doi：10.7499/j.issn.1008-8830.2509077

论著·临床研究

90 d内小婴儿大肠埃希菌耐药特点多维分析

张东森[1] 周林[2] 陈瑛[1] 邹沛岑[1,3] 肖瑞琦[1,3] 马丽娟[2] 王亚娟[1]

（1.首都医科大学附属首都儿童医学中心/首都儿科研究所新生儿内科，北京 100020；2.首都医科大学附属首都儿童医学中心/首都儿科研究所检验科，北京 100020；3.北京协和医学院研究生院，北京 100020）

［摘要］**目的** 探讨90 d内小婴儿大肠埃希菌的耐药特点及其与日龄、感染部位及分离时间的关系。**方法** 回顾性收集2020年6月—2023年12月首都医科大学附属首都儿童医学中心新生儿病房日龄在90 d内的住院患儿分离培养获得的大肠埃希菌菌株，进行药敏试验。收集日龄、感染部位、分离时间等信息，从不同角度描述大肠埃希菌的耐药特点。**结果** 共纳入384例患儿，其中新生儿组（发病日龄≤28 d）253例（65.9%），小婴儿组（发病日龄29~90 d）131例（34.1%）。大肠埃希菌总体耐药率为72.4%，多重耐药率为21.0%。新生儿组更易发生侵袭性感染，而小婴儿组耐药率更高，两组多种药物耐药率差异有统计学意义（P<0.05）。肠道内菌株对β-内酰胺类、四环素类、喹诺酮类等多类药物耐药率高于平均水平，而对磺胺类药物的耐药率较低；血液分离株对β-内酰胺类的耐药率较高。喹诺酮类、四环素类等抗菌药物的耐药率随时间呈上升趋势，且72.9%的多部位感染患儿存在药敏模式一致的菌株，提示菌株同源。**结论** 小婴儿组大肠埃希菌耐药率较高；在90 d内小婴儿中，不同日龄和感染部位的大肠埃希菌耐药情况不同，应根据日龄和感染部位科学选择抗菌药物。

［中国当代儿科杂志，2026，28（6）：671-677］

［关键词］大肠埃希菌；多部位感染；耐药；新生儿；小婴儿

Antimicrobial resistance characteristics of *Escherichia coli* in infants younger than 90 days

ZHANG Dong-Miao, ZHOU Lin, CHEN Ying, ZOU Pei-Cen, XIAO Rui-Qi, MA Li-Juan, WANG Ya-Juan. Department of Neonatology, Capital Center for Children's Health, Capital Medical University/Capital Institute of Pediatrics, Beijing 100020, China (Wang Y-J, Email: cxswyj@vip.sina.com)

Abstract: Objective To investigate the antimicrobial resistance patterns of *Escherichia coli* isolates from infants younger than 90 days and analyze their relationships with age, infection site, and isolation time. **Methods** A retrospective study was performed by collecting *Escherichia coli* strains isolated from hospitalized infants aged ≤90 days in the neonatal ward of Capital Center for Children's Health, Capital Medical University from June 2020 to December 2023. Antimicrobial susceptibility testing was conducted. Relevant clinical information including age, infection site, and isolation time was collected to characterize the antimicrobial resistance of *Escherichia coli* from multiple perspectives. **Results** A total of 384 infants were included, among whom 253(65.9%) were in the neonatal group (age ≤28 days) and 131(34.1%) in the young infant group (29-90 days). The overall resistance rate of *Escherichia coli* was 72.4%, with a multidrug resistance rate of 21.0%. The neonatal group was more susceptible to invasive infections, whereas the young infant group exhibited higher antimicrobial resistance rates, with statistically significant differences observed in resistance rates to multiple antibiotics (P<0.05). Intestinal isolates showed higher resistance rates to β-lactams, tetracyclines, and quinolones compared to the overall average, but lower resistance to sulfonamides. Blood isolates demonstrated higher resistance to β-lactams. An increasing trend was observed in resistance to quinolones and tetracyclines over time. Among infants with multi-site infections, 72.9% had isolates with consistent antimicrobial

［收稿日期］2025-09-16；［接受日期］2026-05-09

［基金项目］国家自然科学基金（82574169）；北京市自然科学基金（7232009、7244289）；高层次公共卫生技术人才建设项目“学科带头人”（学科带头人-03-02）；北京市科技新星计划交叉合作课题（20240484724）。

［作者简介］张东森，男，硕士研究生。

［通信作者］王亚娟，女，教授，主任医师。Email：cxswyj@vip.sina.com。

susceptibility patterns, indicating clonal homology. **Conclusions** *Escherichia coli* isolates from infants aged 29-90 days exhibit relatively high antimicrobial resistance rates. In infants younger than 90 days, resistance patterns differ by age group and infection site, highlighting the need for rational antibiotic selection based on these factors.

[Chinese Journal of Contemporary Pediatrics, 2026, 28(6): 671-677]

Key words: *Escherichia coli*; Multi-site infection; Antimicrobial resistance; Neonate; Young infant

大肠埃希菌已逐步成为小婴儿，尤其新生儿感染的首要病原菌[1]，可引起腹泻、化脓性脑膜炎、败血症、尿路感染、肺炎等疾病[2-3]。根据其感染部位不同，分为肠道内致病性大肠埃希菌（intra-intestinal pathogenic *Escherichia coli*, IPEC）和肠道外致病性大肠埃希菌（extra-intestinal pathogenic *Escherichia coli*, ExPEC），其中ExPEC进一步分为侵袭性和非侵袭性。中国细菌耐药监测网（China Antimicrobial Surveillance Network, CHINET）的数据表明，医院分离大肠埃希菌耐药率常年居于首位[4]。然而，CHINET的数据主要基于成人，尽管也有针对儿童的版本[5]，但并未对新生儿群体进行详细分析。小婴儿免疫系统发育不成熟，所感染菌株特点与其他人群不同，因此需要进行特定分析。既往研究已报道小婴儿大肠埃希菌耐药率[6-7]，但尚未深入探讨日龄、感染部位等因素对耐药性的影响。本研究收集日龄90 d内的住院患儿院内分离大肠埃希菌临床资料，探讨其耐药特点与差异，为小婴儿期大肠埃希菌感染的抗菌治疗提供参考依据。

1 资料与方法

1.1 研究对象

回顾性分析2020年6月—2023年12月首都医科大学附属首都儿童医学中心新生儿病房临床分离出大肠埃希菌菌株患儿的临床资料。纳入标准：（1）日龄≤90 d；（2）分离部位有相应感染表现；（3）诊断依据《诸福棠实用儿科学（第9版）》[8]。排除标准：（1）临床资料不完整；（2）疑似或合并其他病原感染。所有用于培养的标本均于临床考虑存在相应部位感染后收集，以排除定植菌的干扰。本研究通过首都医科大学附属首都儿童医学中心伦理委员会批准（SHERLLM2025011）。

1.2 资料收集及分组

通过查阅病历收集一般资料。（1）疾病诊断，分离第一株大肠埃希菌菌株时的日龄、性别；（2）大肠埃希菌菌株分离日期、分离部位。根据日龄分组：≤28 d为新生儿组，29~90 d为小婴儿组。根据菌株来源，粪便被归类为肠内组，其他部位归为肠外组；肠外组中，血液和脑脊液归为侵袭组，尿液、痰液、分泌物（包括脐分泌物、眼分泌物、耳分泌物）归为非侵袭组。对于多分离株患儿，仅统计第一株。不同部位同源性分析时，纳入各部位第一株。

1.3 药敏试验

采用革兰阴性细菌药敏卡片（VITEK 2 AST-N335）进行药敏试验，按临床实验室标准化协会2023年标准判读结果，每批次含标准大肠埃希菌ATCC 25922。共检测16种抗菌药物，包括阿米卡星、氨曲南、头孢吡肟、头孢哌酮/舒巴坦、头孢他啶、环丙沙星、多西环素、亚胺培南、左氧氟沙星、美罗培南、米诺环素、哌拉西林/他唑巴坦、替卡西林/克拉维酸、替加环素、妥布霉素、复方新诺明（甲氧苄啶/磺胺甲噁唑）。

1.4 相关定义

（1）总体耐药：对至少1种抗菌药物耐药；（2）多重耐药：对至少3个类别抗菌药物耐药；（3）耐药种数：对16种抗菌药物耐药的数量；（4）耐药类数：对5个类别抗菌药物耐药的数量。其中，对某一类有至少1种抗菌药物耐药定义为对该类别耐药[9]。

1.5 统计学分析

使用R语言进行数据分析。对连续变量进行正态性检验，正态分布计量资料以均数 ± 标准差（$\bar{x} \pm s$）表示，采用两样本t检验；非正态分布计量资料以中位数（四分位数间距）[M（P_{25}，P_{75}）]表示，采用Mann-Whitney U检验。分类变量以例数和百分率（%）表示，组间比较采用卡方检验或Fisher确切概率法。使用分层分析控制混杂因素。P<0.05为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 一般资料

共纳入患儿384例，其中男婴203例（52.9%），新生儿组253例（65.9%），小婴儿组131例（34.1%），患儿的最大日龄为88 d。纳入患

儿第 1 株分离株进行统计分析，其中肠道 222 株（57.8%），呼吸道 83 株（21.6%），泌尿道 39 株（10.2%），分泌物 24 株（6.3%），血液 14 株（3.6%），脑脊液 2 株（0.5%）。

2.2 大肠埃希菌总体耐药情况

384 株大肠埃希菌总体耐药率为 72.4%，其中复方新诺明（50.5%）耐药率最高，随后依次是环丙沙星（36.2%）、左氧氟沙星（29.2%）、多西环素（25.8%）、头孢吡肟（21.1%）、氨曲南（16.7%）、头孢他啶（11.7%）、米诺环素（7.0%）、妥布霉素（6.0%）。耐药率<5% 的药物包括替卡西林/克拉维酸（3.9%）、哌拉西林/他唑巴坦（2.6%）、头孢哌酮/舒巴坦（1.6%）、美罗培南（1.3%）、亚胺培南（0.8%）、阿米卡星（0.5%），未见替加环素耐药。

大肠埃希菌多重耐药率为 21.0%（80/384），6 株对 5 个类别均耐药。25 株对 4 个类别耐药，最常见者为 β-内酰胺类+喹诺酮类+磺胺类+四环素类（80.0%，20/25）。对 3 个类别耐药的常见组合包括 β-内酰胺类+喹诺酮类+磺胺类（40.8%，20/49）、β-内酰胺类+磺胺类+四环素类（20.4%，10/49）及喹诺酮类+磺胺类+四环素类（14.3%，7/49）。

2.3 不同日龄大肠埃希菌的耐药情况比较

相较于肠道内感染，新生儿组肠道外感染的耐药比例较低（P=0.211）。在肠外感染中，新生儿组侵袭性感染的耐药率高于婴儿组（P=0.031）。见表 1。

表 1 不同日龄患儿感染部位/类型的耐药分布情况

［例（%）］

感染部位/类型	新生儿组（n=253）	小婴儿组（n=131）	χ^2 值	P 值
肠内感染	152(60.1)	70(53.4)	1.562	0.211
肠外感染	101(39.9)	61(46.6)		
非侵袭感染	87(34.4)	59(45.0)	–	0.031[a]
侵袭感染	14(5.5)	2(1.6)		

注：[a]使用 Fisher 确切概率法。

新生儿组对大多数药物耐药率均低于小婴儿组，其中亚胺培南、美罗培南、替卡西林/克拉维酸、头孢哌酮/舒巴坦、哌拉西林/他唑巴坦、多西环素、妥布霉素差异有统计学意义（P<0.05）；头孢他啶、头孢吡肟、氨曲南、米诺环素、阿米卡星、环丙沙星、左氧氟沙星、复方新诺明差异无统计学意义（P>0.05）；而对头孢吡肟的耐药率新生儿组高于小婴儿组，但差异无统计学意义（P>0.05）。新生儿组的多重耐药率低于小婴儿组，差异有统计学意义（P=0.041）。见表 2。此外，新生儿组耐药种数（Z=−2.11，P=0.035）和耐药类数（Z=−2.07，P=0.038）均低于小婴儿组。

表 2 不同日龄患儿感染大肠埃希菌的耐药特点 ［例（%）］

耐药情况	新生儿组 (n=253)	小婴儿组 (n=131)	χ^2 值	P 值
亚胺培南	0(0)	3(2.3)	–	0.039[a]
美罗培南	1(0.4)	4(3.1)	–	0.048[a]
替卡西林/克拉维酸	4(1.6)	11(8.4)	–	0.002[a]
头孢哌酮/舒巴坦	1(0.4)	5(3.8)	–	0.019[a]
哌拉西林/他唑巴坦	1(0.4)	9(6.9)	–	<0.001[a]
头孢他啶	25(9.9)	20(15.3)	2.420	0.120
头孢吡肟	55(21.7)	26(19.8)	0.186	0.667
氨曲南	40(15.8)	24(18.3)	0.392	0.532
米诺环素	18(7.1)	9(6.9)	0.007	0.929
多西环素	57(22.5)	42(32.1)	4.098	0.043
替加环素	0(0)	0(0)	–	–
阿米卡星	0(0)	2(1.5)	–	0.116[a]
妥布霉素	10(4.0)	13(9.9)	5.465	0.019
环丙沙星	88(34.8)	51(38.9)	0.643	0.423
左氧氟沙星	71(28.1)	41(31.3)	0.377	0.539
复方新诺明	125(49.4)	69(52.7)	0.368	0.544
多重耐药	45(17.8)	35(26.7)	4.174	0.041

注：[a]使用 Fisher 确切概率法。

2.4 不同部位大肠埃希菌分离株比较

除磺胺类药物外，肠道内分离株对其他抗菌药物的耐药率均高于肠道外分离株。血液分离株，对头孢他啶、头孢吡肟、氨曲南和复方新诺明的耐药率明显高于肠道内和其他部位分离株。2 株脑脊液分离株中仅有 1 株对多西环素和复方新诺明耐药，对其他抗菌药物均敏感。总体耐药率>5% 的抗菌药物及各部位耐药率见图 1。

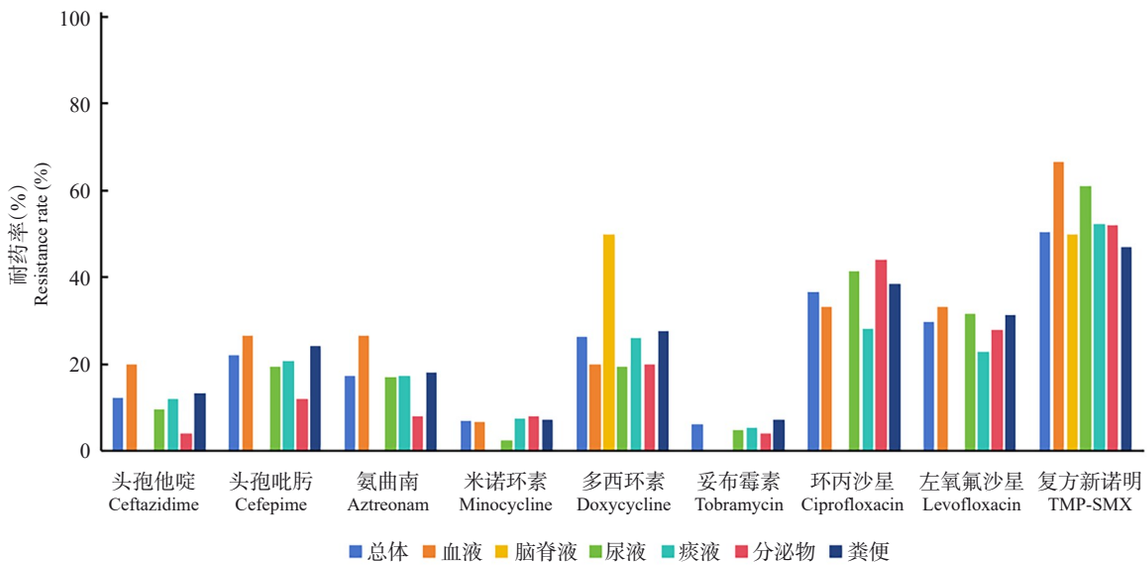


图 1 不同部位大肠埃希菌耐药情况 横坐标代表抗菌药物，纵坐标代表大肠埃希菌耐药率，不同部位数据以不同颜色表示。

2.5 不同年份的大肠埃希菌分离株耐药特点

比较不同年份耐药率，显示大肠埃希菌对单环类、四环素类、喹诺酮类抗菌药物的耐药率呈上升趋势，对其他抗菌药物波动基本维持稳定。见图 2。

对不同日龄分组、不同部位的耐药种数和耐药菌类数进行比较，发现新生儿组 ExPEC 耐药性呈现上升趋势，见图 3。其他分组条件下未见明显

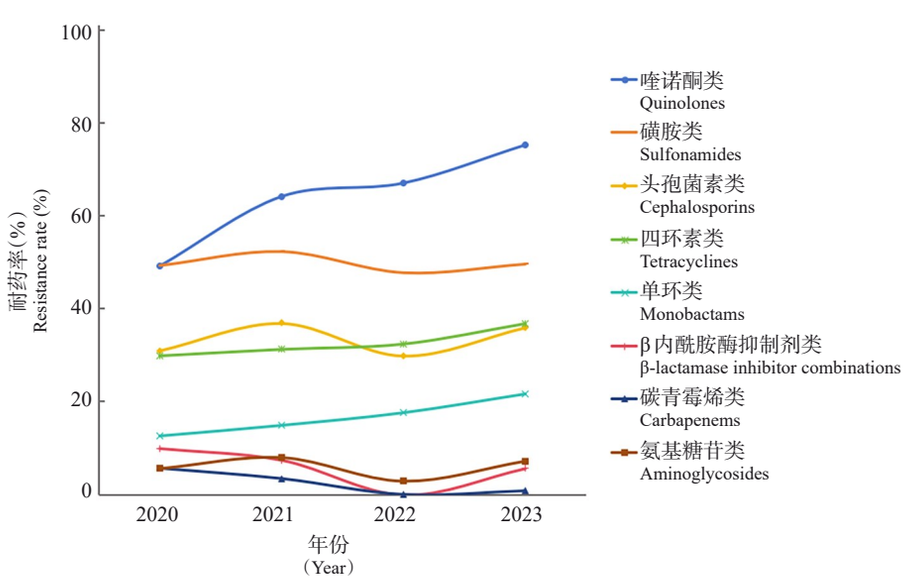


图 2 不同年份的大肠埃希菌分离株耐药情况 横坐标代表年份，纵坐标代表大肠埃希菌耐药率，不同药物数据以不同颜色表示。

趋势。

2.6 多部位分离株耐药一致性分析

共有 48 例患儿存在多部位大肠埃希菌感染的情况，其中 42 例患儿有 2 株，6 例患儿有 3 株。35 例（72.9%）存在药敏试验结果一致的菌株，表明小婴儿 ExPEC 不同部位之间及与 IPEC 具有同源性。药敏试验结果情况见表 3。

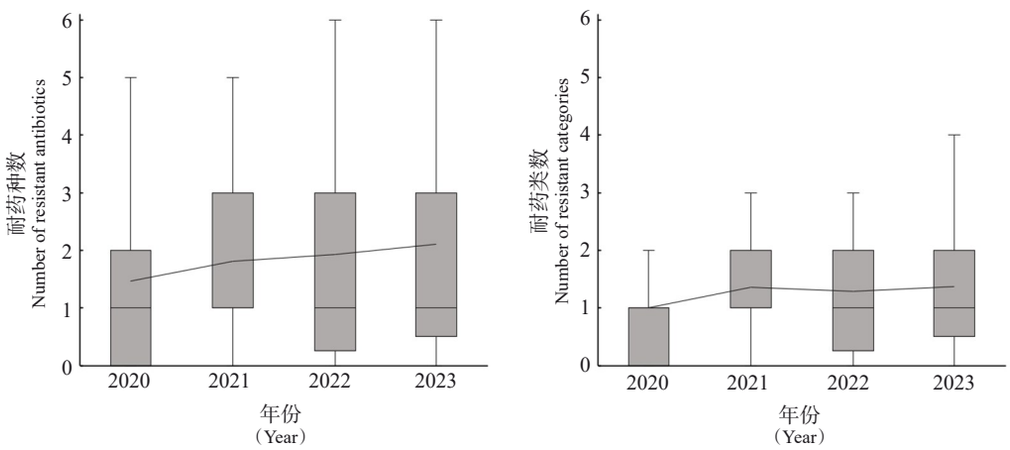


图 3 新生儿组 ExPEC 耐药数量和耐药类别趋势 横坐标代表年份，纵坐标分别代表耐药种数和耐药类数，箱线图横线、箱体及延伸线分别代表中位数、四分位区间和数据范围，折线连接各组均值。

表 3 同一患儿不同部位大肠埃希菌的耐药特征

菌株部位组合	患儿数 (n=48)	药敏试验结果一致情况
粪便+痰液	19	14 例一致
粪便+尿液	10	6 例一致
粪便+血液	4	1 例一致
粪便+分泌物	3	2 例一致
痰液+尿液	2	均一致
血液+尿液	2	均一致
痰液+分泌物	1	一致
血液+脑脊液	1	一致
粪便+痰液+尿液	3	2 例 3 株一致；1 例粪便与痰液一致，尿液不一致
粪便+痰液+血液	1	3 株一致
粪便+痰液+脑脊液	1	脑脊液与痰液一致，粪便不一致
粪便+痰液+分泌物	1	3 株一致

3 讨论

大肠埃希菌是全球范围内耐药性最强的病原之一，小婴儿尤其容易感染[10]。目前对于小婴儿大肠埃希菌感染的认识仍不足。细菌耐药性随时空的变化而动态变化，不同人群、不同地区、不同年代，细菌的耐药性可能存在差异，尤其是大肠埃希菌存在多种耐药基因［如 *aph*（*3″*）*-Ib*、*blaTEM-1B*、*dfrA17* 等］，耐药基因在菌株间存在多种传播机制（如质粒、转座子、整合子等）[11]，进一步加剧时空差异性。与 CHINET 的数据相比[4]，本研究对阿米卡星、亚胺培南、美罗培南、头孢吡肟、头孢他啶、头孢哌酮/舒巴坦、哌拉西林/他唑巴坦、环丙沙星、复方新诺明、替加环素等 10 种检测抗菌药物的耐药性均低于全国水平，提示小婴儿大肠埃希菌菌株特点与成人不同[12]。头孢菌素类药物常用于小婴儿抗菌治疗，广泛使用可能加剧其耐药性[13]，导致其参与大多数的多重耐药模式，本研究结果与之一致。

本研究中，新生儿组侵袭性感染比例更高，可能与早产儿和小日龄患儿固有免疫发育不成熟，更易受革兰阴性菌侵袭性感染有关。小婴儿的固

有免疫逐步发育完全，侵袭性感染减少，以肺炎、腹泻等疾病为主。然而，小婴儿有更大的概率暴露于抗菌药物或从外界获取耐药菌，这可能是导致其耐药菌感染比例升高的原因之一。Wang等[14]也得出类似结论，但其仅纳入88株新生儿菌株，且对照组来自其他病房，引入了额外的混杂因素。本研究将人群限制在同一病房，提高了结论可信度。

本研究探讨了不同感染部位的耐药情况。肠道内分离株对各药物的耐药率普遍比肠道外分离株高，而血液分离株仅对β-内酰胺类耐药率高。根据《新生儿败血症诊断与治疗专家共识（2024）》[15]，侵袭性感染应在疑似诊断后立即开始经验性用药，常规推荐的抗菌药物为β-内酰胺类，这可能会导致对抗菌药物敏感的侵袭性大肠埃希菌检出率下降，同时检出的耐β-内酰胺类抗菌药物的大肠埃希菌比例上升。此结果提示临床应区分不同部位感染的经验性用药策略。

本研究探讨了不同年份大肠埃希菌耐药情况的变化趋势，对于新生儿病房内最常用的头孢菌素类抗菌药物，未观察到耐药率上升趋势。尽管目前我国部分药物耐药率已出现下降趋势[4]，但仍不能忽视抗菌药物对耐药细菌的选择作用[13]，应当根据不同地区、人群的流行性，制定合理的监测和应对方案。此外，本研究显示，大肠埃希菌对单环类、四环素类、喹诺酮类等药物的耐药率呈现逐年上升趋势，可能源于成人肠内感染及畜牧业对这几种抗菌药物的广泛使用[16]，导致环境中具有相关耐药基因的菌株比例升高，进而引起婴儿感染菌株中耐药比例的升高，这强调了“One health”理念与耐药基因传播的关系[17]。此外，疫苗接种可延缓耐药率的升高，是未来应该考虑的预防措施[18]。

本研究探讨了同一患儿不同感染部位耐药表型的关系。对同一患儿不同感染部位的大肠埃希菌分析表明，存在药敏试验结果一致菌株的患儿达72.9%，提示同一大肠埃希菌菌株多部位感染，可能源于婴儿自身定植菌的扩散或致病菌的传播与侵袭。大肠埃希菌通常可定植于环境、体表和肠道，当宿主免疫力下降时，经开放腔道引起肺炎、上行性尿路感染等，亦可通过肠道和体表破损的屏障侵入无菌腔隙，通过血液引起全身感染[19]。这一发现提示，小婴儿大肠埃希菌多部位感染，应该优先考虑相互之间的关联性，而非多次独立感染。

与本课题既往对其他中心新生儿大肠埃希菌耐药特征的研究相比[9]，本中心对头孢吡肟的耐药率略高于全国平均水平，而对其他抗菌药物耐药率明显较低，尤其是四环素类、碳青霉烯类和β-内酰胺酶抑制剂，反映了不同地区或医疗中心间菌株耐药特征的异质性。这些耐药率差异较大的抗菌药物，其相关耐药基因通常位于可移动元件上[20]，可在菌株间水平传播，引起地方性克隆暴发，这可能是导致不同中心耐药率差异较大的主要原因。而喹诺酮类抗菌药物的耐药率基本一致，可能是由于其耐药机制以染色体点突变为主，在进化中相对较为保守[21]。此外，总体耐药率、多重耐药率等指标也会受到所检测抗菌药物种类的影响。

综上所述，大肠埃希菌总体耐药率高是全球共同面临的问题，小婴儿大肠埃希菌感染同样值得关注。不同部位耐药率的差异以及大日龄患儿的高耐药率值得关注。大肠埃希菌耐药率在特定区域仍有上升趋势，临床应根据患儿的不同特点合理选择抗菌药物，加强耐药监测，以降低大肠埃希菌耐药菌株的产生及传播。本研究存在一定局限性，只关注病原菌耐药情况，未结合患儿具体临床特征，且为单中心回顾性研究，无法代表全国耐药情况，应综合更多中心数据，以验证结论的可靠性。

作者贡献声明：张东森、周林负责研究设计、实施，以及数据采集和文章起草；陈瑛、邹沛岑、肖瑞琦负责采集数据、统计分析；马丽娟、王亚娟负责研究设计、研究指导、论文审阅；陈瑛、王亚娟负责研究经费。

利益冲突声明：所有作者均声明无利益冲突。

［参　考　文　献］

[1] Stoll BJ, Puopolo KM, Hansen NI, et al. Early-onset neonatal sepsis 2015 to 2017, the rise of *Escherichia coli*, and the need for novel prevention strategies[J]. JAMA Pediatr, 2020, 174(7): e200593. PMID: 32364598. PMCID: PMC7199167. DOI: 10.1001/jamapediatrics.2020.0593.

[2] Chang H, Guo J, Wei Z, et al. Aetiology of acute diarrhoea in children in Shanghai, 2015-2018[J]. PLoS One, 2021, 16(4): e0249888. PMID: 33831124. PMCID: PMC8031434. DOI: 10.1371/journal.pone.0249888.

[3] Kaper JB, Nataro JP, Mobley HL. Pathogenic *Escherichia coli* [J]. Nat Rev Microbiol, 2004, 2(2): 123-140. PMID: 15040260. DOI: 10.1038/nrmicro818.

[4] 王山梅, 马冰, 李轶, 等. 2015—2021年CHINET临床分离大肠埃希菌耐药性变迁[J]. 中国感染与化疗杂志, 2025, 25(1): 39-47. DOI: 10.16718/j.1009-7708.2025.01.007.

[5] 潘芬, 王春, 张泓, 等. 2015—2021年CHINET儿童患者分离的肠杆菌目细菌耐药性变迁[J]. 中国感染与化疗杂志, 2024, 24(1): 53-63. DOI: 10.16718/j.1009-7708.2024.01.008.

[6] 李雪琴, 王江涛, 赵爱玲, 等. 某儿童医院住院小婴儿感染病原体及多重耐药菌分析[J]. 儿科药学杂志, 2021, 27(10): 44-46. DOI: 10.13407/j.cnki.jpp.1672-108X.2021.10.013.

[7] 徐璐, 贾静, 张冬雨, 等. 2014—2023年河南省新生儿重症监护室血流感染病原菌及其耐药性[J]. 中华医院感染学杂志, 2025, 35(22): 3436-3441. DOI: 10.11816/cn.ni.2025-250730.

[8] 王天有, 申昆玲, 沈颖, 主编. 《诸福棠实用儿科学》[M]. 第9版. 北京: 人民卫生出版社, 2022.

[9] Gu S, Lai J, Kang W, et al. Drug resistance characteristics and molecular typing of *Escherichia coli* isolates from neonates in class A tertiary hospitals: a multicentre study across China[J]. J Infect, 2022, 85(5): 499-506. PMID: 36245138. DOI: 10.1016/j.jinf.2022.09.014.

[10] 高阳, 吉彤珍, 杨冬梅, 等. 783例新生儿感染病原菌分布及耐药分析[J]. 中国实验诊断学, 2022, 26(10): 1481-1484. DOI: 10.3969/j.issn.1007-4287.2022.10.016.

[11] Zamudio R, Boerlin P, Mulvey MR, et al. Global transmission of extended-spectrum cephalosporin resistance in *Escherichia coli* driven by epidemic plasmids[J]. EBioMedicine, 2024, 103: 105097. PMID: 38608515. PMCID: PMC11024496. DOI: 10.1016/j.ebiom.2024.105097.

[12] Aljohni MS, Harun-Ur-Rashid M, Selim S. Emerging threats: antimicrobial resistance in extended-spectrum beta-lactamase and carbapenem-resistant *Escherichia coli*[J]. Microb Pathog, 2025, 200: 107275. PMID: 39798725. DOI: 10.1016/j.micpath.2024.107275.

[13] 邹菊英, 刘小丽, 贺荔枝, 等. 2019—2023年某院大肠埃希菌耐药率与抗菌药物使用频度的相关性[J]. 中华医院感染学杂志, 2025, 35(3): 451-455. DOI: 10.11816/cn.ni.2025-240421.

[14] Wang S, Zhao S, Zhou Y, et al. Antibiotic resistance spectrum of *E. coli* strains from different samples and age-grouped patients: a 10-year retrospective study[J]. BMJ Open, 2023, 13(4): e067490. PMID: 37045577. PMCID: PMC10106033. DOI: 10.1136/bmjopen-2022-067490.

[15] 中华医学会儿科学分会新生儿学组, 中华儿科杂志编辑委员会. 新生儿败血症诊断与治疗专家共识（2024）[J]. 中华儿科杂志, 2024, 62(10): 931-940. PMID: 39327959. DOI: 10.3760/cma.j.cn112140-20240505-00307.

[16] Yang L, Shen Y, Jiang J, et al. Distinct increase in antimicrobial resistance genes among *Escherichia coli* during 50 years of antimicrobial use in livestock production in China[J]. Nat Food, 2022, 3(3): 197-205. PMID: 37117646. DOI: 10.1038/s43016-022-00470-6.

[17] McEwen SA, Collignon PJ. Antimicrobial resistance: a one health perspective[J]. Microbiol Spectr, 2018, 6(2): 10.1128/microbiolspec. arba-0009-2017. PMID: 29600770. PMCID: PMC11633550. DOI: 10.1128/microbiolspec.ARBA-0009-2017.

[18] Laverty M, Crowcroft N, Bolotin S, et al. Health outcomes in young children following pertussis vaccination during pregnancy [J]. Pediatrics, 2021, 147(5): e2020042507. PMID: 33875535. DOI: 10.1542/peds.2020-042507.

[19] Riley LW. Pandemic lineages of extraintestinal pathogenic *Escherichia coli*[J]. Clin Microbiol Infect, 2014, 20(5): 380-390. PMID: 24766445. DOI: 10.1111/1469-0691.12646.

[20] Poirel L, Madec JY, Lupo A, et al. Antimicrobial resistance in *Escherichia coli*[J]. Microbiol Spectr, 2018, 6(4): 10.1128/microbiolspec. arba-0026-2017. PMID: 30003866. PMCID: PMC11633601. DOI: 10.1128/microbiolspec.ARBA-0026-2017.

[21] Zhu DM, Li QH, Shen Y, et al. Risk factors for quinolone-resistant *Escherichia coli* infection: a systematic review and meta-analysis[J]. Antimicrob Resist Infect Control, 2020, 9(1): 11. PMID: 31938541. PMCID: PMC6953284. DOI: 10.1186/s13756-019-0675-3.

（本文编辑：张辉）

（©《中国当代儿科杂志》编辑部，开放获取CC BY-NC-ND 4.0协议）
（© Editorial Office of *Chinese Journal of Contemporary Pediatrics*. OA under CC BY-NC-ND 4.0 license）