

百日咳鲍特菌合并呼吸道病毒感染患儿的实验室指标及临床特征

杨思园¹ 张慧敏² 顾红岩⁴ 马成杰¹ 汤云霞¹ 于凤婷¹ 庞琳² 王凌航³

【摘要】目的 探讨百日咳鲍特菌和呼吸道病毒共感染患儿与百日咳鲍特菌单纯感染患儿实验室相关指标临床特征的差异。**方法** 采集首都医科大学附属北京地坛医院2016年11月至2017年5月临床确诊为百日咳患儿的咽拭子标本共42份, 利用自动巢式多重PCR系统对42份标本定性检测百日咳鲍特菌及其他17种呼吸道病毒, 回顾性分析患儿的检测结果和病例资料, 按照病原体检出结果分为百日咳鲍特菌单检出组(简称单检出组)和百日咳鲍特菌合并其他呼吸道病毒共检出组(简称共检出组)。**结果** 42份标本中百日咳鲍特菌单检出16份(38.10%, 16/42), 百日咳鲍特菌伴1种及以上呼吸道病毒共检出26例(61.90%, 26/42); 呼吸道病毒共计检出32例次, 其中以人鼻病毒检出为主, 共16例次(50%, 16/32), 呼吸道合胞病毒6例次(18.75%, 6/32), 副流感病毒和腺病毒各检出4例次(12.50%, 4/32), 甲型流感病毒检出2例次(6.25%, 2/32)。共检出组患儿白细胞计数较单检出组差异无统计学意义($t=-0.445$, $P=0.661$), 而共检出组患儿淋巴细胞比例增高($t=-2.913$, $P=0.019$); 与单检出组患儿影像学改变相比, 共检出组患儿影像学改变以肺炎为主(15/26, 57.69% vs. 2/16, 12.50%, $P=0.010$)。共检出组患儿最高体温更高($t=-3.348$, $P=0.003$)、咳嗽持续时间($t=-3.141$, $P=0.005$)和咳嗽加重期更长($t=-4.748$, $P<0.001$), 同单检出组患儿比较差异均具有统计学意义。共检出组患儿住院时间($t=-4.123$, $P<0.001$)与抗菌疗程($t=-4.292$, $P<0.001$)均长于单检出组患儿, 差异具有统计学意义。**结论** 相较于百日咳鲍特菌单检出的患儿, 伴有其他呼吸道病毒检出的患儿临床症状更严重, 恢复时间更长。在百日咳尤其是症状较重的百日咳患儿救治过程中需注意同时合并其他呼吸道病毒感染的可能。

【关键词】 百日咳; 百日咳鲍特菌; 呼吸道病毒; 共检出; 临床特征

Laboratory detection and clinical characteristics of children infected with *Bordetella pertussis* and respiratory virus Yang Siyuan¹, Zhang Huimin², Gu Hongyan⁴, Ma Chengjie¹, Tang Yunxia¹, Yu Fengting¹, Pang Lin², Wang Linghang³. ¹The Laboratory of Infectious Diseases Centre, ²Pediatric Department, ³Emergency Department, Beijing Ditan Hospital, Capital Medical University, Beijing 100015, China; ⁴Department of Respiratory Medicine, the First Affiliated Hospital of Tsinghua University, Beijing 100016, China

Corresponding author: Wang Linghang, Email: 13611176751@163.com

【Abstract】Objective To investigate the difference of laboratory indexes and clinical characteristics between children with *Bordetella pertussis* and respiratory virus coinfection and those with *Bordetella pertussis* infection alone. **Methods** From November 2016 to May 2017, a total of 42 throat swabs of children with pertussis were collected from Beijing Ditan Hospital, Capital Medical University. Total of 42 samples were qualitatively detected for *Bordetella pertussis* and other 17 kinds of respiratory virus by automatic nested multiplex PCR system. The detection results and clinical data of the children were analyzed, retrospectively. According to the pathogen detection results, patients were divided into children with *Bordetella pertussis* single detection (single detection group) and children with *Bordetella pertussis* and other respiratory virus codetection (codetection group). **Results** Among the 42 specimens, 16 specimens (38.10%, 16/42) were isolated with *Bordetella pertussis* infection, 26 cases (61.90%,

DOI: 10.3877/cma.j.issn.1674-1358.2019.02.012

基金项目: 北京市卫生系统高层次卫生技术人才培养计划(No. 2015-3-109); 北京市医院管理局重点医学专业发展计划-新发突发传染病(No. ZYLX201602); 国家科技重大专项(No. 2017ZX10103004)

作者单位: 100015 北京, 首都医科大学附属北京地坛医院感染中心实验室¹、儿科²、感染病急诊³, 100016 北京, 清华大学第一附属医院呼吸科⁴

通信作者: 王凌航, Email: 13611176751@163.com

26/42) with *Bordetella pertussis* and one or more respiratory viral pathogens. Total of 32 cases were detected with respiratory, among whom, 16 case (50%, 16/32) with human rhinovirus infection, while 6 case (18.75%, 6/32) with respiratory syncytial virus infection, 4 cases (12.50%, 4/32) with Parainfluenza virus and adenovirus and 2 cases (6.25%, 2/32) with influenza A virus infection. Laboratory examination results showed that there was no significant difference of white blood cell count between the two groups ($t = -0.445$, $P = 0.661$), but the proportion of lymphocytes in the codetection group increased ($t = -2.913$, $P = 0.019$). Compared with single detected group, the imaging changes of codetection group were mainly pneumonia (15/26, 57.69% vs. 2/16, 12.50%; $P = 0.010$). The highest body temperature was higher ($t = -3.348$, $P = 0.030$), the duration of cough ($t = -3.141$, $P = 0.005$) and the exacerbation period of cough ($t = -4.748$, $P < 0.001$) were longer than those of the control group, and the duration of cough was longer ($t = -3.141$, $P = 0.005$) than that of the control group. The length of hospitalization ($t = -4.123$, $P = 0.001$) and the course of antimicrobial treatment ($t = -4.292$, $P < 0.001$) codetection group were longer than those of single detection group, with significant differences. **Conclusions** The clinical symptoms of children with other respiratory viruses infection were more severe and the recovery time was longer than those with single *Bordetella pertussis* infection. In the treatment of pertussis, especially children with severe symptoms, attention should be paid to the possibility of coinfection with other respiratory viruses.

【Key words】 Pertussis; *Bordetella pertussis*; Respiratory viral pathogens; Codetections; Clinical characteristics

百日咳是一种由百日咳鲍特菌 (*Bordetella pertussis*) 感染所导致的急性呼吸道传染病, 主要症状表现为痉挛性咳嗽或鸡鸣样咳嗽, 以婴幼儿多见, 病程可达3个月, 并发肺炎、百日咳脑病、呼吸功能衰竭时可导致死亡。上世纪20年代百日咳鲍特菌被发现并证实为引起百日咳的主要致病菌。近年来因百日咳鲍特菌变异、对大环内酯类抗菌药物产生耐药及传播方式转变等原因, 百日咳的发病率呈逐年上升趋势。据世界卫生组织报道, 全球每年新发百日咳5 000万例, 死亡30万例, 其中发展中国家占95%^[1]。未接种疫苗或疫苗接种不全的婴幼儿住院率和病死率较高, 病死率高达3%^[2]。

受常规病原学检测方法的限制, 目前对百日咳鲍特菌和呼吸道病毒共感染患儿的报道较少, 而明确感染百日咳鲍特菌患儿是否有其他呼吸道病原体感染对其流行病学规律、致病机制研究和选择临床救治方案有重要意义。自动巢式多重PCR系统可检测含百日咳鲍特菌在内的21种呼吸道病原体, 本研究使用该技术对临床诊断为百日咳的患儿进行病原体检测, 以分析百日咳鲍特菌伴呼吸道病毒共检出患儿同单检出患儿间临床特征的差异, 现报道如下。

资料与方法

一、研究对象与入组标准

2016年11月至2017年5月采集首都医科大学附

属北京地坛医院临床诊断为百日咳患儿咽拭子, 临床诊断标准为: ①年龄<5周岁, 未接种百日咳疫苗者; ②临床符合百日咳表现, 如出现痉挛性咳嗽、吸气项鸡鸣样回音、咳嗽后呕吐等表现。

二、主要试剂与设备

病原学检测采用自动巢式多重PCR系统 (Filmarray检测平台, 美国BioFire Diagnostics公司) 所提供的呼吸道测试条 (Respiratory Panel, RP), 覆盖百日咳鲍特菌、甲型流感病毒 (H1、H1-2009和H3亚型)、冠状病毒 (HKU1、229E、NL63和OC43型)、副流感病毒 (1、2、3和4型)、乙型流感病毒、人类偏肺病毒、人鼻病毒/肠病毒 (两种病毒核苷酸序列相近, PCR扩增后片段无法区分二者, 该阳性结果显示为人鼻病毒/肠病毒)、腺病毒、呼吸道合胞病毒、肺炎衣原体和肺炎支原体。病毒采样管 (货号: MT0301, 北京友康恒业生物科技有限公司)。

三、方法

采集患儿咽/鼻咽拭子标本后将拭子放入采样管与病毒保存液混匀, 立即上机检测。按照RP使用说明操作, 向样本制备管加入300 μ l样本液和500 μ l裂解液 (RP提供) 后混匀, 注入测试条加样孔; 在另一加样孔注入1 ml缓冲液 (RP提供)。将测试条插入机器运行检测: 第一步核酸自动提取、纯化与逆转录; 第二步为巢式PCR核酸扩增; 最后由软件判定结果。全部病原体均设有3个重复孔, 当同时满足以下3点时病原体判定为阳性: ①2个及

2个以上重复孔出现阳性溶解曲线；②溶解曲线在标准曲线窗内；③每条溶解曲线高度相似。记录检测结果。

根据百日咳鲍特菌检出患儿是否伴呼吸道病毒检出分为单检出组和共检出组，分析两组患儿人口学、临床和实验室检查等资料。

四、统计学处理

使用 SPSS 22.0 软件进行统计学分析，统计42例患儿百日咳鲍特菌及其他病原体的检出情况。白细胞计数、C-反应蛋白等正态分布的计量资料采用 $\bar{x} \pm s$ 表示，组间比较采用独立样本 t 检验；不符合正态分布的计量资料以 $M(Q1, Q3)$ 表示，采用独立样本非参数检验；影像学改变、痉挛性咳嗽、鸡鸣样回声例数等计数资料采用频数和率进行统计描述，率的比较采用 Fisher's 精确概率法检验。以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结 果

一、实验室指标

1. 病原学：42份标本中百日咳鲍特菌单检出16例，检出率为38.10% (16/42)；伴1种及以上其他呼吸道病原体共检出样本26例，检出率为61.90% (26/42)，其中2种病原体混合检出20例，检出率为47.62% (20/42)，3种病原体混合检出4

例，检出率为9.5% (4/42)，4种病原体检出2例，检出率为4.76% (2/42)，详见表1。26例混合检出样本中呼吸道病毒共检出32例次，以鼻病毒为主，总计检出16例次，检出率为50% (16/32)，合并呼吸道合胞病毒检出6例次，副流感病毒和腺病毒各检出4次，甲型流感病毒检出2例次，见图1。

2. 单检出组和共检出组百日咳患儿实验室指标：

单检出组和共检出组患儿白细胞 (white blood cell, WBC) 计数分别为 $(15.3 \pm 6.28) \times 10^9/L$ 、 $(16.45 \pm 11.63) \times 10^9/L$ ，差异无统计学意义 ($t = -0.445$, $P = 0.661$)。共检出组患儿中性粒细胞比例 (N%) 较单检出组低 [(42.58 ± 20.81) vs. (21.61 ± 10.69)], $t = 2.644$, $P = 0.026$]，而淋巴细胞比例 (LYN%) 高于单检出组 [(46.04 ± 22.23) vs. (69.90 ± 8.29)], $t = -2.913$, $P = 0.019$]，差异具有统计学意义。两组患儿C-反应蛋白 (C-reaction protein, CRP) 与降钙素原 (procalcitonin, PCT) 水平差异均无统计学意义 ($Z = -1.119$ 、 -0.756 , P 均 > 0.05)，见表2。

二、单检出组和共检出组百日咳患儿影像学

X线胸片提示，单检出组患儿未见异常者8例，间质改变者2例，肺炎2例，25.0%患儿胸片可见异常改变；共检出组患儿胸片未见异常者3例，间质改变者8例，肺炎患儿15例，88.46%患儿胸片可见异常，其中以肺炎表现最多，两组患儿影像学改变差异有统计学意义 (P 均 < 0.05)，见表3。

表1 42份样本中百日咳鲍特菌及呼吸道病毒检出情况

百日咳鲍特菌	甲型流感病毒	呼吸道合胞病毒	人鼻病毒/肠病毒	副流感病毒	腺病毒	例数	检出率 (%)
+	—	—	—	—	—	16	38.10
+	—	—	+	—	—	14	33.33
+	—	—	—	+	—	4	9.52
+	—	—	—	—	+	2	4.76
+	—	+	—	—	—	2	4.76
+	—	+	+	—	—	2	4.76
+	+	+	—	—	+	2	4.76

注：“+”：检出，“—”：未检出

表2 单检出组和共检出组百日咳患儿实验室指标

组别	例数	WBC ($\bar{x} \pm s$, $\times 10^9/L$)	N ($\bar{x} \pm s$, %)	LYN (%)	CRP (mg/L) ^a	PCT ($\mu g/L$) ^a
单检出组	16	15.33 ± 6.28	42.58 ± 20.81	46.04 ± 22.23	$2.98 (0.34, 4.53)$	$0.08 (0.50, 0.05)$
共检出组	26	16.45 ± 11.63	21.61 ± 10.69	69.90 ± 8.29	$2.35 (0.75, 2.00)$	$0.11 (0.50, 0.55)$
统计量		$t = -0.445$	$t = 2.644$	$t = -2.913$	$Z = -1.119$	$Z = -0.756$
P值		0.661	0.026	0.019	0.263	0.450

注：^a：为非正态分布资料，以 $M(Q1, Q3)$ 表示

三、单检出组和共检出组患儿人口学及临床特征

1. 两组患儿人口学及临床特征：42例入组患儿中，男12例，女30例，年龄30 d~15个月。两组患儿最高体温分别为（36.9 ± 0.09）℃和（38.2 ± 1.04）℃，差异具有显著统计学意义（ $t = -3.348$ 、 $P = 0.03$ ）。共检出组患儿咳嗽时间、咳嗽加重期均长于单检出组，差异具有统计学意义（ $t = -3.141$ 、 $t = -4.748$ ， P 均< 0.05）。两组患儿阵发性咳嗽、鸡鸣样回声和咳嗽后呕吐的发生率相

当，差异无统计学意义（ $\chi^2 = 0.422$ 、 $P = 0.516$ ）；治疗方面，给予阿奇霉素治疗百日咳患儿（1个疗程为阿奇霉素治疗4 d，停药3 d）。

2. 单检出组和共检出组患儿住院天数及疗程：共检出组患儿住院天数多于单检出组患儿，分别为（3.1 ± 7.69）d、（16.8 ± 6.90）d，差异具有统计学意义（ $t = -4.292$ ， $P < 0.001$ ）。共检出组患儿疗程数为（3.39 ± 0.65）个，多于单检出组患儿（2.25 ± 0.46）个，差异有统计学意义（ $t = -4.123$ 、 $P = 0.001$ ），见表4。

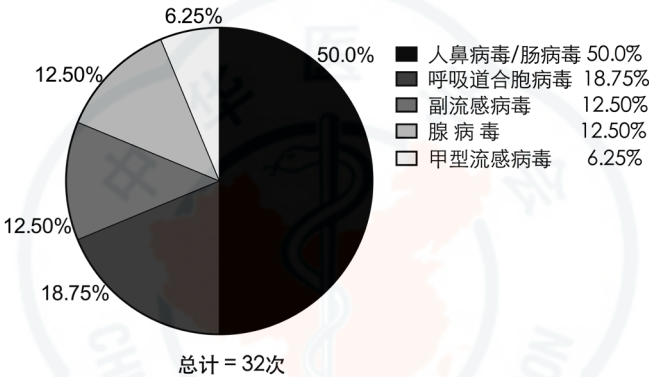


图 1 26 例混合检出样本中呼吸道病毒共检出率

表 3 单检出组和共检出组百日咳患儿影像学检查 [例 (%)]

组别	例数	未见异常	间质病变	肺炎
单检出组	16	12 (75.00)	2 (12.50)	2 (12.50)
共检出组	26	3 (11.54)	8 (30.77)	15 (57.69)
χ^2 值		17.374	0.954	7.244
P 值		< 0.001	0.270	0.010

表 4 单检出组和共检出组百日咳患儿临床特征

组别	例数	年龄 ($\bar{x} \pm s$, 月)	最高体温 ($\bar{x} \pm s$, ℃)	咳嗽持续时间 ($\bar{x} \pm s$, d)	咳嗽加重期 ($\bar{x} \pm s$, d)
单检出组	16	3.625 ± 1.847	36.9 ± 0.09	14.4 ± 2.56	4.5 ± 1.77
共检出组	26	5.92 ± 3.97	38.2 ± 1.04	21.7 ± 6.22	10.3 ± 3.15
统计量		$t = -1.796$	$t = -3.348$	$t = -3.141$	$t = -4.748$
P 值		0.089	0.03	0.005	< 0.001

组别	例数	痉挛性咳嗽 [例 (%)]	鸡鸣样回声 [例 (%)]	咳嗽后呕吐 [例 (%)]	抗菌疗程数 ($\bar{x} \pm s$, 次)
单检出组	16	6 (37.5)	7 (43.8)	3 (18.8)	3.39 ± 0.65
共检出组	26	12 (46.2)	18 (69.2)	5 (19.2)	2.25 ± 0.46
统计量		$\chi^2 = 0.422^a$	$\chi^2 = 3.264^a$	$\chi^2 = 3.538^a$	$t = -4.292$
P 值		0.516	0.071	0.060	< 0.001

注：^a：Fisher's 精确概率法检验

讨 论

百日咳是一种由百日咳鲍特菌感染所导致的急性呼吸道传染病,其主要临床症状表现为痉挛性咳嗽或鸡鸣样咳嗽,全年散发,以夏秋季多见,常见于婴幼儿^[3-4]。从上世纪80年代开始,百日咳发病率在全球范围内呈逐年上升趋势,虽然全球大多数国家已实行百日咳疫苗接种,但近些年百日咳在多个国家和地区均报道发病率呈上升趋势。此外,还出现已接种疫苗的青少年和成人患百日咳例数逐渐增加现象,甚至局部地区发生暴发流行^[5]。世界卫生组织(WHO)推荐百日咳鲍特菌培养PCR核酸检测作为诊断标准^[6]。细菌培养的优点是特异性高,但敏感度较低,需选择特殊培养基,周期较长,且对样本采集和专业技术要求较高,目前只在少数医院开展^[7]。血清学检查需比较感染初期及恢复期血清中特异性抗体水平,对百日咳早期诊断意义有限^[8]。普通PCR方法分为核酸提取、扩增和产物检测3步,该方法虽然灵敏度高,但人工操作时易出现核酸污染导致假阳性,且对多种病原体筛查能力不足^[9-10]。

本课题组当前使用的自动巢式多重PCR系统将其整合为一,65 min可检测21型呼吸道病原体,同传统方法相比该系统检测灵敏度和特异度更高^[11-12]。本研究对42例临床诊断为百日咳患儿的呼吸道标本进行病原学检测,百日咳伴呼吸道病毒共检出率为61.9%,共检出病原体以鼻病毒、呼吸道合胞病毒为主,混合检出率高于其他研究所采用的血清学及常规PCR方法^[13]。

本研究实验室检查提示共检出组患儿白细胞计数与单检出组差异无统计学意义;而共检出组患儿淋巴细胞比例显著高于单检出组,两组差异有统计学意义;共检出组患儿与单检出组患儿影像学结果提示,共检出组患儿影像学异常改变要多于单检出组;共检出组患儿最高体温高于单检出组患儿,咳嗽持续时间和咳嗽加重期更长。以上结果提示,百日咳鲍特菌合并呼吸道病毒感染导致患儿部分实验室指标改变更为明显,临床症状更重。2017年,Frassanito等^[14]通过对53例百日咳患儿回顾性研究表明,25例百日咳鲍特菌伴呼吸道病毒共检出患儿与28例单检出患儿WBC、N%、LNC%、CRP和影像学结果差异无统计学意义,与本研究结果不一致,分析原因可能与研究方法、患儿年龄、免疫状态

和检出病原体不同相关。目前对甲型流感病毒合并细菌感染导致社区获得性肺炎的致病机制研究较多,研究结果提示流行性感冒暴发流行时人群中细菌性肺炎的发病率升高,但对百日咳鲍特菌伴呼吸道病毒感染研究较少,其致病机制尚未明确^[15];对百日咳鲍特杆菌伴其他呼吸道病毒感染时,合并检出病原体的致病性和所占比重还无法明确^[16-18]。近年来百日咳流行加剧,呼吸道病毒在百日咳流行中所发挥的作用及其对百日咳患儿临床特征的影响尚有待进一步研究^[19-20]。

综上,百日咳鲍特菌伴呼吸道病毒感染检出率较高且临床症状较百日咳鲍特菌单检出患儿严重,住院时间及合并治疗时间均长于单检出患儿;同时,两组患儿实验室和影像学检查也存在一定差异。百日咳患儿尤其是症状较重的患儿救治过程中需警惕合并其他呼吸道病原体感染的可能。

参 考 文 献

- [1] National Vaccine Advisory Committee. Enhancing the work of the Department of Health and Human Services national vaccine program in global immunization: recommendations of the National Vaccine Advisory Committee[J]. Public Health Rep, 2014, 129(Suppl 3):12-85.
- [2] Hartzell JD, Blaylock JM. Whooping cough in 2014 and beyond: an update and review[J]. Chest, 2014, 146(1):205-214.
- [3] Jiménez-Truque N, Edwards KM. Maternal pertussis immunization: can it help infants?[J]. JAMA, 2014, 311(17):1736-1737.
- [4] Cherry JD. Epidemic pertussis in 2012--the resurgence of a vaccine-preventable disease[J]. N Engl J Med, 2012, 367(9):785-787.
- [5] 徐颖华, 张柳, 王丽婵, 等. 中国百日咳鲍特菌血清型及其相关基因分析[J]. 中华微生物学和免疫学杂志, 2010, 30(1):6-10.
- [6] Cimolai N, Trombley C, O'Neill D. Diagnosis of whooping cough: a new era with rapid molecular diagnostics[J]. Pediatr Emerg Care, 1996, 12(2):91-93.
- [7] Vemula SV, Zhao J, Liu J, et al. Current approaches for diagnosis of influenza virus infections in humans[J]. Viruses, 2016, 8(4):96.
- [8] Mertens PL, Stals FS, Steyerberg EW, et al. Sensitivity and specificity of single IgA and IgG antibody concentrations for early diagnosis of pertussis in adults: an evaluation for outbreak management in public health practice[J]. BMC Infect Dis, 2007, 7:53.
- [9] Wu LT, Thomas I, Curran MD, et al. Duplex molecular assay intended for point-of-care diagnosis of influenza A/B virus infection[J]. J Clin Microbiol, 2013, 51(9):3031-3038.
- [10] Hatchette TF, Bastien N, Berry J, et al. The limitations of point of care testing for pandemic influenza: what clinicians and public health professionals need to know[J]. Can J Public Health, 2009, 100(3):204-207.
- [11] Poritz MA, Blaschke AJ, Byington CL, et al. FilmArray, an automated nested multiplex PCR system for multi-pathogen detection:

- development and application to respiratory tract infection[J]. PLoS One,2011,6(10):e26047.
- [12] Pierce VM, Elkan M, Leet M, et al. Comparison of the Idaho Technology FilmArray system to real-time PCR for detection of respiratory pathogens in children[J]. J Clin Microbiol,2012,50(2):364-371.
- [13] 窦聪, 刘奉琴, 郭春艳, 等. 2012年至2014年百日咳流行特征及住院患者临床特点分析[J]. 中华实用儿科临床杂志,2016,31(20):1559-1562.
- [14] Frassanito A, Nenna R, Nicolai A, et al. Infants hospitalized for Bordetella pertussis infection commonly have respiratory viral coinfections[J]. BMC Infect Dis,2017,17(1):492.
- [15] Centers for Disease Control and Prevention. Bacterial coinfections in lung tissue specimens from fatal cases of 2009 pandemic influenza A (H1N1)--United States, May-August 2009[J]. MMWR Morb Mortal Wkly Rep,2009,58(38):1071-1074.
- [16] Ebell MH, Marchello C, Callahan M. Clinical diagnosis of bordetella pertussis infection: A systematic review[J]. J Am Board Fam Med,2017,30(3):308.
- [17] Srinivasan A, Gu Z, Smith T, et al. Prospective detection of respiratory pathogens in symptomatic children with cancer[J]. Pediatr Infect Dis J,2013,32(3):e99-e104.
- [18] Miron D, Srugo I, Kra-Oz Z, et al. Sole pathogen in acute bronchiolitis: is there a role for other organisms apart from respiratory syncytial virus?[J]. Pediatr Infect Dis J,2010,29(1):e7-e10.
- [19] 刘莹, 姚开虎. 百日咳再现的研究进展[J]. 中华儿科杂志,2018,56(4):313-316.
- [20] Kuchar E, Karlikowska-Skwarnik M, Han S, et al. Pertussis: History of the disease and current prevention failure[J]. Adv Exp Med Biol,2016,934:77.
- (收稿日期: 2018-03-19)
(本文编辑: 孙荣华)

杨思园, 张慧敏, 顾红岩, 等. 百日咳鲍特菌合并呼吸道病毒感染患儿的实验室指标及临床特征[J/CD]. 中华实验和临床感染病杂志(电子版), 2019,13(2):152-157.

