• 论著-临床研究 •

产超广谱 β-内酰胺酶肠杆菌血行感染的 危险因素分析

杨静! 林芳! 于云鹏! 咸会波! 司君利!

[摘要] 目的:研究产超广谱 β -内酰胺酶(ESBLs)肠杆菌血行感染的危险因素。方法:回顾性分析 233 例血培养结果示肠杆菌科类细菌生长的患者病历资料,详细记录基线资料,分析产超广谱 β -内酰胺酶肠杆菌科血行感染的危险因素。结果:年龄(OR:0.935,95%CI:0.887 \sim 0.985)、APACHE II 评分(OR:1.408,95%CI:1.269 \sim 1.563)、感染大肠埃希菌(OR:4.274,95%CI:1.225 \sim 14.916)、侵袭性的医疗操作(OR:0.377,95%CI:0.150 \sim 0.947)以及三代头孢菌素的暴露(OR:0.254,95%CI:0.071 \sim 0.906)是产 ESBLs 肠杆菌血行感染的重要独立危险因素。结论:患者病情严重程度、感染状态、初始经验性抗菌治疗方案以及医疗侵袭性操作,都会使产 ESBLs 肠杆菌血行感染的风险增加,因此,有必要根据患者的不同病情做出合理的临床决策,并选择合适的抗菌药物。

[关键词] 超广谱β-内酰胺酶;肠杆菌科;血行感染;危险因素

doi:10.13201/j.issn.1009-5918.2019.09.010

[中图分类号] R472 [文献标志码] A

Analysis of risk factors for the bloodstream infection of enterobacteriaceae bacteria producing extended spectrum β-lactamase

YANG Jing LIN Fang YU Yunpeng XIAN Huibo SI Junli (Department of Emergency, Qingdao Municipal Hospital, Qingdao, Shandong, 266000, China) Corresponding author: SI Junli, E-mail: junlisi@163. com

Abstract Objective: To study the risk factors for the bloodstream infection of enterobacteriaceae bacteria producing extended spectrum β -lactamases (ESBLs). Method: This retrospective study included 233 patients whose blood culture results showed that they were infected with Enterobacteriaceae bacterial. Their medical records and baseline data were recorded in detail and the risk factors for ESBLs-producing Enterobacteriaceae infection were analyzed. Result: Age(OR: 0.935, 95%CI: 0.887~0.985), APACHE-II score(OR: 1.408, 95%CI: 1.269~1.563), infection with E. coli(OR: 4.274, 95%CI: 1.225~14.916), invasive medical procedures(OR: 0.377, 95%CI: 0.150~0.947) and exposure to third-generation cephalosporins(OR: 0.254, 95%CI: 0.071~0.906) were important independent risk factors for ESBLs-producing enterobacteriaceae bacteria infection. Conclusion: The severity of the disease, the state of infection, the initial empirical antibacterial treatment, and the medical invasive procedure will increase the risk of infection of ESBLs-producing enterobacteriaceae bacteria. Therefore, it is necessary to make reasonable clinical decisions according to the patient's condition, and choose the right antibacterial drug.

 $\textbf{Key words} \quad \text{ extended spectrum } \beta\text{-lactamases; enterobacteriaceae; bloodstream infection; risk-factor}$

血行感染(bloodstream infection, BSI)是病原微生物,包括病毒、细菌、真菌入侵血液引起的危及生命的全身感染性疾病,可导致脓毒症的发生,病死率可高达 28.7% 。肠杆菌科是临床上最常见,最易被分离的菌株,产超广谱 β-内酰胺酶(extended spectrum β -lactamases, ESBLs)是肠杆菌科最常见的耐药机制之一,因其能够水解灭活青霉素类、头孢菌素和类单环 β -内酰胺类抗生素,从而对

抗菌药物产生耐药性,近年来,随着侵袭介入性操作的增加、抗菌药物的不规范使用,细菌耐药形势严峻,有数据显示在我国,以大肠埃希菌和肺炎克雷伯杆菌为代表的肠杆菌科,产超广谱 ESBLs 的菌株分离率分别为 59.1%和 34.4%⁽²⁾,肠杆菌科血行感染常以发热、休克、多脏器功能障碍、DIC 等为典型临床表现,病情危重且进展迅速,病死率高,住院时间长,本研究旨在探讨 ESBLs 肠杆菌科细菌血行感染的危险因素,为临床 ESBLs 肠杆菌科细菌防控和临床用药提供参考。

¹青岛市市立医院急诊科(山东青岛,266000) 通信作者:司君利,E-mail:junlisi@163.com

1 材料与方法

1.1 研究对象

调取 2017-06—2019-05 期间我院微生物室血培养结果,筛选肠杆菌科细菌共计 281 株,回顾性分析此部分患者的临床病例资料,最终 233 例被纳入研究对象,根据是否产超广谱 ESBLs 分为 ESBL 阳性组和 ESBL 阴性组,详细记录并分析两组患者的临床资料、药敏结果。ESBL 阳性组 110 例,其中男 65 例,女 45 例; ESBL 阴性组 123 例,其中男 70 例,女 53 例。

纳人标准:①年龄≥18岁;②住院时间>72 h; ③住院期间首次血培养结果阳性。④临床病例资料完整;⑤血培养结果排除污染可能。

1.2 研究方法

收集上述共计 233 例肠杆菌科血行感染患者 的临床资料,详细记录所有纳入本研究患者的年 龄、性别、入院科室、基础疾病、住院时间、感染部 位、是否具有侵袭性操作(动静脉穿刺、导尿、引流 等)、入院后第1次血培养标本时间、报阳时间、感 染病原菌类型、药敏结果、入院至血培养结果发布 之前的抗生素方案、抗生素应用的时间以及其他常 规、生化指标等。计算急性生理与慢性健康评分 (APACHEⅡ评分)评估患者病情严重程度。所有 用于本研究的生理、常规、生化指标为入院 24 h 内 最差值,同批次多次送检血培养结果示同种菌株生 长,报阳时间以第1株菌株报阳时间为准。在一份 血液标本中培养出≥2种不同菌属的细菌或是同 一患者同一时间从不同部位抽取多份血液标本中 培养出≥2种不同菌属的细菌,被认为是混合感 染。计算 APACHE II 评分患者病例资料缺 1 项以 零分计,缺项≥2项视为病例资料不全。

1.3 细菌培养鉴定

按《全国临床检验操作规程》进行细菌培养和标本接种,采用美国 BD 公司生产的 BACTEC FX40 全自动血液培养分析仪对培养菌株进行鉴定,质控菌株由国家临床检验中心提供,大肠埃希菌的质控菌株为 ATCC25922,肺炎克雷伯杆菌质控菌株为 ATCC700603。药敏结果依据美国临床实验室标准化委员会(NCCLS)发布的指南判定⁽³⁾。

1.4 统计学方法

使用 SPSS 25.0 软件进行统计分析。连续数值型计量资料以 $x \pm s$ 表示,采用 K-S 参数进行正态性检验,服从正态分布的两个独立样本均数的比较采用t检验,不服从正态分布的连续数值型变量采用非参数检验,分类计数资料采用 γ^2 检验,构建

二元 logistic 回归方程,进行多因素回归分析,结果以比值比(OR 值)、95%置信区间(95%CI)表示, P<0.05 为差异具有统计学意义。

2 结果

2.1 基线资料分析

共计 233 例肠杆菌科血行感染病例资料被纳入研究,其中 ESBL 阳性组 110 例,平均年龄(68.5 ±15.0)岁,平均住院天数(19.3±16.5) d,血培养平均报阳时间(11.9±11.8) h; ESBL 阴性组 123 例,平均年龄(67.6±14.7)岁,平均住院天数(18.6 ±17.5) d,血培养平均报阳时间(15.4±21.8) h,统计分析结果示两组间年龄、平均住院天数、血培养标本平均报阳时间均差异无统计学意义(表 1)。

统计 233 例患者病例资料,结果显示产 ESBLs 肠杆菌分布前3位的科室是ICU、泌尿外科、肝胆 外科,感染部位主要来源于泌尿系、肺部和胆系,感 染病原体主要类型是大肠埃希菌、肺炎克雷伯杆 菌,在对两组间性别、住院科室、感染部位来源、感 染病原菌类型、是否有侵袭性操作(包括导尿、中心 静脉置管、PICC、引流、透析、手术等医疗介入性操 作)、实验室检查指标、APACHE II 评分、三代头孢 菌素的暴露情况(包括头孢曲松、头孢噻肟、头孢他 啶等)、病死率等进行统计学分析,结果示两组的性 别、入院科室、感染部位来源均差异无统计学意义, 而感染病原菌的类型、血清前白蛋白、是否有侵袭 性操作、入院后第三代头孢的暴露史、病死率均差 异有统计学意义,其中感染病原菌的类型、是否进 行侵袭性操作、总病死率在两组间差异有统计学意 义(表 2)。

2.2 细菌耐药分析

本研究纳入的233株肠杆菌科中,大肠埃希菌 143 株(产 ESBLs 82 株,占总样本率 35.2%),肺炎 克雷伯杆菌 62 株(产 ESBLs 19 株,占总样本率 8.2%), 奇异变形杆菌 5 株(产 ESBLs 2 株, 占总样 本率 0.9%),其他病原菌如产酸肺炎克雷伯、肺炎 克雷伯鼻臭亚种、阴沟肠杆菌、粘质沙雷氏菌或存 在混合感染共计23株(产ESBLs7株,占总样本率 3.0%),通过对比 ESBL 阳性组与 ESBL 阴性组对 18 种常见抗菌药物的耐药率可以看出,肠杆菌科 普遍对氨苄青霉素耐药,相对于非产酶(ESBLs)的 肠杆菌,产酶(ESBLs)的肠杆菌对第一代头孢菌素 (头孢唑林)、第三代头孢菌素(头孢曲松)、单环 β-内酰胺类(氨曲南)、第三代喹诺酮类(环丙沙星、左 氧氟沙星)均表现出较高的耐药率(耐药率> 60%), ESBL 阳性组与 ESBL 阴性组对 18 种常见 抗菌药物耐药率比较见表 3。

2.3 危险因素分析

经表 2 中单因素分析可知病原菌感染类型、前白蛋白、APACHE II 评分、存在侵袭性操作、有三代头孢菌素的暴露史在两组间差异均有统计学意义(P<0.05),以是否发生产 ESBLs 肠杆菌血行感染作为因变量,将以上指标及有关实验室指标作为协变量构建二元 logistic 回归方程,霍斯默-莱梅肖拟合优度检验 P=0.706,通过构建的回归方程

模型对本样本患病率的预测值为83.1%(大于总体正确百分比55.4%),故认为本模型能够很好地拟合观察样本数据,并且构建的二元回归方程模型预测效果良好。通过本模型,对产ESBLs 肠杆菌科血行感染的危险因素分析可知,年龄、血肌酐增高、APACHE II 评分、红细胞比容升高、侵袭性的医疗操作以及三代头孢菌素的暴露是引起产ESBLs 血行感染的独立危险因素。见表4。

表 1 ESBL 阳性组与 ESBL 阴性组年龄和住院天数比较

项目	ESBL 阳性组	ESBL 阴性组	Z	P
平均年龄/岁	68.5±15.0	67.6±14.7	-0.360	0.719
平均住院天数/d	19.3 \pm 16.5	18.6 \pm 17.5	-0.208	0.835
平均报阳时间/h	11.9 ± 11.8	15.4 ± 21.8	-0.113	0.910

注:Z值为经非参数检验结果。

表 2 ESBL 阳性组与 ESBL 阴性组患者基线资料比较

例(%)

项目	ESBL 阳性组	ESBL 阴性组	χ^2/Z	P
性别			0.113	0.736
男	65(59.1)	70(43.1)		
女	45(40.9)	53(43.1)		
科室分布			12.996	0.072
重症监护病房	20(18.2)	21(17.1)		
泌尿外科	16(14.5)	7(5.7)		
肝胆外科	18(16.4)	16(13.0)		
肾内科	16(14.5)	15(12.2)		
肿瘤科	6(5.5)	10(8.1)		
血液科	7(6.4)	3(2.4)		
呼吸科	9(8.2)	17(13.8)		
其他	18(16.4)	34(27.6)		
病原菌类型			15.490	0.001 ^{a)}
大肠埃希菌	82(74.6)	61(49.6)		
肺炎克雷伯杆菌	19(17.3)	43(35.0)		
奇异变形杆菌	2(1.8)	3(2.4)		
其他或混合感染	7(6.4)	16(13.0)		
感染部位来源			8.528	0.129
泌尿系	26(23.6)	25(20.3)		
肺部	22(20.0)	18(14.6)		
胆系	15(13.6)	30(24.4)		
腹腔	9(8.2)	10(8.1)		
多部位来源	14(12.7)	7(5.7)		
部位不明	24(21.8)	33(26.8)		
实验室检查				
白细胞计数/(×10 ⁹ • L ⁻¹)	10.30 \pm 7.76	10.81 \pm 5.99	-1.913	0.056
肌酐/(μ mol • L^{-1})	141.30 ± 175.07	117.65 \pm 60.32	-0.552	0.581
总胆红素/(μmol•L ⁻¹)	66.93 ± 106.23	30.81 ± 40.35	-1.241	0.214
C 反应蛋白/(mg·L ⁻¹)	106.35 \pm 72.99	97.51 \pm 67.91	-0.733	0.464
前白蛋白/(mg·L ⁻¹)	171.05 ± 69.51	196.11 \pm 71.64	-2.746	0.006

				续表2
项目	ESBL 阳性组	ESBL 阴性组	χ^2/Z	P
合并高血压			0.176	0.675
是	54(49.15)	57(46.3)		
否	56(50.9)	66(53.7)		
合并糖尿病			2.996	0.083
是	27(24.5)	43(35.0)		
否	83(75.5)	80(65.0)		
合并脑卒中或脑部手术史			1.553	0.213
是	26(23.6)	21(17.1)		
否	84(76.4)	102(82.9)		
合并恶性肿瘤病史			2.483	0.115
是	42(38.2)	35(28.5)		
否	68(61.8)	88(71.5)		
APACHEⅡ评分	16.57 \pm 7.44	10.85 \pm 5.46	-6.148	<0.01
侵袭性操作			8.162	0.004
是	42(38.2)	26(21.1)		
否	68(61.8)	97(78.9)		
三代头孢菌素暴露			3.879	0.049
是	17(15.5)	9(7.3)		
否	93(84.5)	114(92.7)		
死亡人数			12.433	<0.01
是	39(35.5)	19(15.4)		
否	71(64.5)	104(84.6)		

a)该处 pearson卡方检验失效,此处为费希尔精确检验结果。

表 3 ESBL 阳性组与 ESBL 阴性组的耐药率情况

例(%)

拉带花 쏖		ESBL 阳性组			ESBL 阴性组	
抗菌药物	耐药	中介	敏感	耐药	中介	敏感
氨苄青霉素	100(100.0)	0	0	84(68.3)	11(8.9)	28(22.8)
阿莫西林/克拉维酸	17(15.5)	45(40.9)	48(43.8)	13(10.6)	9(7.3)	101(82.1)
哌拉西林/他唑巴坦	2(1.8)	5(4.5)	103(93.6)	2(1.6)	2(1.6)	119(96.7)
头孢唑林	110(100.0)	0	0	23(18.7)	45(36.6)	55(44.7)
头孢西丁	15(13.8)	15(13.8)	79(72.5)	11(9.0)	8(6.6)	103(84.4)
头孢曲松	107(98.2)	0	2(1.8)	8(6.5)	0	115(93.5)
头孢吡肟	32(29.6)	17(15.7)	59(54.6)	5(4.1)	0	118(95.9)
氨曲南	69(63.3)	1(0.9)	39(35.8)	3(2.5)	1(0.8)	118(96.7)
厄他培南	0	0	106(100)	0	0	119(100.0)
亚胺培南	0	1(0.9)	106(99.1)	0	1(0.8)	122(99.2)
阿米卡星	1(0.9)	1(0.9)	107(98.2)	1(0.8)	1(0.8)	121(98.4)
庆大霉素	58(53.2)	3(2.8)	48(44.0)	16(13.1)	0	106(86.9)
妥布霉素	25(22.9)	39(35.8)	45(41.3)	2(1.6)	13(10.6)	103(83.7)
环丙沙星	81(74.3)	5(4.6)	23(21.1)	32(26.0)	4(3.3)	87(70.7)
左氧氟沙星	74(67.9)	7(6.4)	28(25.7)	26(21.1)	9(7.3)	88(71.5)
替加环素	0	0	100(100.0)	1(0.8)	0	117(99.2)
复方新诺明	64(58.7)	0	45(41.3)	25(20.3)	0	98(79.7)
头孢哌酮/舒巴坦	14(14.4)	28(28.9)	55(56.7)	2(1.8)	4(3.7)	103(94.5)

表 4	产	ESBLs	肠杆菌科	血行感染的	危险因素分析
-----	---	--------------	------	-------	--------

危险因素	回归系数	标准误	Wald χ²	OR	95 % CI	P
男性	0.444	0.426	1.088	1.559	0.677~3.591	0.297
年龄	-0.067	0.027	6.319	0.935	0.887~0.985	0.012
总胆红素	-0.003	0.005	0.329	0.997	0.988~1.007	0.566
肌酐	-0.004	0.001	9.540	0.996	0.993~0.998	0.002
白细胞计数	-0.027	0.034	0.664	0.973	0.911~1.039	0.415
红细胞比容	0.066	0.033	3.987	1.068	1.001~1.139	0.046
C反应蛋白	0.003	0.003	0.663	1.003	0.996~1.009	0.416
血清前白蛋白	-0.005	0.003	2.273	0.995	0.988~1.002	0.995
是否有侵袭性操作	-0.975	0.469	4.313	0.377	0.150~0.947	0.038
是否有三代头孢药物暴露史	-1.372	0.650	4.458	0.254	0.071~0.906	0.035
是否合并高血压	0.149	0.455	0.108	1.161	$0.476 \sim 2.830$	0.743
是否合并糖尿病	0.441	0.455	0.938	1.554	0.637~3.791	0.333
是否合并脑卒中或脑部手术史	0.328	0.563	0.340	1.388	0.461~4.184	0.560
是否合并恶性肿瘤	-0.084	0.441	0.037	0.919	0.387~2.180	0.848
感染大肠埃希菌®	1.453	0.638	5.188	4.274	$1.225 \sim 14.916$	0.023
感染肺炎克雷伯杆菌®	-0.635	0.727	0.764	0.530	0.128~2.201	0.382
APACHEⅡ评分	0.342	0.053	41.637	1.408	1.269~1.563	<0.01

a) 此处以感染奇异变形杆菌、其他或混合感染为参照。

3 讨论

产超广谱 ESBLs 主要产生于以大肠埃希菌、肺炎克雷伯杆菌等为代表的肠杆菌科,是革兰氏阴性杆菌产生耐药的主要机制之一,从 1980 年被Minami 等首次发现,迄今为止近 40 余年,产 ESBLs 肠杆菌科在全球范围内广泛流行,对临床医生、微生物学家、感染控制专业人士提出独特的挑战,并随着新一代抗菌药物的应用,产 ESBLs 细菌耐药形势严峻,尤其在我国由于长期不规范的抗生素应用,同时随着新型侵袭性治疗手段的应用增加,产 ESBLs 细菌感染正在给患者和公共卫生带来严重负担。因此,本研究致力于寻找产 ESBLs 肠杆菌血行感染的危险因素,以期能有效防控 ESBLs 的流行[4-6]。

根据全国细菌耐药监测网(CARSS)2017 年细菌耐药监测报告数据显示,产 ESBLs 大肠埃希菌检出率为 54.2%,高于本研究中的检出率 35.2%,可能与本研究中的标本仅血液有关(CARSS 细菌耐药监测报告中主要标本来源是肺泡灌洗液、痰液),但与四川省 2016 年细菌耐药监测网数据基本一致(34.5%)^(***)。肠杆菌科产生耐药的机制主要有产 ESBLs、产 AmpC β 内酰胺酶、产碳青霉烯酶、产对酶抑制剂耐药的 β 内酰胺酶等^(****),各种因素

导致肠杆菌表达产生 ESBLs 的基因发生点突变, 改变了酶蛋白质活性位点周围的关键氨基酸,进而 表达不同类型的 ESBLs:TEM 型、SHV 型、CTX-M型,其中SHV型ESBLs在临床被分离的菌株 中较为常见。2000年 Paterson等的一项多中心前 瞻性研究首次报道了 25 株产 ESBLs 的肺炎克雷 伯杆菌通过质粒介导环丙沙星耐药,通过质粒在编 码水平转移喹诺酮类药物抗性基因,是产 ESBLs 肠杆菌出现喹诺酮类药物耐药目前被普遍接受的 原因之一[11],本研究中通过对 233 例患者的药敏 结果分析,也证实产 ESBLs 肠杆菌科除对青霉素 类、头孢菌素类、单环β-内酰胺类耐药外,对喹诺酮 类药物也表现出较高的耐药率。耐药性分析结果 显示产 ESBLs 肠杆菌科对 β-内酰胺/酶抑制剂敏 感性较好,对碳青霉烯类敏感性较高,但仍存在耐 碳青霉烯类分离株,最新研究结果显示可能与细菌 外膜孔蛋白缺失有关[12], Muhammed 等[13]的一项 meta 分析研究结果表明,耐碳青霉烯类肠杆菌科 的发展与碳青霉烯类抗菌药物广泛应用有关,不推 荐应用碳青霉烯药物用于可能存在产 ESBLs 肠杆 菌科血行感染患者的初始经验性治疗,而 β-内酰 胺/酶抑制剂可能是产 ESBLs 肠杆菌血行感染初 始经验性治疗的有效药物。

通过构建回归方程模型,本研究共筛选出年 龄、肌酐升高、APACHEⅡ评分、红细胞比容升高、 感染大肠埃希菌、侵袭性的医疗操作以及三代头孢 菌素的暴露 7 项可能引起产 ESBLs 血行感染的独 立危险因素。其中肌酐(OR: 0.996, 95% CI: 0.993~0.998) 和红细胞比容(OR:1.068,95% CI:1.001~1.139)的 OR 值接近 1,认为肌酐和红 细胞比容虽然是产 ESBLs 血行感染的危险因素, 但效果不显著。红细胞比容(HCT)常用来识别贫 血和红细胞增多症等疾病,危重患者 HCT 升高可 能与组织细胞长期慢性缺氧,引起红细胞代偿性增 多,或存在体液丢失引起血液黏稠度增加,外周阻 力增加,进而引起血流动力学紊乱[14]。总胆红素 在单因素分析中差异有统计学意义,但尚不能构成 引起 ESBLs 血行感染的危险因素。由本研究结果 可以看出 APACHE [[评分、侵袭性的医疗操作、三 代头孢的药物暴露以及感染病原菌类型是大肠埃 希菌,是 ESBLs 肠杆菌血行感染的显著危险因素, 其中感染病原菌类型为大肠埃希菌,相较于感染除 肺炎克雷伯杆菌外奇异变形杆菌、肺炎克雷伯鼻臭 亚种等其他病原菌或混合感染患者,发生产 ESBLs 肠杆菌血行感染的可能性更大(4.274倍),与国内 外相关研究结果一致[15-16]。

综上所述,对于高龄、病情危重可能存在产 ESBLs 血行感染的患者,应避免应用β-内酰胺类广 谱抗菌药物,尤其是三代头孢菌素,尽量避免侵袭 性医疗操作行为,或进行医疗侵袭性操作时要做好 院感防控,警惕血行性感染可能,治疗上首选β-内 酰胺/酶抑制剂作为初始经验性治疗。

参考文献

- [1] 杨祖耀, 詹思延, 王波, 等. 中国血流感染住院病死率的系统评价和 meta 分析[J]. 北京大学学报(医学版), 2010, 42(3); 304-307.
- [2] Hsueh PR, Badal RE, Hawser SP, et al. Epidemiology and antimicrobial susceptibility profiles of aerobic and facultative Gram-negative bacilli isolated from patients with intra-abdominal infections in the Asia-Pacific region; 2008 results from SMART (Study for Monitoring Antimicrobial Resistance Trends) [J]. Int J Antimicrob Agents, 2010, 36(5):408-414.
- [3] 马越,李景云,金少鸿.美国临床实验室标准委员会推荐药敏试验操作方法和判断标准(2005年修订版) [J].中华医学杂志,2005,85(17):1182-1184.
- [4] Perez F, Endimiani A, Hujer KM, et al. The continuing challenge of ESBLs[J]. Curr Opin Pharmacol, 2007,7(5):459-469.

- [5] 周梦兰,杨启文,于淑颖,等.血流感染流行病学研究进展[J].中国感染与化疗杂志,2019,19(2):212-217.
- [6] Rupp ME, Fey PD. Extended spectrum beta-lactamase (ESBL)-producing Enterobacteriaceae; considerations for diagnosis, prevention and drug treatment. [J]. Drugs, 2003, 63(4):353—365.
- [7] 张杰,黄湘宁,龙姗姗,等.四川省细菌耐药监测网2016年血流感染病原菌分布和耐药分析[J].中国循证医学杂志,2017,17(9);1011-1014.
- [8] 张博佳,谈敏,袁应华,等. 肺部感染产超广谱β内酰胺酶肠杆菌科细菌的危险因素分析[J]. 同济大学学报(医学版),2018,39(2):117-122.
- [9] 杨凤霞,徐志泉,王克强,等.产 AmpC 酶革兰阴性杆菌的分布及耐药性分析[J]. 中华 医院 感染 学杂志, 2009,19(13):1725-1727.
- [10] Nordmann P, Poirel L. The difficult-to-control spread of carbapenemase producers among Enterobacteriace-ae worldwide[J]. Clin Microbiol Infect, 2014, 20(9): 821-830.
- [11] Robicsek A, Jacoby GA, Hooper DC. The worldwide emergence of plasmid-mediated quinolone resistance [J]. Lancet Infectious Dis, 2006, 6(10):629-640.
- [12] Hamzaoui Z,Ocampo-Sosa A,Fernandez Martinez M, et al. Role of association of OmpK35 and OmpK36 alteration and blaESBL and/or blaAmpCgenes in conferring carbapenem resistance among non-carbapenemase-producingKlebsiella pneumoniae[J]. Int J Antimicrobial Agents, 2018, 52(6):898—905.
- [13] Muhammed M, Flokas ME, Detsis M, et al. Comparison Between Carbapenems and beta-Lactam/beta-Lactamase Inhibitors in the Treatment for Bloodstream Infections Caused by Extended-Spectrumbeta-Lactamase-Producing Enterobacteriaceae; A Systematic Review and meta-Analysis [J]. Open Forum Infect Dis, 2017, 4(2); x99.
- [14] Reinhart WH. The optimum hematocrit[J]. Clin Hemorheol Microcirc, 2016, 64(4):575-585.
- [15] Xiao T, Wu Z, Shi Q, et al. A retrospective analysis of risk factors and outcomes in patients withextended-spectrum beta-lactamase-producing Escherichia coli bloodstreaminfections[J]. J Global Antimicrobial Resistance, 2019, 17:147-156.
- [16] Superti SV, Augusti G, Zavascki A P. Risk factors for and mortality of extended-spectrum-beta-lactamase-producing Klebsiella pneumoniae and Escherichia coli nosocomial bloodstream infections [J]. Rev Inst Med Trop Sao Paulo, 2009, 51(4):211—216.

(收稿日期:2019-07-21)