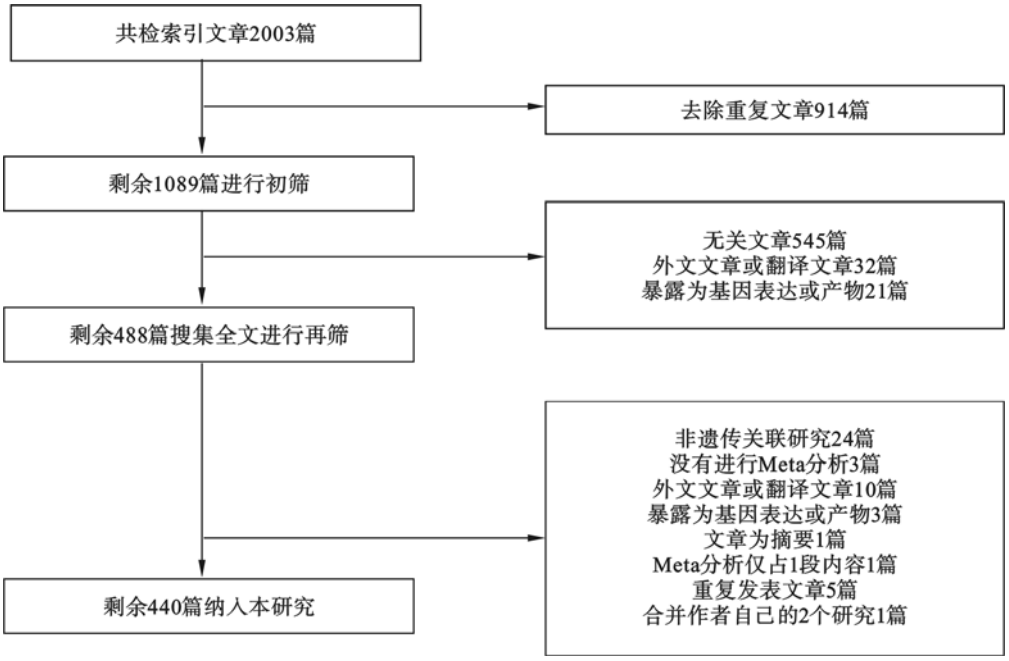

图 1　文章筛选流程图

中国公共卫生 CPH

2.2　纳入文章一般情况　纳入的 440 篇文章中,作者单位为大专院校占 34.8%(153/440),医院占 61.6%(271/440),疾病预防控制中心占 1.8%(8/440),研究所占 1.4%(6/440),其他单位占 0.5%(2/440)。最早的中文遗传关联研究 Meta 分析文章发表于 1997 年[10];1998—2000 年无文章发表;2008 年之后,此类文章迅速增多。2012 年有 116 篇文章。将纳入文章所关注结局按国际疾病分类第 10 版标准进行分类。440 篇文章关注的结局前 3 位分别为肿瘤(如食管癌[11])、循环系统疾病(如冠心病[12])和内分泌营养代谢疾病(如糖尿病[13]),分别占 34.3%(151/440)、20.2%(89/440)和 12.7%(56/440)。440 篇文章中,纳入文献数目中位数为 10 篇(范围 3 ~ 61 篇)。有 150 篇文章关注人群为中国人,占 34.1%。有 363 篇文章有阳性结果,占 82.5%。

2.3　MOOSE 规范评价

2.3.1　研究背景部分　440 篇文章中,所有文章均报告了所研究问题,0.7%(3/440)的文章陈述了研究问题假设,所有文章均报告了研究结局、研究暴露及纳入文献类型,45.7%(201/440)的文章报告了研究人群。

2.3.2　文献检索部分　90.5%(398/440)的文章报告了文献检索时间范围,80.2%(353/440)的文章报告了使用的关键词,73.9%(325/440)的文章同时报告了文献检索时间范围和所用关键词。99.3%(437/440)的文章报告检索数据库,72.7%(320/440)的文章报告完整的检索策略(同时报告数据库、关键词及检索时间范围)。97.5%(429/440)的文章提供纳入文献清单,11.6%(51/440)的文章提供了排除文献清单,89.5%(394/440)的文章列出文献纳入标准,58.6%(258/440)的文章列出文献排除标准,6.4%(28/440)的文章同时列出纳入和排除的文献及判断标准。6.8%(30/440)的文章报告文献检索资格;5.5%(24/440)的文章报告了通过个人通信尽可能获得所有文献;0.7%(3/440)的文章报告了所采用的检索软件其及版本号;33.0%(145/440)的文章报告了手工检索补充文献;90.2%(397/440)的文章报告了处理不同语言文献的方法;15.2%(67/440)的文章报告了处理只有摘要和未发表文献的方法;0.2%(1/440)的文章介绍了个人通信情况,占所有进行过个人通信文章的比例为 4.2%(1/24)。

2.3.3　研究方法部分　83.4%(367/440)的文章描述检索文献是否符合研究问题;35.5%(156/440)的文章报告数据整理和编码基本原则;47.3%(208/440)的文章报告文献筛选方法,38.6%(170/440)的文章至少有 2 名研究人员进行文献筛选并有解决不一致意见的方法;43.4%(191/440)的文章报告混杂的评估;32.7%(144/440)的文章评价了文献质量;93.4%(411/440)的文章评价了文献异质性;93.2%(410/440)的文章介绍了统计模型;88.0%(387/440)的文章提供了合适的统计图表。

2.3.4　研究结果部分　8.6%(38/440)的文章有流程图总结入选文献,92.5%(407/440)的文章列表描述入选各文献结果,61.1%(269/440)的文章报告了研究结果的敏感度分析,99.5%(438/440)的文章有统计学稳健性指标。

2.3.5　讨论部分　82.5%(363/440)的文章定量评价偏倚,12.5%(55/440)的文章解释了排除标准合理性,50.0%(220/440)的文章评价了入选文献质量。

2.2.6　结论部分　78.4%(345/440)的文章报告了导致结果的其他可能原因,53.6%(236/440)的文章对结论进行适当地外推,67.7%(298/440)的文章为以后该问题的研究提出指导意见,32.0%(141/440)的文章公布了研究资助来源。

3　讨　论

MOOSE 作为观察性研究 Meta 分析报告规范,为研究者撰写 Meta 分析报告,编辑检查 Meta 分析报告质量,读者准确理解 Meta 分析报告内容提供了有力指导。按此规范撰写的观察性研究 Meta 分析报告,可以增加报告的条理性,并为编辑和读者评价文章质量提供完整信息。本文按此规范,对中文期刊中遗传关联研究 Meta 分析文章报告质量进行评价,发现存在一些问题。(1)研究背景:只有 3 篇文章报告研究假设。有研究者认为,研究假设报告与否并不影响文章质量[14]。但是,研究假设一个研究开展的基础。报告研究假设,可以方便读者对文章的目的和关注点一目了然,故笔者认为应该报告研究假设。(2)文献检索:文献检索欠广泛。本研究发现,>1/4 的文章检索策略不全。完整的检索策略是广泛文献检索的基础,是防止 Meta 分析结果存在偏倚的重要措施。1/3 的文章采用了手工检索对电子检索结果进行补充。电子数据库固然方便,但是由于种种原因,其覆盖范围不一定全面[15],为避免漏检,应该在电子检索的基础上,采用手工检索等方法进行补充。15.2% 文章报告了处理只有摘要和未发表文献的方法。忽视灰色文献,可能会造成阳性结果选择偏倚,故应该尽可能搜集灰色文献,以确保结果真实性。由于观察性研究没有像随机对照实验那样的注册记录,故针对观察性研究的 Meta 分析查找灰色文献存在一定困难。(3)研究方法:文献筛选和信息提取缺乏一定客观性。进行文献筛选和信息提取时,明确的操作原则,平行独立进行并核对

最终形成统一意见是防止单个研究者主观作用对研究结果造成严重影响的重要措施。本研究发现，< 1/2 的文章报告了上述操作，说明中文期刊中，此类文章在此方面存在一定问题。文献质量评价情况有待提高。本研究发现，43.4% 的文章报告了混杂的评估，32.7% 的文章评价了文献质量。文献质量对 Meta 分析的影响存在一定争议[16]，但是遗传关联研究有其特殊性，研究对象的人群分层、基因型实验室检测和结局测量等都会对文献研究质量和 Meta 分析结果造成影响，故笔者认为，遗传关联研究 Meta 分析必须注重文献的质量评价。目前，有许多观察性研究规范发表，Sanderson 等[17]于 2007 年统计有 86 种，有些规范专门针对遗传关联研究[6,18]，相信采用这些规范进行文献质量评价，可以提高此类 Meta 分析的质量。(4)结论部分：所接受的资助情况不明确。本研究发现，68.0% 的文章没有公布研究的资助来源，32.0% 的文章只公布了资金资助来源而没有公布其他形式的资助。虽然与药物疗效 Meta 分析相比，遗传关联研究 Meta 分析中资金资助对结果结论的影响可能较小，但是不能忽视其他形式资助，如提供资料、进行外文文献翻译等，这些资助也可能会对研究结果结论造成影响。没有公布资金资助来源的文章可能没有得到资金资助，但并不代表没有接收其他形式资助。故此类研究应该将所接受的所有资助进行说明，以便读者对其结果客观性做出判断。(5)其他：本研究还发现，入选文章在提供文献筛选流程图，解释排除标准合理性方面也存在一定欠缺，这些问题妨碍了读者对文章整个研究过程的了解和结果科学性的判断。研究者应该重视此内容。

遗传关联研究是观察性研究的同时，又有其特殊之处，如 Hardy-Weinberg 平衡检验、合理选择遗传模型等，故此类研究 Meta 分析亦应考虑到此方面[8-9]。但是，目前尚缺乏专门针对遗传关联研究 Meta 分析的规范。Meta 分析质量分为报告质量和方法学质量，这两者并不等同[19-20]，中文遗传关联研究 Meta 分析文章方法学质量也有待探讨。MOOSE 规范作为相较而言最适用的规范，已被许多外文期刊发表的遗传关联研究 Meta 分析文章所采用[21-24]；而且，一些国内作者发表于外文期刊的此类文章亦采用此规范进行报告[25-28]，但是中文期刊发表的此类文章尚未对此重视。

本研究采用 MOOSE 规范，对 440 篇中文遗传关联性 Meta 分析文章进行报告质量评价发现，此类文章存在一些欠缺和不足，主要集中在几方面：报告研究假设，文献检索，灰色文献处理，文献筛选方法，文献质量评价，提供文献筛选流程图和公布资助来源。相信今后研究者在进行遗传关联研究 Meta 分析时，参照 MOOSE 规范进行报告，不仅可以促进文章完整性和科学性，还可以帮助编辑和读者更容易对文章质量进行评价，从而促进中文遗传关联研究 Meta 分析文章质量的提高。

参考文献

[1] Ioannidis J. Genetic associations: false or true? [J]. Trends Mol Med, 2003, 9(4): 135 - 138.

[2] Ioannidis JP, Gwinn M, Little J, et al. A road map for efficient and reliable human genome epidemiology[J]. Nat Genet, 2006, 38(1): 3 - 5.

[3] Moher D, Cook DJ, Eastwood S, et al. Improving the quality of reports of meta-analyses of randomised controlled trials: the QUOROM statement. Quality of Reporting of Meta-analyses [J]. Lancet, 1999, 354(9193): 1896 - 1900.

[4] Moher D, Liberati A, Tetzlaff J, et al. Preferred reporting items for systematic reviews and meta-analyses: the PRISMA statement [J]. PLoS Med 6(7): e1000097. doi: 10.1371/journal.pmed.1000097.

[5] Stroup DF, Berlin JA, Morton SC, et al. Meta-analysis of observational studies in epidemiology[J]. JAMA, 2000, 283(15): 2008 - 2012.

[6] Little J, Higgins J, Ioannidis J, et al. Strengthening the reporting of genetic association studies (STREGA)—an extension of the STROBE statement[J]. Eur J Clin Invest, 2009, 39(4): 247 - 266.

[7] JAMA Instructions for Authors[EB/OL]. [2013 - 02 - 25]. http://jama.jamanetwork.com/public/instructionsForAuthors.aspx#ManuscriptPreparationandSubmissionRequirements.

[8] 詹思延. 第一讲：如何报告系统综述和 Meta 分析—国际报告规范 QUOROM 和 MOOSE 解读[J]. 中国循证儿科杂志, 2010, 5(1): 60 - 63.

[9] 余灿清, 詹思延. 如何撰写高质量的流行病学研究论文第二讲遗传关联性研究及其 Meta 分析的报告规范[J]. 中华流行病学杂志, 2006, 27(8): 728 - 730.

[10] 沈洪兵, 俞顺章. 血管紧张素转换酶基因多态性与心肌梗塞关系的 Meta 分析[J]. 疾病控制杂志, 1997, 1(4): 267 - 269.

[11] 运玉霞, 代丽萍, 吴晓冰, 等. XRCC1 基因多态性与食管癌发病风险 Meta 分析[J]. 中国公共卫生, 2010, 26(7): 821 - 824.

[12] 于慧会, 时景璞. 汉族人群 ApoA5 基因多态性与冠心病关联 Meta 分析[J]. 中国公共卫生, 2011, 27(9): 1195 - 1196.

[13] 王长义, 王大鹏, 赵晓雯, 等. 2 型糖尿病与抵抗素基因 - 420 位点多态性 Meta 分析[J]. 中国公共卫生, 2009, 25(12): 1470 - 1472.

[14] Attia J, Thakkinstian A, D'Este C. Meta-analyses of molecular association studies: methodologic lessons for genetic epidemiology [J]. J Clin Epidemiol, 2003, 56(4): 297 - 303.

[15] Liberati A, Altman DG, Tetzlaff J, et al. The PRISMA statement for reporting systematic reviews and meta-analyses of studies that evaluate health care interventions: explanation and elaboration [J]. PLoS Med, 2009, 6(7): e1000100. doi: 10.1371/journal.pmed.1000100.

[16] Herbison P, Hay-Smith J, Gillespie WJ. Adjustment of meta-analyses on the basis of quality scores should be abandoned. [J]. J Clin Epidemiol, 2006, 59(12): 1249 - 1256.

[17] Sanderson S, Tatt ID, Higgins JP. Tools for assessing quality and susceptibility to bias in observational studies in epidemiology: a systematic review and annotated bibliography [J]. Int J Epidemiol, 2007, 36(3): 666 - 676.

[18] Chanock SJ, Manolio T, Boehnke M, et al. Replicating genotype-phenotype associations[J]. Nature, 2007, 447(7145): 655 - 660.

[19] Shea BJ, Grimshaw JM, Wells GA, et al. Development of AMSTAR: a measurement tool to assess the methodological quality of systematic reviews [J]. BMC Med Res Methodol, 2007, 7(1): 10.

[20] Shea BJ, Bouter LM, Peterson J, et al. External validation of a measurement tool to assess systematic reviews (AMSTAR) [J].

PloS One, 2007, 2 (12): e1350. doi: 10. 1371/journal. pone. 0001350.
[21] Alfred T, Ben-Shlomo Y, Cooper R, et al. ACTN3 genotype, athletic status, and life course physical capability: meta-analysis of the published literature and findings from nine studies[J]. Hum Mutat, 2011. doi: 10. 1002/humu. 21526.
[22] de Souza BM, Brondani LA, Boucas AP, et al. Associations between UCP1-3826A/G, UCP2-866G/A, Ala55Val and Ins/Del, and UCP3-55C/T polymorphisms and susceptibility to type 2 diabetes mellitus: case-control study and meta-analysis[J]. PLoS One, 2013, 8(1): e54259. doi: 10. 1371/journal. pone. 0054259.
[23] Maxwell SS, Jackson CA, Paternoster L, et al. Genetic associations with brain microbleeds: systematic review and meta-analyses[J]. Neurology, 2011, 77 (2): 158 - 167. doi: 10. 1212/WNL. 0b013e318224afa3.
[24] Clayden RC, Zaruk A, Meyre D, et al. The association of attempted suicide with genetic variants in the SLC6A4 and TPH genes depends on the definition of suicidal behavior: a systematic review and meta-analysis [J]. Transl Psychiat, 2012, 2: e166. doi: 10. 1038/tp. 2012. 96.
[25] Zhang H, Mo X, Hao Y, et al. Association between polymorphisms in the adiponectin gene and cardiovascular disease: a meta analysis[J]. BMC Med Genet, 2012, 13: 40. doi: 10. 1186/1471 - 2350 - 13 - 40.
[26] Wang YQ, Qi XW, Wang F, et al. Association between TGFBR1 polymorphisms and cancer risk: a meta-analysis of 35 case-control studies[J]. PLoS One, 2012, 7 (8): e42899. doi: 10. 1371/journal. pone. 0042899.
[27] Chen H, Yu KD, Xu GZ. Association between variant Y402H in age-related macular degeneration (AMD) susceptibility gene CFH and treatment response of AMD: a meta-analysis[J]. PLoS One, 2012, 7(8): e42464. doi: 10. 1371/journal. pone. 0042464.
[28] Liu F, Yuan D, Wei Y, et al. Systematic review and meta-analysis of the relationship between EPHX1 polymorphisms and colo rectal cancer risk[J]. PLoS One, 2012, 7 (8): e43821. doi: 10. 1371/journal. pone. 0043821.

收稿日期: 2013 - 04 - 23 （潘雯编辑 韩仰欢校对）

· 调查报告与分析 ·

济南地区儿童急性呼吸道感染病原谱分析*

李忠, 刘倜, 张圣洋, 宋绍霞, 王宇路, 王兰英, 王显军, 徐爱强, 毕振强

摘 要: 目的 了解山东济南地区急性上呼吸道感染病毒病原谱的流行及构成, 为预防策略制定、临床诊断、治疗提供病原学依据。**方法** 对 2010 年 9 月—2011 年 8 月在山东大学齐鲁儿童医院采集的上呼吸道标本分别用荧光 PCR 方法检测博卡病毒, 多重 PCR 方法检测 12 种病毒, 阳性标本进行流感病毒、腺病毒和呼吸道合胞病毒的分离和鉴定。**结果** 174 份样本中检出阳性结果 84 份, 阳性率为 48. 28%, 在整个病毒感染中, 检出阳性率最高的为腺病毒(20. 43%), 其次为甲型流感病毒(FluAV)(18. 28%)、副流感病毒 3(HPIV-3)(15. 05%)、甲型呼吸道合胞病毒(RSVA)(11. 83%)、冠状病毒(HCoV-229E/NL)63(10. 75%)、乙型流感病毒(FLUBV)(6. 45%)、HCoV-OC43/HKU1(5. 38%)和乙型呼吸道合肥病毒(RSVB)(4. 30%); 在混合感染中, 检出阳性率较高的为 HAdV(22. 22%)、RSVA(22. 22%)和 FluAV(16. 67%); <5 岁主要以感染 A 型流感病毒和 A 型呼吸道合胞病毒为主, ≥5 岁主要以感染腺病毒为主; 在检出的阳性标本中, 共分离到 12 株流感病毒和 9 株腺病毒。**结论** 济南地区上呼吸道感染病例的主要病毒为腺病毒、FluAV、HPIV-3、RSAV、HCov-229E/NL63 和 FluBV, 各种呼吸道病毒随年龄不同、流行季节中月份不同。

关键词: 急性呼吸道感染; 病原学; 多重 RT-PCR
中图分类号: R 195. 4 **文献标志码**: A **文章编号**: 1001-0580(2014)04-0520-04 DOI: 10. 11847/zgggws2014-30-04-46

Virals etiology of acute upper respiratory infection among children in Ji′nan city, Shandong province

LI Zhong, LIU Ti, ZHANG Sheng-yang, et al (*Department of Viral Infectious Disease Control, Shandong Provincial Center for Disease Control and Prevention, Shandong Provincial Key Laboratory of Infectious Diseases Control and Prevention, Institute for Prevention Medicine, Shandong University, Ji′nan, Shandong Province* 250014, China)

Abstract: Objective To study the prevalence and viral etiology of acute upper respiratory infection among children in Ji′nan city, Shandong province and to provide reference for making preventive strategy, clinical diagnosis and treatment. **Methods** From September 2010 to August 2011, we collected the samples of throat swab from the acute upper respiratory infection patients in Qilu Children Hospital of Shandong University. The samples were detected with real-time PCR for human bocavirus (HBoV) and multiplex PCR for 12 kinds of respiratory virus, respectively. Madin-Dardy canine kidney (MDCK) cells and Hep-2 cells were used to isolate influenza virus (FLU), human adenovirus (HAdV) and respiratory syncytial virus (RSV). **Results** Totally 84 positive samples were detected from the 174 samples, with a positive rate of 48. 28%. HAdV (20. 43%) was the most common virus, followed by Flu A (18. 28%), human parainfluenza viruses -3

* **基金项目**: 国家"十一·五"科学技术重大专项(2009ZX10004 - 202); 山东省科技厅计划项目(2009GG10002054)
作者单位: 山东省疾病预防控制中心病毒性传染病防制所 山东省传染病预防控制重点实验室 山东大学预防医学研究院, 济南 250014
作者简介: 李忠(1966 -), 男, 山东烟台人, 主任技师, 本科, 研究方向: 分子病毒学。
通讯作者: 毕振强, E-mail: bzq63@163. com
数字出版日期: 2013 - 8 - 23 10: 20
数字出版网址: http://www. cnki. net/kcms/detail/21. 1234. R. 20130823. 1020. 008. html