2019—2023年甘肃省某三甲肿瘤专科医院多重耐药菌分布特征及影响因素分析

刘生春[1,2]，孙 倩[2]，王益民[1]

1 兰州大学 公共卫生学院，甘肃 兰州 730000；2 甘肃省武威肿瘤医院 感染管理科，甘肃 武威 733000

摘要：目的 分析甘肃省某三甲肿瘤专科医院多重耐药菌的分布特征及影响因素，为肿瘤专科医院的合理用药和院内感染防控提供依据。**方法** 收集2019年1月1日—2023年12月31日住院患者所有多重耐药菌监测资料，采用χ^2检验和Logistic回归分析多重耐药菌分布特征及影响因素。**结果** 2019—2023年共检出多重耐药菌646株，其中产超广谱β-内酰胺酶细菌522株（80.80%），检出率总体下降（$P<0.05$）。多重耐药菌检出率排名前两位的感染部位为泌尿道（30.80%）、呼吸道（19.20%）。多重耐药菌检出率排名前两位的标本来源为尿液（30.50%）、痰液（18.42%）。多重耐药菌检出率排名前两位的科室为泌尿外科（11.61%）、重症监护病房（9.75%）。年龄、手术、侵入性操作、住院时长超10 d、住院次数在2次及以上、既往使用抗生素是住院患者多重耐药菌医院感染的影响因素（$P<0.05$）。**结论** 肿瘤专科医院应针对多重耐药菌的主要感染部位（泌尿道、呼吸道）、科室（泌尿外科、重症监护病房）及影响因素，加强防控措施和抗菌药物的合理使用，以降低多重耐药菌医院感染，保障医疗安全。

关键词：医院感染；多重耐药菌；影响因素；防控措施；分布特征；泌尿外科；重症监护病房

中图分类号：R181.3 **文献标识码：**A DOI：10.13885/j.issn.2097-681X.M20250455

Analysis of distribution characteristics and influencing factors of multi-drug resistant organism in a tumor hospital in Gansu Province from 2019 to 2023

LIU Shengchun[1,2], SUN Qian[2], WANG Yimin[1]

1 School of Public Health, Lanzhou University, Lanzhou 730000, China; 2 Department of Infection Management, Gansu Wuwei Tumour Hospital, Wuwei 733000, Gansu, China

Abstract: Objective The distribution characteristics and influencing factors of multidrug-resistant organisms in a tertiary tumour hospital in Gansu Province were analyzed to provide a basis for rational drug use and nosocomial infection prevention and control. **Methods** All multidrug-resistant organisms monitoring data were collected from 1 January 2019 to 31 December 2023, and the distribution characteristics and influencing factors of multidrug-resistant organisms were analyzed by χ^2 test and Logistic regression. **Results** In 2019—2023, 646 strains of multidrug-resistant organisms were detected, among which 522 (80.80%) produced Extended-Spectrum β-Lactamases, and the overall detection rate decreased ($P<0.05$). The first two infected sites of multidrug-resistant organisms were the urinary tract (30.80%) and the respiratory tract (19.20%). The first two specimens of multidrug-resistant organisms were urine (30.50%) and sputum (18.42%). The top two departments detected by multidrug-resistant organisms were urology (11.61%) and intensive care unit (9.75%).

收稿日期：2025-04-08 **修回日期：**2025-06-18 **接受日期：**2026-03-11

基金项目：武威市市级科技计划资助项目（WW25A01RQNK010）

作者简介：王益民，男，讲师，博士，研究方向为公共卫生，e-mail：wangyimin@lzu.edu.cn，通信作者

Age, surgery, invasive procedures, hospital stay exceeding 10 days, hospitalization frequency of 2 or more times, and previous use of antibiotics were contributing factors to nosocomial infection in inpatient multidrug-resistant organisms ($P<0.05$). **Conclusions** Tumour hospitals should strengthen the prevention and control measures and the rational use of antibiotics according to the main parts (urinary tract and respiratory), departments (urology and intensive care unit) and influencing factors of multidrug-resistant organisms, so as to reduce multidrug-resistant organisms hospital infection and ensure medical safety.

Keywords: nosocomial infection; multidrug-resistant organism; influencing factor; prevention and control measure; distribution characteristics; urology; intensive care unit

随着抗菌药物的广泛使用和各种有创性诊疗操作的开展，临床检出的多重耐药菌日益增多，多重耐药菌的感染已成为一项全球性的挑战[1]。恶性肿瘤患者在诊疗过程中通常会接受放化疗、侵入性操作、免疫抑制剂、激素治疗等，易因免疫力下降而感染多重耐药菌，进而使临床用药复杂、疾病负担增加、住院时长增加、死亡风险增加[2-3]。为了解肿瘤医院多重耐药菌分布特征及影响因素，为肿瘤患者合理用药和院内感染防控提供依据，进行本研究。

1　资料与方法

1.1　资料来源

1.1.1　研究对象

利用医院智慧医疗系统和医院感染实时监控平台收集2019年1月1日—2023年12月31日甘肃省武威肿瘤医院住院患者送检标本中分离的多重耐药菌，标本均由检验科经细菌培养、药敏试验、鉴定、多重耐药菌鉴别，由感染管理科对报告的多重耐药菌再次鉴别、核定，共检出多重耐药菌646株（来自580例患者），其中医院感染140株（来自140例患者），社区感染497株，定植3株，污染6株。

1.1.2　监测范围

根据医院感染管理医疗质量控制指标（2024版）的要求，监测的多重耐药菌包括：耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌[*Acinetobacter baumannii* (*carbapenem-resistant*)]、耐碳青霉烯类铜绿假单胞菌[*Pseudomonas aeruginosa* (*carbapenem-resistant*)]、耐碳青霉烯类大肠埃希菌[*Escherichia coli* (*carbapenem-resistant*)]、耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌[*Klebsiella pneumoniae* (*carbapenem-resistant*)]、耐甲氧西林金黄色葡萄球菌[*Staphylococcus aureus* (*methicillin-resistant*)]、耐万古霉素的屎肠球菌[*Enterococcus faecium* (*vancomycin-resistant*)]和粪肠球菌[*Enterococcus faecalis* (*vancomycin-resistant*)]。

结合甘肃省武威肿瘤医院实际，将产超广谱β-内酰胺酶的大肠埃希菌（*Escherichia coli producing extended-spectrum β-lactamases*）、肺炎克雷伯菌、产酸克雷伯菌（*Klebsiella oxytoca*）、奇异变形杆菌（*Proteus mirabilis*）、阴沟肠杆菌（*Enterobacter cloacae*）纳入监测范围。

1.1.3　多重耐药菌的鉴定标准

采用最小抑菌浓度法，以最小抑菌浓度值位于文献[4]提出的敏感、中介和耐药折点值的范围判定。所有的检测步骤均严格遵循《全国临床检验操作规程》[5]中的相关规定。

1.1.4　纳入与排除标准

纳入标准：临床资料完整且所有患者对本研究均知情同意。排除标准：同次住院同一患者同一部位分离的重复菌株[6]。

1.2　资料收集

收集多重耐药菌感染患者的临床资料，包括多重耐药菌感染部位、科室、患者年龄、住院时长、是否手术、是否侵入性操作、是否患癌、抗生素使用情况，分析2019—2023年多重耐药菌分布特征及影响因素。

1.3　统计学方法

应用SPSS 26.0统计软件录入、分析数据。多重耐药菌检出率等计数资料以例数或百分比表示，组间比较采用χ^2检验或Fisher确切概率法；将单因素分析差异有统计学意义的变量纳入多因素Logistic回归模型，变量的筛选采用向后逐步回归法（Backward：LR），变量筛选水准采用软件默认

设置（$\alpha_{Entry}=0.05$，$\alpha_{Removal}=0.10$）。以是否发生多重耐药菌医院感染（是=1，否=0）为因变量。检验水准$\alpha=0.05$（双侧）。

2 结果

2.1 多重耐药菌检出情况

2019—2023年共检出多重耐药菌646株，其中产超广谱β-内酰胺酶细菌522株（80.80%），占比最大；其次，是耐甲氧西林金黄色葡萄球菌74株，占11.46%，未检出耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌。5年间多重耐药菌检出率总体下降，差异有统计学意义（$\chi^2=50.607$，$P<0.05$），见表1。

2.2 多重耐药菌感染部位

2019—2023年多重耐药菌主要感染部位为泌尿道（占30.80%），其次为呼吸道（19.20%），见表2。

2.3 科室分布

2019—2023年多重耐药菌主要分布在外科，外科共检出302株多重耐药菌，占比46.75%，其中多重耐药菌检出排名前两位的科室为泌尿外科

表1 2019—2023年多重耐药菌检出及分布情况

%

菌株种类	2019年		2020年		2021年		2022年		2023年		合计	
	检出率	构成比	检出率	构成比	检出率	构成比	检出率	构成比	检出率	构成比	检出率	构成比
MRSA	37.25（19/51）	11.95	39.22（20/51）	15.63	25.00（12/48）	10.43	42.42（14/33）	12.84	19.57（9/46）	6.67	32.31（74/229）	11.46
CRAB	57.89（11/19）	6.92	42.86（9/21）	7.03	42.86（3/7）	2.61	22.22（2/9）	1.83	0	0	43.10（25/58）	3.87
CRPA	5.56（1/18）	0.63	17.39（8/46）	6.25	3.85（1/26）	0.87	4.00（1/25）	0.92	11.36（5/44）	3.70	10.16（16/159）	2.48
CREC	0	0	1.24（2/161）	1.56	0	0	0	0	0	0	0.19（2/1061）	0.31
VRE	0	0	16.13（5/31）	3.91	0	0	4.88（2/41）	1.83	0	0	3.41（7/205）	1.08
产超广谱β-内酰胺酶细菌	39.63（128/323）	80.50	28.57（84/294）	65.63	29.29（99/338）	86.09	24.66（90/365）	82.57	21.42（121/565）	89.63	27.69（522/1885）	80.80
合计	36.55（159/435）	100.00	28.89（128/443）	100.00	25.11（115/458）	100.00	23.04（109/473）	100.00	18.57（135/727）	100.00	25.47（646/2536）	100.00

MRSA 耐甲氧西林金黄色葡萄球菌；CRAB 耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌；CRPA 耐碳青霉烯类铜绿假单胞菌；CREC 耐碳青霉烯类大肠埃希菌；VRE 耐万古霉素肠球菌（包括屎肠球菌和粪肠球菌）；产超广谱β-内酰胺酶细菌包括大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、产酸克雷伯菌、奇异变形杆菌、阴沟肠杆菌。检出率=检出菌株数/同期送检标本总数×100%，括号内为检出菌株数/同期送检标本总数；构成比=某菌株检出数/同期所有多重耐药菌检出总数×100%。

表2 2019—2023年多重耐药菌患者主要感染部位分布

感染部位	2019年		2020年		2021年		2022年		2023年		合计	
	$n_{菌株}$	构成比/%	$n_{菌株}$	构成比/%	$n_{菌株}$	构成比/%	$n_{菌株}$	构成比/%	$n_{菌株}$	构成比/%	$n_{菌株}$	构成比/%
泌尿道	48	30.19	31	24.22	45	39.13	37	33.94	38	28.15	199	30.80
呼吸道	25	15.72	36	28.13	16	13.91	23	21.10	24	17.78	124	19.20
手术切口	30	18.87	22	17.19	19	16.53	13	11.93	32	23.70	116	17.96
血液系统	23	14.47	19	14.83	15	13.04	11	10.09	16	11.85	84	13.00
其他	19	11.95	16	12.50	14	12.17	19	17.43	13	9.63	81	12.54
腹腔	14	8.80	4	3.13	6	5.22	6	5.51	12	8.89	42	6.50
合计	159	100.00	128	100.00	115	100.00	109	100.00	135	100.00	646	100.00

构成比=某部位感染菌株数/同期多重耐药菌检出总数×100%。

75株（11.61%）、重症监护病房63株（9.75%），见表3。

2.4 标本来源

2019—2023年多重耐药菌标本来源主要为尿液（197株，占比30.50%），其次为痰（119株，占比18.42%），见表4。

2.5 住院患者发生多重耐药菌医院感染影响因素分析

单因素分析结果显示，年龄（<60岁=0，≥60岁=1）、住院时长（<10 d=0，≥10 d=1）、住院次数（首次住院=1，非首次住院=0）、手术（是=1，否=0）、侵入性操作（是=1，否=0）、恶性肿瘤（是=1，否=0）、既往使用抗生素（是=1，否=0）对住院患者发生多重耐药菌医院感染的影响差异有统计学意义（$P<0.05$），见表5。以是否发生多重耐药菌医院感染为因变量（是=1，否=0），将单因素分析中$P<0.05$的变量纳入多因素Logistic回归模型，结果显示，年龄（OR=1.799，95% CI：[1.098，2.946]）、住院时长（OR=2.360，95% CI：[1.016，5.481]）、住院次数（OR=1.779，95% CI：[1.123，2.817]）、手术（OR=7.751，95% CI：[4.886，12.297]）、侵入性操作（OR=3.649，

表3　2019—2023年多重耐药菌检出科室分布

科室	产超广谱β-内酰胺酶细菌/株	MRSA/株	CREC/株	CRAB/株	CRPA/株	VRE/株	合计/株	构成比/%
泌尿外科	68	1	0	1	4	1	75	11.61
重症监护病房	31	12	0	18	2	0	63	9.75
放疗科	48	6	1	0	2	1	58	8.98
妇瘤科	54	2	0	0	0	2	58	8.98
普外科	44	1	0	1	1	0	47	7.28
肝胆外科	36	3	0	0	1	1	41	6.35
骨科	22	18	0	1	0	0	41	6.35
胃肠外科	36	3	0	1	0	0	40	6.19
血液病科	24	10	0	1	2	0	37	5.73
其他	159	18	1	2	4	2	186	28.78
合计	522	74	2	25	16	7	646	100.00

MRSA　耐甲氧西林金黄色葡萄球菌；CRAB　耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌；CRPA　耐碳青霉烯类铜绿假单胞菌；CREC　耐碳青霉烯类大肠埃希菌；VRE　耐万古霉素肠球菌（包括屎肠球菌和粪肠球菌）；产超广谱β-内酰胺酶细菌包括大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、产酸克雷伯菌、奇异变形杆菌、阴沟肠杆菌。表中数字为检出菌株数；构成比=某科室检出菌株数/多重耐药菌检出总数×100%。

表4　2019—2023年多重耐药菌标本来源分布

标本类型	产超广谱β-内酰胺酶细菌/株	MRSA/株	CREC/株	CRAB/株	CRPA/株	VRE/株	合计/株	构成比/%
尿	183	2	0	5	2	5	197	30.50
痰	84	11	2	14	8	0	119	18.42
分泌物	79	31	0	2	1	2	115	17.80
血液	68	11	0	4	4	0	87	13.47
引流液	35	1	0	0	1	0	37	5.73
其他	73	18	0	0	0	0	91	14.09
合计	522	74	2	25	16	7	646	100.00

MRSA　耐甲氧西林金黄色葡萄球菌；CRAB　耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌；CRPA　耐碳青霉烯类铜绿假单胞菌；CREC　耐碳青霉烯类大肠埃希菌；VRE　耐万古霉素肠球菌（包括屎肠球菌和粪肠球菌）；产超广谱β-内酰胺酶细菌包括大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、产酸克雷伯菌、奇异变形杆菌、阴沟肠杆菌。表中数字为检出菌株数；构成比=某科室检出菌株数/多重耐药菌检出总数×100%。

95% *CI*:[2.215,6.012])、既往使用抗生素（*OR*=1.744，95% *CI*:[1.104,2.753]）是住院患者发生多重耐药菌医院感染的独立影响因素（*P*<0.05），见表6。

表5 住院患者发生多重耐药菌医院感染率分析（单因素Logistic回归）

影响因素		$n_{调查}$	$n_{医院感染}$	感染率/%	χ^2值	*P*值
性别	男	299	72	24.08	0.000	1.000
	女	281	68	24.20		
年龄	<60岁	359	74	20.61	4.586	0.041
	≥60岁	221	66	29.86		
住院时长	<10 d	102	7	6.86	22.496	<0.001
	≥10 d	478	133	27.82		
住院次数	首次住院	277	54	19.49	6.349	0.013
	非首次住院	303	86	28.38		
手术	是	147	97	65.99	152.573	<0.001
	否	433	43	9.93		
侵入性操作	是	313	105	33.55	33.030	<0.001
	否	267	35	13.11		
恶性肿瘤	是	339	93	27.43	5.723	0.020
	否	241	47	19.50		
既往使用抗生素	是	190	76	40.00	30.892	<0.001
	否	390	64	16.41		

表6 住院患者发生多重耐药菌医院感染影响因素分析（多因素Logistic回归）

变量	*β*	*SE*	Wald χ^2	*OR*	95% *CI*	*P*值
年龄	0.587	0.252	5.439	1.799	[1.098,2.946]	0.020
住院时长	0.859	0.430	3.988	2.360	[1.016,5.481]	0.046
住院次数	0.576	0.235	6.030	1.779	[1.123,2.817]	0.014
手术	2.048	0.235	75.623	7.751	[4.886,12.297]	<0.001
侵入性操作	1.294	0.255	25.811	3.649	[2.215,6.012]	<0.001
既往使用抗生素	0.556	0.233	5.691	1.744	[1.104,2.753]	0.017

3 讨论

与国内其他研究[7-9]结果相比，甘肃省武威肿瘤医院多重耐药菌检出率（25.47%）偏高。但是分年度看，各年度的检出率呈现下降趋势，说明多重耐药菌防控措施落实有效但任务仍较艰巨。

从多重耐药菌菌株分类来看，其中，产超广谱β-内酰胺酶细菌占所有多重耐药菌菌株的80.80%，这与同类研究[10-14]结果类似，表明产超广谱β-内酰胺酶细菌在多重耐药菌菌群结构中具有普遍性与重要性。这一现象与中国普通人群肠道微生物的生态特征密切相关。已有研究[15]表明，中国普通人群中产超广谱β-内酰胺酶肠杆菌目细菌的比例相对较高。肠杆菌目细菌作为人体肠道内的常见菌群，广泛存在于消化系统中。在日常生活与医疗场景中，这些携带产超广谱β-内酰胺酶基因的肠杆菌目细菌可通过多种途径传播，如人与人之间的直接接触、污染的医疗器械、医院环境中的物体表面等。尤其是在医院环境中，患者因疾病导致免疫力下降，且存在侵入性操作、抗菌药物使用等情况，使得原本定植于肠道的产超广谱β-内酰胺酶肠杆菌目细菌更易突破人体防御屏障，引发感染。此外，抗菌药物的不规范使用，也在一定程度上加速了产超广谱β-内酰胺酶细菌的增殖与传播。当抗菌药物对敏感菌产生抑

制或杀灭作用时，产超广谱β-内酰胺酶细菌因其携带的耐药基因而获得生存优势，在菌群竞争中逐渐占据主导地位，进而在医院环境中形成流行趋势。普通人群中较高的产超广谱β-内酰胺酶肠杆菌目细菌定植率，与医院内复杂的感染传播环境相互作用，共同导致了产超广谱β-内酰胺酶细菌在多重耐药菌菌株分类中占比较大的现状。

甘肃省武威肿瘤医院多重耐药菌主要感染部位为泌尿道、呼吸道，这与国内研究[3,8]报道一致，分析原因为肿瘤患者接受放化疗、服用免疫抑制剂药物，免疫力低下，而该部分患者大多实施了呼吸机、导尿管插管等操作，破坏了完整皮肤黏膜屏障，暴露于外界环境，易发生感染。另外，膀胱镜、支气管镜等器械操作可能引入耐药菌，呼吸机管道、导尿管连接装置污染也易诱发感染。

甘肃省武威肿瘤医院多重耐药菌主要分布于泌尿外科、重症监护病房、放疗科、妇瘤科、普外科、肝胆外科6个科室。连桂真等[16]的研究表明多重耐药菌主要分布的科室是呼吸科、胸部肿瘤科、重症监护病房、泌尿外科。毛琦等[17]发现上海市某三级哨点医院住院患者多重耐药菌患者所住病房以综合性重症监护病房为主。叶晓燕等[18]的研究结果中多重耐药菌阳性标本主要来自重症监护病房、心内科和呼吸内科。郑丹等[19]发现多重耐药菌科室分布主要为重症监护病区、呼吸内科病区、呼吸康复科病区、神经内科、神经外科病区。本研究中，多重耐药菌检出率排名前两位的科室是泌尿外科和重症监护病房。分析原因可能是：（1）泌尿外科患者大多留置导尿管，易导致病原菌入侵，需重点关注。同时尿标本采集时易被污染，培养结果稳定性差，影响临床判断，因此在多重耐药菌防控中，严格遵循无菌操作原则、规范采样尤为重要，临床药师、检验师应对此加强培训指导，提高医生在抗感染过程中规范采样、无菌操作的意识[20-21]。（2）重症监护病房多重耐药菌检出率高，是患者自身因素、诊疗操作特点及医院环境共同作用的结果。重症监护病房患者病情危重、免疫力低下，常合并多种基础疾病（如严重创伤、多器官功能衰竭），对病原体抵抗力极弱，少量多重耐药菌即可引发感染。患者多需长期使用呼吸机、中心静脉导管等侵入性设备，为细菌定植和传播提供载体；广谱抗菌药物使用频繁且强度高，在杀灭敏感菌的同时筛选出耐药菌，加之药物更换频繁，加速了耐药基因的变异与传播。重症监护病房患者集中、人员流动性大，工作强度高易导致手卫生、器械消毒及环境清洁不到位；患者住院时长过长，增加了与耐药菌接触及定植感染的机会。

年龄、手术、侵入性操作是住院患者多重耐药菌医院感染的影响因素，与研究[22-24]一致。年龄超过60岁的患者身体机能差，免疫功能下降，易发生感染。手术、侵入性操作（导尿管、呼吸机、血管导管）均会使患者体腔与外界环境相通，同时置入器械表面也可能存在不易去除的病原菌，因此会增加感染的风险。恶性肿瘤是住院患者多重耐药菌医院感染的影响因素，与其他研究[25-27]一致。恶性肿瘤抑制免疫细胞功能，导致免疫力低下，基础疾病多、长期卧床、低白蛋白水平以及治疗过程中侵入性操作、抗菌药物过度应用、化疗、免疫抑制剂应用等因素，使其成为多重耐药菌感染的高危因素。住院时长超10 d、住院次数2次及以上是住院患者多重耐药菌医院感染的危险因素，与国内外其他研究[28-29]一致。恶性肿瘤患者因反复多次放化疗，大多需要多次住院且住院时间长，医院内存在多种病原体，住院时长过长、住院次数过多，就会增加感染的风险。同时，病房内空气流通情况、医护人员手卫生执行情况、病房消毒情况等也是同病房患者出现交叉感染的影响因素。既往使用抗生素也是住院患者多重耐药菌医院感染的危险因素，既往接受过抗生素的治疗容易存在抗生素不规范使用的情况，将会导致细菌出现耐药性，增加感染的风险[30-31]。

针对多重耐药菌分布特征及影响因素，医院应充分做好以下防控措施：（1）对于怀疑感染的患者尽早留取标本送检微生物及药敏鉴定，明确敏感菌，针对产超广谱β-内酰胺酶细菌，临床科室应根据患者的感染程度尽早选用碳青霉烯类药物、β-内酰胺酶的抑制剂治疗。（2）提高抗菌药物治疗前病原学送检率，督促临床科室及早送检，加强多重耐药菌的监测，及早发现多重耐药菌患者，严格落实多重耐药菌的防控措施，做好多重

耐药菌患者出院后的终末消毒。(3)针对泌尿外科、重症监护病房重点科室开展多重耐药菌目标性监测，定期对目标性监测资料进行总结分析，运用PDCA法持续改进，降低多重耐药菌医院感染。(4)肿瘤专科医院利用信息化技术和监测数据构建预测模型筛选肿瘤感染高风险患者，施行分级管理，落实落细防控措施，提升多重耐药菌防控质量，以降低肿瘤患者多重耐药菌的感染发生率，保障医疗安全。

但是，本研究受数据资料所限，缺乏多重耐药菌对常见抗菌药物的耐药性分析内容，未来应获取更详细全面的数据，增加其他可能影响多重耐药菌检出和分布的因素，针对性地分析每种多重耐药菌的耐药类别以及构建适合住院患者的预测模型来评估肿瘤患者的感染风险，增加研究的广度及深度。

伦理声明 本研究分别获得兰州大学公共卫生学院伦理委员会和甘肃省武威肿瘤医院伦理委员会批准(批件文号：2024-伦理审查-50)。

利益冲突声明 本研究不存在研究者、伦理委员会成员、受试者监护人以及与公开研究成果有关的利益冲突。

作者贡献声明 刘生春：提出研究方向，设计论文框架，分析数据，撰写、修订论文；孙倩：收集、清洗数据，绘制图表，参与撰写论文；王益民：提出研究方向与基本框架、研究论文监管与指导、对重要文章内容进行关键性修改、审核论文。

参考文献

[1] Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis[J]. The Lancet, 2022, 399(10325): 629-655.

[2] 斯日古楞, 刘欢欢, 周越, 等. 细菌耐药所致患者健康和经济负担的研究进展[J]. 世界临床药物, 2022, 43(11): 1399-1404.

[3] 江宗蔚, 陈艳华, 刘金凤, 等. 肿瘤患者多重耐药菌医院感染分布特点及防控探讨[J]. 现代肿瘤医学, 2020, 28(22): 3978-3982.

[4] Clinical and Laboratory Standards Institute. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing: 32nd ed. CLSI supplement M100[S]. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute, 2022.

[5] 尚红, 王毓三, 申子瑜. 全国临床检验操作规程[M]. 4版. 北京: 人民卫生出版社, 2015.

[6] 国家卫生健康委员会. 国卫办医函〔2024〕150号: 医院感染管理医疗质量控制指标(2024年版)[S]. 北京: 国家卫生健康委员会, 2024.

[7] 唐秋萍, 王远芳, 袁余, 等. 2019—2023年6 428例肿瘤患者病原菌分布与耐药性监测报告[J]. 四川大学学报(医学版), 2024, 55(5): 1264-1271.

[8] 张刚, 曹文成, 林芳, 等. 某肿瘤医院5类多重耐药菌检出分析[J]. 华南预防医学, 2021, 47(3): 355-358.

[9] 马平平, 金小洁, 陈蕾. 某三甲肿瘤专科医院2018年—2021年多重耐药菌监测分析[J]. 中国卫生检验杂志, 2022, 32(15): 1883-1886.

[10] 甘宇, 梁天武. 736例多重耐药菌药敏结果及其耐药性分析[J]. 中外医药研究, 2024, 3(36): 130-132, 135.

[11] 张春爱, 王俊, 刘慧萍, 等. 2019—2023年某儿童医院住院患儿多重耐药菌分布及其耐药性[J]. 中华医院感染学杂志, 2025, 35(8): 1187-1192.

[12] 蒋英杰, 刘丽君, 张楠, 等. 2022年某二级医院住院患者医院感染多重耐药菌分布情况的分析[J]. 感染、炎症、修复, 2025, 26(1): 61-63, 69.

[13] 乔红英. 2016—2020年医院多重耐药菌监测分析[J]. 中国卫生检验杂志, 2021, 31(10): 1261-1264.

[14] 贾月, 耿贺梅. 某三甲医院2019—2020年多重耐药菌检出及分布特点[J]. 系统医学, 2022, 7(1): 76-79, 88.

[15] 杨启文, 吴安华, 胡必杰, 等. 临床重要耐药菌感染传播防控策略专家共识[J]. 中国感染控制杂志, 2021, 20(1): 1-14.

[16] 连桂真, 李淑珠, 陈荣辉, 等. 2019—2021年某三甲医院多重耐药菌检出情况与对策[J]. 中国医药指南, 2024, 22(25): 91-94.

[17] 毛琦, 赵腾龙, 吕锡宏, 等. 2021—2023年上海市某三级哨点医院住院患者多重耐药菌临床感染特征分析[J]. 上海预防医学, 2025, 37(2): 156-159, 189.

[18] 叶晓燕, 雷莉莉. 某医院2020—2022年多重耐药菌监测及感染情况分析[J]. 中国消毒学杂志, 2023, 40(9): 716-718.

[19] 郑丹, 罗淋尹. 某老年病专科医院2018—2021年多重耐药菌监测分析[J]. 检验医学与临床, 2023, 20(10): 1349-1353.

[20] 王铁桥, 李晓帆, 廖炽泉, 等. 我院新生儿无菌体液标本与非无菌体液标本细菌耐药监测对比分析[J]. 广东药科大学学报, 2021, 37(4): 117-121.

[21] 吴珊珊，张慧慧，洪子毓，等. 2017—2019年某三级医院多重耐药菌监测分析[J]. 河南医学高等专科学校学报，2021，33(3)：376-379.

[22] 黄丽华，刘娇，彭雪儿，等. 2019—2021年某肿瘤专科医院院内感染情况分析[J]. 中山大学学报(医学科学版)，2023，44(4)：697-703.

[23] CUSTOVIC A，SIVIC S，AHMETAGIC S. Epidemiological and microbiological control of hospital infections in surgical patients[J]. Medical archives，2011，65(5)：300.

[24] YANG D N，ZHONG L M，HUANG F Q. Clinical effect of standardized nursing for lymphoma patients and the influencing factors of nosocomial infection[J]. Medicine，2023，102(3)：e32624.

[25] 孙玉玲，马颖欣，鲍中英，等. 老年恶性肿瘤患者院内感染和多重耐药菌感染的危险因素研究[J]. 现代预防医学，2021，48(16)：3048-3054.

[26] 韩建庚，路佳，张洁. 恶性肿瘤患者多重耐药菌感染危险因素的研究进展[J]. 现代药物与临床，2021，36(7)：1541-1544.

[27] ZARGAR A，CHANG S，KOTHARI A，et al. Overcoming the challenges of cancer drug resistance through bacterial-mediated therapy[J]. Chronic diseases and translational medicine，2019，5(4)：258-266.

[28] KHAZAAL S S，AL-SARYI N，IBRAHIM S A. Immunomodulation by Acinetobacter baumannii of endotracheal tube biofilm in ventilator-associated pneumonia[J]. Meta gene，2020，24：100672.

[29] 吴明铭，杨海涛，林万尊，等. 恶性肿瘤患者医院感染的特点及危险因素分析[J]. 福建医科大学学报，2020，54(1)：48-52.

[30] 吴超，邵永惠，徐清清，等. 2020—2021年西部地区某综合三甲医院住院患者多重耐药菌流行现况分析[J]. 华南预防医学，2023，49(11)：1467-1471.

[31] LITWIN A，ROJEK S，GOZDZIK W，et al. Pseudomonas aeruginosa device associated-healthcare associated infections and its multidrug resistance at intensive care unit of University Hospital：Polish，8.5-year，prospective，single-centre study[J]. BMC infectious diseases，2021，21(1)：180.

（责任编辑：李晓炜）

(上接第75页)

[16] REN C，SUN K，ZHANG Y，et al. Sodium-glucose cotransporter-2 inhibitor empagliflozin ameliorates sunitinib-induced cardiac dysfunction via regulation of AMPK-mTOR signaling pathway-mediated autophagy[J]. Frontiers in pharmacology，2021，12：664181.

[17] LUQMAN A，HASSAN A，ULLAH M，et al. Role of the intestinal microbiome and its therapeutic intervention in cardiovascular disorder[J]. Frontiers in immunology，2024，15：1321395.

[18] LI Z，JIAN C，LI Y，et al. Clinical benefits of deep inspiration breath-hold in postoperative radiotherapy for right-sided breast cancer：a meta-analysis[J]. Bmc cancer，2024，24：1238.

[19] YANG L，LIU X，YANG W，et al. Effect of shenmai injection on anthracycline-induced cardiotoxicity：a systematic review and meta-analysis[J]. Complementary therapies in medicine，2024，83：103053.

（责任编辑：金　红）