

· 论著 · 胸部 ·

成人社区获得性肺炎呼吸道病原体的分子检测结果分析及其住院相关危险因素分析

葛晓卫^{1,*} 胡艺馨² 刘雪莹¹

1.商丘市立医院分子生物学实验室(河南 商丘 476000)

2.商丘市立医院检验科(河南 商丘 476000)

【摘要】目的 分析成人社区获得性肺炎呼吸道病原体的分子检测结果及其住院相关危险因素。**方法** 收集2021年1月至2023年12月期间,年龄大于20岁、在参与医院门诊或急诊就诊并确诊为肺炎的成人共178例,分为细菌感染组(n=61)、病毒感染组(n=35)、细菌病毒合并感染组(n=30)和细菌病毒检测阴性组(n=52),比较几组的临床特点。分析和对比呼吸道病原体微生物和分子检测结果。使用logistics回归分析检验社区获得性肺炎住院的相关因素。**结果** 178例患者中最常见的合并症是高血压(30.89%)、糖尿病(24.15%)和肿瘤(17.97%)。在91例(51.12%)患者的标本中检测到细菌,在65例(36.52%)患者的标本中检测到病毒。综合呼吸道病毒和细菌检测结果,病原体总检出率为70.79%(n=126),分子检测占61.24%(n=109),微生物培养占36.52%(n=65)。肺炎双球菌、铜绿假单胞菌和肺炎链球菌是最常发现的细菌,分别为25例(14.04%)、24例(13.48%)和17例(9.55%)最常检测到的病毒是甲型流感病毒(12.36%, n=22)和人类鼻病毒(11.24%, n=20)。甲型流感病毒(14例, 46.67%)和人类鼻病毒(12例, 40.00%)是与细菌感染相关的最常见病毒。肺炎双球菌(9例, 30.00%)、肺炎链球菌(9例, 30.00%)和绿脓杆菌(8例, 26.67%)是最常见的病毒感染相关细菌。多因素logistics回归分析显示年龄 ≥ 75 岁(调整OR=3.52, 95%CI=2.67~5.41, P=0.007)、肿瘤(调整OR=2.02, 95%CI=1.48~2.63, P=0.003)和败血症(调整OR=1.45, 95%CI=1.03~1.82, P=0.008)为社区获得性肺炎患者住院。**结论** 在社区获得性肺炎患者中,分子诊断检测比传统微生物培养技术多检测出约三分之一的病原体。合并感染多种病原体的患者约占六分之一,其中最常见的一种病毒合并一种细菌。合并感染肺炎克氏菌和人类鼻病毒的比例最大。

【关键词】 社区获得性肺炎; 微生物培养; 分子病原检测; 住院危险因素; 细菌感染; 病毒感染

【中图分类号】 R563.1

【文献标识码】 A

DOI:10.3969/j.issn.1009-3257.2025.9.015

Analysis of Molecular Detection Results and Hospitalization Related Risk Factors of Respiratory Pathogens in Adult Community-acquired Pneumonia

GE Xiao-wei^{1,*}, HU Yi-xin², LIU Xue-ying¹

1.Molecular Biology Laboratory, Shangqiu Municipal Hospital, Shangqiu 476000, Henan Province, China

2.Clinical Laboratory, Shangqiu Municipal Hospital, Shangqiu 476000, Henan Province, China

Abstract: Objective To analyze the molecular detection results and hospitalization related risk factors of respiratory pathogens in adult community-acquired pneumonia. **Methods** From January 2021 to December 2023, a total of 178 adults aged over 20 years who were diagnosed with pneumonia during outpatient or emergency visits were collected and divided into bacterial infection group (n=61), viral infection group (n=35), bacterial virus co infection group (n=30), and bacterial virus test negative group (n=52). The clinical characteristics of these groups were compared. Analyze and compare the microbial and molecular detection results of respiratory pathogens. Use logistic regression analysis to examine the relevant factors of hospitalization for community-acquired pneumonia. **Results** The most common complications of 178 patients were hypertension (30.89%), diabetes (24.15%) and tumor (17.97%). Bacteria were detected in specimens from 91 patients (51.12%), and viruses were detected in specimens from 65 patients (36.52%). Based on the comprehensive detection results of respiratory viruses and bacteria, the total detection rate of pathogens is 70.79% (n=126), molecular detection accounts for 61.24% (n=109), and microbial culture accounts for 36.52% (n=65). *Pneumococcus*, *Pseudomonas aeruginosa*, and *Streptococcus pneumoniae* are the most commonly detected bacteria, with 25 cases (14.04%), 24 cases (13.48%), and 17 cases (9.55%), respectively. The most commonly detected viruses are influenza A virus (12.36%, n=22) and human rhinovirus (11.24%, n=20). The influenza A virus (14 cases, 46.67%) and human rhinovirus (12 cases, 40.00%) are the most common viruses associated with bacterial infections. *Pneumococcus* (9 cases, 30.00%), *Streptococcus pneumoniae* (9 cases, 30.00%), and *Pseudomonas aeruginosa* (8 cases, 26.67%) are the most common viral infection associated bacteria. Multivariate logistic regression analysis showed that patients aged ≥ 75 years (adjusted OR=3.52, 95% CI=2.67~5.41, P=0.007), tumors (adjusted OR=2.02, 95% CI=1.48~2.63, P=0.003), and sepsis (adjusted OR=1.45, 95% CI=1.03~1.82, P=0.008) were hospitalized for community-acquired pneumonia. **Conclusion** In patients with district acquired pneumonia, molecular diagnostic testing detected about one-third more pathogens than traditional microbial culture techniques. About one sixth of patients are co infected with multiple pathogens, with the most common being a combination of one virus and one bacterium. The proportion of co infections with *Klebsiella pneumoniae* and human rhinovirus is the highest.

Keywords: Community-acquired Pneumonia; Microbial Culture; Molecular Pathogen Detection; Risk Factors for Hospitalization; Bacterial Infection; Virus Infection

社区获得性肺炎(community-acquired pneumonia, 往往仍不确定, 治疗也是经验性的。有全球疾病负担研究报
CAP)在全球范围内导致成人大量发病和死亡^[1]。CAP的病因 告指出, 包括肺炎在内的下呼吸道感染是全球第四大常见死

【第一作者】 葛晓卫, 女, 主管技师, 主要研究方向: 呼吸道疾病分子检测。E-mail: 15237029995@163.com

【通讯作者】 葛晓卫

因, 仅次于缺血性心脏病、中风和慢性阻塞性肺病(chronic obstructive pulmonary disease, COPD), 并且是造成寿命损失的第二大常见原因^[2]。根据美国疾病控制和预防中心的分析, 肺炎的年发病率为每万名成人24.8%, 其中65~79岁的成人发病率最高(每万名成人63例)^[3]。因此, 肺炎诊断仍有进步的余地。据估计, 17%~41%的CAP病例是由肺炎链球菌引起的^[4]。由肺炎链球菌引起的CAP常常伴有高死亡率、休克风险和机械通气需求^[4-5]。肺炎球菌肺炎又可细分为侵袭性(菌血症)和非侵袭性(非菌血症)病例, 后者占疾病病例的大多数; 然而, 肺炎球菌的明确诊断往往很难确定^[6]。另一方面, 通常与儿童疾病相关的病毒性肺炎越来越多地被认为是成人的致病因素^[7]。例如, 超过80%的腺病毒相关感染(包括肺炎)发生在儿童身上, 尤其是小于4岁的儿童, 而它们只占成人呼吸道感染的1%~7%^[8]。然而有研究表明, 对因CAP而入院的成人患者进行的一项研究中发现, RSV是继肺炎双球菌和流感病毒感染之后导致住院患者发生CAP的第三大常见病因^[9]。灵敏度和特异性更高的分子方法的发展为检测新型病毒、鉴定难以培养的病原体以及在疾病过程后期检测病原体铺平了道路。本研究将采用传统和分子诊断方法来鉴定和调查与社区发病性肺炎相关的病毒和细菌。

1 资料与方法

1.1 一般资料 收集2021年1月至2023年12月期间, 年龄大于20岁、在参与医院门诊或急诊就诊并确诊为肺炎的成人, 并经筛选纳入本研究。肺炎的定义是指胸部影像学检查发现新的肺部浸润, 并出现以下一种或多种情况: (1)新发或加重的咳嗽, 伴或不伴有痰液分泌和/或脓性呼吸道分泌物; (2)发热或体温过低; (3)全身炎症症状(白细胞增多 $>10/L$, 带状血症 $>10\%$, 白细胞减少 $<L$, 降钙素原水平超过当地正常值上限或C反应蛋白升高。本研究的排除标准: (1)受试者已在其他住院机构(即社区医院)住院超过48小时; (2)患有医院获得性肺炎, 定义为入院48小时后出现肺炎; (3)疑似肺结核或人类免疫缺陷病毒感染、90天内曾在急诊科住院、居住在疗养院; (4)无法同意、拒绝参加本研究或在过去30天内曾参加本研究。所有患者均对该研究知情同意书, 并且本研究已经获得医院伦理委员会批准。

1.2 研究方法 (1)基本信息: 在医院系统的电子病历记录和问卷调查中获得患者的基本信息。(2)细菌分析: 痰液样本经革兰氏染色后, 100倍显微镜视野中白细胞大于25个, 上皮细胞小于10个, 即为合格样本。血液、痰液以及胸腔积液、气管内吸出物和支气管肺泡灌洗液样本(如若存在该样本)均送去进行细菌培养, 并按照标准技术进行处理。提取的DNA用100 μ L洗脱缓冲液洗脱, 储存在-20 $^{\circ}$ C。为了量化每个样本中的细菌DNA含量, 使用从已知数量(通过培养确认)的肺炎双球菌ATCC49619、金黄色葡萄球菌ATCC29213提取物中连续稀释的DNA制备标准曲线。金黄色葡萄球菌ATCC29213、肺炎克雷伯氏菌ATCC13883、铜绿假单胞菌ATCC27853、流感嗜血杆菌ATCC33391、白喉莫拉菌ATCC25238、鲍曼不动杆菌

ATCC19606和大肠杆菌ATCC35218的DNA提取物进行稀释, 制备标准曲线。这些标准曲线用于计算细菌量(DNA拷贝/毫升)。根据浓度与CT标准曲线的关系, 将PCR周期阈值(CT)直接外推至DNA量, 从而得出每个样本中的细菌DNA量。阴性样本指CT值大于30的样本。(3)病毒分析: 将细胞悬浮液标本接种到MK2、MRC-5和MDCK细胞中, 在35 $^{\circ}$ C培养2周。每两天检查一次所有培养管的细胞病理效应(CPE)。对于CPE阳性的试管, 采用呼吸道病毒免疫荧光检测法(Chemicon Inc.使用QIAmpViralRNA试剂盒(Qiagen, Chatsworth, CA, USA)从200 μ L呼吸道标本中提取病毒RNA, 并使用Super Script TMIII One-Step RT-PCR试剂盒(Invitrogen, Carlsbad, CA, USA)进行反转录反应以合成互补DNA。对以下病毒进行了实时聚合酶链反应(qPCR)检测: 腺病毒、肠道病毒、人博卡病毒、人冠状病毒229E、HKU-1、NL63和OC43; 人偏肺病毒; 甲型和乙型流感病毒; 副流感病毒1-4; 鼻病毒和RSV(甲型和乙型)。

1.3 统计学方法 采用卡方检验或费雪精确检验来评估分类变量的组间差异。连续变量采用单因素方差分析(ANOVA)。使用logistics回归分析评估CAP住院的相关因素。统计显著性以 $P<0.05$ 为标准。所有概率均为双尾。所有统计分析均使用SPSS软件(15.0版, SPSS Inc.)。

2 结果

2.1 一般资料比较 本研究共筛选出329名符合条件的肺炎患者。在剔除符合排除标准的患者后, 共有178名成年CAP住院患者被纳入本研究; 其中67.41%为男性, 年龄中位数为67.8岁(表1)。感染细菌性肺炎的患者多为男性($P=0.016$)。最常见的合并症是高血压(30.89%)、糖尿病(24.15%)和肿瘤(17.97%)。在178名受试者中, 14名患者(7.87%)病情严重, 需要入住重症监护室(ICU)。共有19名患者(10.67%)使用了机械呼吸机, 18名患者(10.11%)出现了败血症。在住院期间使用机械呼吸机的患者中, 仅有细菌感染的患者较多($P=0.011$)。在91例(51.12%)患者的标本中检测到细菌, 而在65例(36.52%)患者的标本中检测到病毒。综合呼吸道病毒和细菌检测结果, 病原体总检出率为70.79%($n=126$)。分子检测占61.24%($n=109$), 微生物培养占36.52%($n=65$)。多种病原体合并感染占28.65%($n=51$)。

2.2 社区获得性肺炎患者细菌和支原体的检测结果 肺炎双球菌、铜绿假单胞菌和肺炎链球菌是CAP患者中最常发现的细菌, 分别为25例(14.04%)、24例(13.48%)和17例(9.55%)(表2)。与基于标准微生物培养的方法相比, 细菌PCR检测出更多的肺炎双球菌、肺炎链球菌、铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌、大肠杆菌和卡他莫拉菌。

2.3 社区获得性肺炎患者病毒的检测结果 在65例(36.52%)患者中检测到病毒(表3), 最常检测到的病毒是甲型流感病毒(12.36%, $n=22$)和人类鼻病毒(11.24%, $n=20$)。与标准培养方法相比, 病毒PCR检测出的流感病毒、人类鼻病毒、冠状病毒、RSV和人类偏肺病毒更多。病毒PCR能够检测出45份(25.28%)培养阴性标本中的病毒。

2.4 社区获得性肺炎患者病毒和细菌合并感染结果 30份标本的病毒和细菌检测结果同时呈阳性。甲型流感病毒(14例, 46.67%)和人类鼻病毒(12例, 40.00%)是与细菌感染相关的最常见病毒。肺炎双球菌(9例, 30.00%)、肺炎链球菌(9例, 30.00%)和绿脓杆菌(8例, 26.67%)是最常见的病毒感染相关细菌。一种病毒合并一种细菌是最常见的类型, 有24例(80.00%)患者, 其次是单一病毒感染合并多种细菌(4例,

13.33%)和单一细菌合并多种病毒(2例, 7%)。
2.5 社区获得性肺炎患者住院的危险因素分析 如下表4所示, 多因素logistics回归分析显示年龄≥75岁(调整OR=3.52, 95%CI=2.67~5.41, P=0.007)、肿瘤(调整OR=2.02, 95%CI=1.48~2.63, P=0.003)和败血症(调整OR=1.45, 95%CI=1.03~1.82, P=0.008)为社区获得性肺炎患者住院的独立危险因素。

表1 对照组、T2DM组、T2DM合并CVD组的一般资料对比

研究变量	总体(n=178)	细菌感染组(n=61)	病毒感染组(n=35)	细菌病毒合并感染(n=30)	细菌病毒检测阴性组(n=52)	F/χ ² 值	P值
年龄(岁)	68.81±18.56	77.38±15.34	62.24±18.52	64.16±17.28	68.81±15.82	0.508	0.612
年龄≥65岁	94(52.80%)	32(52.45%)	18(51.42%)	16(53.33%)	28(53.84%)	0.055	0.996
年龄≥75岁	62(34.83%)	22(36.06%)	10(28.57%)	11(36.66%)	19(36.53%)	0.139	0.844
男性(例)	120(67.41%)	47(77.04%)	18(51.42%)	24(80.00%)	31(59.61%)	10.253	0.016*
女性(例)	58(32.58%)	14(22.95%)	17(48.57%)	6(20.00%)	21(40.38%)		
住院(例)	135(75.84%)	51(83.60%)	23(65.71%)	21(70.00%)	40(76.92%)	4.559	0.207
合并症							
高血压(例)	55(30.89%)	23(37.70%)	10(28.57%)	7(23.33%)	15(28.84%)	2.319	0.509
糖尿病(例)	43(24.15%)	18(29.50%)	8(22.85%)	5(16.66%)	12(23.07%)	1.937	0.585
肿瘤(例)	32(17.97%)	12(19.67%)	6(17.14%)	5(16.66%)	9(17.30%)	1.382	0.592
慢性肾功能不全(例)	22(12.35%)	3(4.918%)	6(17.14%)	5(16.66%)	8(15.38%)	4.811	0.186
冠状动脉疾病或充血性心力衰竭(例)	13(7.30%)	5(8.19%)	3(8.57%)	1(3.33%)	4(7.69%)	2.193	0.512
入住ICU(例)	14(7.87%)	8(13.11%)	2(5.71%)	2(6.67%)	2(3.85%)	3.762	0.288
住院死亡率(例)	4(2.25%)	2(3.28%)	1(2.86%)	1(3.34%)	0(0%)	1.711	0.634
使用机械通气(例)	19(10.67%)	12(19.67%)	2(5.71%)	2(6.67%)	3(5.77%)	7.900	0.048*
败血症(例)	18(10.11%)	11(18.03%)	2(5.71%)	1(3.33%)	4(7.69%)	6.806	0.078

注: *, P<0.05, 具有统计学意义。

表2 社区获得性肺炎患者病原菌检测结果汇总

细菌	细菌阳性患者	痰培养阳性	PCR阳性	痰培养和PCR均为阳性
总计	91(51.12%)	28	67	25
肺炎双球菌	25(14.04%)	3	18	4
铜绿假单胞菌	24(13.48%)	2	12	10
肺炎链球菌	17(9.55%)	1	15	1
氨苄青霉素耐药流感杆菌	10(5.61%)	6	3	1
金黄色葡萄球菌	10(5.61%)	4	3	3
大肠杆菌	7(3.93%)	0	5	2
鲍曼不动杆菌	7(3.93%)	0	6	1
卡他莫拉菌	5(2.8%)	1	3	1
肺炎支原体	2(1.12%)	0	2	0
其他	13(7.3%)	11	0	2

表3 社区获得性肺炎患者病毒的检测结果

病毒	病毒阳性患者	鼻咽拭子培养阳性	鼻咽拭子PCR阳性	培养和PCR均为阳性
甲型流感	22(12.36%)	0	9	13
乙型流感	7(3.93%)	0	7	0
副流感病毒	2(1.12%)	0	1	1
冠状病毒	5(2.81%)	0	5	0
人类鼻病毒A	12(6.74%)	0	10	2
人类鼻病毒B	2(1.12%)	0	2	0
人类鼻病毒C	6(3.37%)	0	6	0
腺病毒	1(0.56%)	0	1	0
呼吸道合胞体病毒	4(2.25%)	0	2	2
人类偏肺病毒	3(1.69%)	0	3	0
单纯疱疹病毒1型	1(0.56%)	1	0	1
总计	65(36.52%)	1	46	19

表4 社区获得性肺炎患者住院的危险因素分析

研究变量	β	S.E.	wald \times^2	调整OR	95%CI	P值
年龄(岁)	-0.342	4.397	0.006	0.71	0.35~3.42	0.424
年龄 ≥ 65 岁	0.747	3.309	0.051	2.11	0.43~3.21	0.492
年龄 ≥ 75 岁	1.258	3.814	0.109	3.52	2.67~5.41	0.007 [*]
男性	参考	-	-	-	-	0.492
女性	0.489	-0.096	25.993	1.63	0.93~3.14	
高血压	0.867	2.364	0.135	2.38	0.85~6.41	0.424
糖尿病	1.188	-2.338	0.258	3.28	0.29~6.32	0.617
肿瘤	0.703	1.915	0.135	2.02	1.48~2.63	0.003 [*]
慢性肾功能不全	0.952	4.286	0.049	2.59	0.99~4.53	0.084
冠状动脉疾病或充血性心力衰竭	0.631	0.627	1.015	1.88	0.56~3.10	0.371
使用机械通气	0.756	4.738	0.025	2.13	0.27~3.91	0.197
败血症	0.372	-0.289	1.658	1.45	1.03~1.82	0.008 [*]

3 讨 论

在本研究的212名参与者中，70.79%(126例)检测出病原体，其中36.52%(65例)检测出病毒，51.12%(91例)检测出细菌。流感(甲型和乙型)、肺炎双球菌、铜绿假单胞菌、鼻病毒和肺炎双球菌是CAP患者中最常发现的病原体。虽然肺炎链球菌在北美和欧洲等西方国家并非导致CAP的常见病因，但在亚洲国家和南非却是导致下呼吸道感染的重要病原体^[10]。这一结果与一项在八个亚洲国家进行的研究相似，该研究显示，在2002年至2004年间的CAP病例中，肺炎双球菌(15.4%)是仅次于肺炎链球菌的常见病原体^[11]。铜绿假单胞菌是导致CAP的罕见病因，但对于入院前居住在医疗机构的患者而言，铜绿假单胞菌是一个重要的致病因素^[12]。在一项关于CAP的多国流行病学研究中，铜绿假单胞菌的总体感染率为4.2%，但在铜绿假单胞菌既往感染或定植、气管造口术、支气管扩张和/或非常严重的慢性阻塞性肺病患者中，铜绿假单胞菌的感染率增至67%^[13]。在该研究中，CAP患者铜绿假单胞菌检出率为13.48%(24例)。一般而言，假单胞菌确实是公认的院内病原菌，但在之前的一些报道中，社区中铜绿假单胞菌比例较高的原因可能是患者原有的结构异常，如恶性肿瘤、囊性纤维化、再生障碍性贫血、慢性阻塞性肺病和支气管扩张^[14]。在我们的研究中，17.97%(32例)的患者患有肿瘤性疾病。病毒性肺炎一般占成人CAP患者的20%~30%^[15]。在本研究中流感病毒和人类鼻病毒是最常见的病原体，分别占12.36%(n=22)和11.24%(n=20)。目前尚不清楚人类鼻病毒是导致下呼吸道感染的主要原因，还是细菌性肺炎的易感因素。值得注意的是，60%(12/20)的鼻病毒阳性患者同时合并感染了一种细菌病原体。在本研究中，肺炎双球菌(9例，30.00%)、肺炎链球菌(9例，30.00%)和绿脓杆菌(8例，26.67%)是最常见的病毒感染相关细菌。同时，本研究还对因CAP住院的患者进行了分析，使用logistics回归分析检验住院相关的因素发现年龄 ≥ 75 岁(调整OR=3.52，95%CI=2.67~5.41，P=0.007)、肿瘤(调整OR=2.02，95%CI=1.48~2.63，P=0.003)和败血症(调整OR=1.45，95%CI=1.03~1.82，P=0.008)为社区获得性肺炎患者住院的危险因素。

综上所述，在CAP患者中，分子诊断检测比传统微生物培养技术多检测出约三分之一的病原体。然而，尽管有了目前的诊断测试，仍有可能检测不到病原体。合并感染多种病原体的患者约占六分之一，其中最常见的一种病毒合并一种细菌。此外，合并感染肺炎双球菌和人类鼻病毒的比例最大。

参考文献

[1]王爽,王雪峰,李娜,等. 1788例社区获得性肺炎非细菌性病原体分布特征分析[J]. 中国当代儿科杂志, 2023, 25(6): 633-638.

[2]杨惠安,俞晓玲,黄水文,等. 国家早期预警评分2联合血乳酸预测重症社区获得性肺炎患者短期预后的价值[J]. 中国感染控制杂志, 2023, 22(2): 200-207.

[3]Lin WH, Chiu HC, Chen KF, et al. Molecular detection of respiratory pathogens in community-acquired pneumonia involving adults. J Microbiol Immunol[J]. Infect. 2022, 55(5): 829-837.

[4]朱红军, 陈小晶, 柯永坚, 等. 汕头成人社区获得性肺炎的流感嗜血杆菌和肺炎链球菌的耐药研究[J]. 实用医学杂志, 2013, 29(9): 1513-1515.

[5]赵晚姬, 党好, 张任飞, 等. 596株肺炎链球菌的感染分布特征及耐药性分析[J]. 海南医学, 2023, 34(3): 398-400.

[6]李静, 王梦园, 李政, 等. 2017-2019年山东省肺炎链球菌感染的临床特征及药物敏感性[J]. 山东医药, 2023, 63(19): 27-32.

[7]黄庆, 潘家龙, 林冬云. 腺病毒肺炎患儿外周血单核细胞计数变化及其在病情评估中的价值[J]. 中华实验和临床病毒学杂志, 2023, 37(5): 491-496.

[8]刘斌, 谢波, 黄彭, 等. 成人腺病毒肺炎临床特征分析[J]. 临床肺科杂志, 2022, 27(8): 1219-1224.

[9]Nam Hannah H, Ison Michael G, 于明子, 等. 成人呼吸道合胞病毒感染[J]. 英国医学杂志 中文版, 2020, 23(6): 331-343.

[10]Shon AS, Bajwa RP, Russo TA. Hypervirulent (hyper-mucoviscous) Klebsiella pneumoniae: a new and dangerous breed[J]. Virulence 2013, 4(2): 107e18.

[11]Song JH, Oh WS, Kang CI, et al. Epidemiology and clinical outcomes of community-acquired pneumonia in adult patients in Asian countries: a prospective study by the Asian network for surveillance of resistant pathogens[J]. Int J Antimicrob Agents 2008, 31(3): 107e14.

[12]王元达. 成人下呼吸道感染病原菌分布特征及耐药情况研究[J]. 黑龙江医学, 2023, 47(12): 1453-1455.

[13]郭霞, 单斌, 许云敏, 等. 2013-2015年云南省铜绿假单胞菌耐药性分析[J]. 中国抗生素杂志, 2017, 42(11): 993-997.

[14]肖园园, 谭彩霞, 李春辉, 等. 美国感染病学会关于产超广谱 β -内酰胺酶肠杆菌目细菌(ESBL-E)、耐碳青霉烯类肠杆菌目细菌(CRE)、难治性耐药铜绿假单胞菌(DTR-PA)、产AmpC β -内酰胺酶肠杆菌目细菌(AmpC-E)、耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌(CRAB)和嗜麦芽窄食单胞菌的抗感染治疗指引(2022版)摘要[J]. 中国感染控制杂志, 2022, 21(12): 1267-1276.

[15]刘音, 杨竟铨, 贺小旭, 等. 95例重症病毒性肺炎患者的临床特征及预后影响因素分析[J]. 临床肺科杂志, 2022, 27(10): 1463-1467.

(收稿日期: 2024-05-12)
(校对编辑: 赵望淇)