· 论　　著 · Original Article ·

中国现代普通外科进展
Chin J Curr Adv Gen Surg

2025年11月　第28卷　第11期　Nov. 2025　Vol. 28　No. 11

先天性巨结肠患儿术后感染病原菌分布及血清sTREM-1和HMGB1水平的临床意义

郭玉峰[1]　李辉[2]　陈迪祥[1]　张钦明[1]

[1]北京和睦家京北妇儿医院　儿外科　（北京　100101）
[2]北京大学第一医院　儿外科　（北京　100034）

【摘要】目的：探究先天性巨结肠（HD）患儿术后感染病原菌分布及血清可溶性髓系细胞触发受体-1（sTREM-1）、高迁移率族蛋白B1（HMGB1）水平的临床意义。**方法：**选取2021年1月—2025年1月收治的HD患儿98例，根据患儿术后是否并发感染分为感染组（*n*=42）和非感染组（*n*=56）。采用全自动细菌鉴定系统检测HD患儿术后感染部位分泌物标本的病原菌分布情况；采用ELISA法测定血清sTREM-1、HMGB1表达水平；采用ROC曲线分析血清sTREM-1、HMGB1水平对HD患儿重度感染的诊断价值。**结果：**42例感染组患儿共分离49株病原菌，其中革兰氏阴性菌为63.27%（31/49），所占比例最高，其次是革兰氏阳性菌30.61%（15/49）、真菌6.12%（3/49）。革兰氏阴性菌中铜绿假单胞菌占比最高为24.49%（12/49）。轻度感染15例（病原菌15株），中度感染16例（病原菌17株），重度感染11例（病原菌17株）。随着HD患儿术后感染程度加剧，病原菌分布的格局发生变化，逐渐转变为以革兰氏阴性菌感染为主。与非感染组相比，感染组血清sTREM-1、HMGB1水平升高（*P*<0.05）。术后重度感染HD患儿血清sTREM-1、HMGB1水平高于术后轻度、中度HD感染患儿（*P*<0.05）。血清sTREM-1、HMGB1两者联合诊断HD患儿术后重度感染的AUC最高，为0.985，优于血清sTREM-1、HMGB1单独诊断（$Z_{两者联合-sTREM-1}$=1.988，*P*=0.047；$Z_{两者联合-HMGB1}$=2.126，*P*=0.034）。**结论：**HD术后感染患儿血清sTREM-1、HMGB1水平升高，病原菌以革兰氏阴性菌为主，两者联合检测为临床诊断HD患儿术后重度感染提供参考。

【关键词】先天性巨结肠•术后感染•病原菌分布•可溶性髓系细胞触发受体-1•高迁移率族蛋白B1
【中图分类号】R656.9
【文献标识码】A　DOI: 10.3969/j.issn.1009-9905.2025.11.005
【文章编号】1009-9905(2025)11-0865-05

Distribution of pathogenic bacteria causing postoperative infections in children undergoing surgery for Hirschsprung´s disease and clinical significance of serum sTREM-1 and HMGB1

GUO Yu-feng[1], LI Hui[2], CHEN Di-xiang[1], ZHANG Qin-ming[1]

[1]Department of Pediatric Surgery, Beijing United Family Hospital(Beijing 100101, China)
[2]Department of Pediatrics, Peking University First Hospital(Beijing 100034, China)

【ABSTRACT】*Objective:* To explore the distribution of pathogenic bacteria causing postoperative infections in children undergoing surgery for Hirschsprung's disease (HD), and the clinical significance of serum triggering receptor expressed on myeloid cells-1 (sTREM-1) and high mobility group box 1 (HMGB1). ***Methods:*** 98 children with HD admit-

[通信作者]张钦明，E-mail: zhang.qinming@ufh.com.cn

ted from January 2021 to January 2025 were divided into infection group (*n*=42) and non-infection group (*n*=56) according to whether the children were complicated with infection after operation. Automatic bacterial identification system was used to detect the distribution of pathogenic bacteria in secretion samples from infected sites of HD children after operation. ELISA was used to measure serum sTREM-1 and HMGB1. ROC was used to explore the diagnostic value of serum sTREM-1 and HMGB1 for severe infection in children with HD. **Results:** A total of 49 strains of pathogenic bacteria were isolated from 42 children with HD in infection group, of which 63.27%(31/49) were gram-negative bacteria, accounting for the highest proportion, followed by Gram positive bacteria at 30.61% (15/49) and fungi at 6.12% (3/49). Among them, Pseudomonas aeruginosa had the highest proportion of 24.49% (12/49) among Gram negative bacteria. there were 15 cases of mild infection (15 strains of pathogens), 16 cases of moderate infection (17 strains of pathogens) and 11 cases of severe infection (17 strains of pathogens). With the aggravation of the infection degree of HD children, the distribution pattern of pathogenic bacteria changed, and gradually changed to mainly gram-negative bacteria infection. Compared with non infected group, the levels of serum sTREM-1 and HMGB1 in infected group were higher ($P<0.05$). The levels of serum sTREM-1 and HMGB1 in children with severe HD infection are higher than those in children with mild and moderate HD infection ($P<0.05$). The AUC of the combined diagnosis of serum sTREM-1 and HMGB1 for severe infection in HD children was the highest, at 0.985, which was superior to the separate diagnosis of serum sTREM-1 and HMGB1 ($Z_{combination-sTREM-1}=1.988$, $P=0.047$; $Z_{combination-HMGB1}=2.126$, $P=0.034$). **Conclusion:** Serum sTREM-1 and HMGB1 are elevated in HD children with postoperative infection, and the pathogenic bacteria are mainly gram-negative bacteria. In addition, the combined detection of the two provides a reference for the clinical diagnosis of severe infection in HD children.

【KEY WORDS】Hirschsprung's disease•Postoperative infection•Distribution of pathogenic bacteria•sTREM-1•HMGB1

先天性巨结肠(Hirschsprung's disease, HD)是一种较为严重的先天性消化道畸形,患病率为1/5000,其主要病理改变是结肠远端肠壁内神经节细胞缺如,导致肠管持续痉挛,进而引发近端肠管扩大增粗肥厚和功能性肠梗阻,严重影响儿童的生理发育,目前仍缺乏系统制定的指南来协助临床诊断和管理决策[1-2]。HD特征是肠肌间神经丛和黏膜下神经丛中没有神经节细胞,通常通过手术切除无神经节肠段和将正常支配的肠段连接到肛门来重建肠道,同时保持正常的括约肌功能[3]。目前治疗HD的主要方法是外科手术,但术后存在较高的吻合口感染风险,对HD患儿的预后产生不良影响[4-5]。因此,在HD患儿术后治疗进程中对术后感染情况进行及时有效评估并干预控制,对于改善HD患儿预后具有重要临床价值[6]。可溶性髓系细胞触发受体-1(soluble triggering receptor expressed on myeloid cells-1, sTREM-1)是一种存在于中性粒细胞、单核细胞和巨噬细胞表面的受体,在感染和炎症过程中发挥重要作用[7]。高迁移率族蛋白B1(high mobility group box 1, HMGB1)是一种高度保守的核蛋白,可由粒细胞或坏死细胞释放到细胞外基质中,在感染期间作为趋化性细胞因子[8]。sTREM-1、HMGB1作为感染相关指标在多种疾病中研究,但目前关于sTREM-1、HMGB1在HD术后感染中的研究还相对较少,因此,本研究旨在探讨HD患儿血清sTREM-1、HMGB1水平及术后感染患儿的病原菌分布情况,为HD临床研究提供参考。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取2021年1月—2025年1月北京和睦家京北妇儿医院收治的HD患儿98例,根据患儿术后是否并发感染[9]分为感染组(*n*=42)和非感染组(*n*=56),并根据感染组患儿感染程度分为轻度、中度、重度[10]。纳入标准:(1)均符合HD诊断标准[11];(2)年龄≤14岁;(3)手术顺利完成。排除标准:(1)合并恶性肿瘤;(2)合并血液系统疾病;(3)合并其他先天性疾病、遗传性疾病、免疫性疾病;(4)心、脑、肝、肾等重要器官功能不全;(5)近3个月内使用过干扰素、抗炎药物;(6)合并其他消化系统疾病;(7)存在认知功能障碍。感染组和非感染组年龄、性别等一般资料差异无统计学意义($P>0.05$),见表1。本研究经HD患儿监护人签署知情同意书,并经医院伦理委员会批准(DTUEC 2025-03-002-K01)。

1.2 方法

1.2.1 病原菌鉴别方法 采集HD患儿术后感染部位分泌物标本,并立即送至实验室进行检测分析。按照全国临床检验操作规程,将样本接种于血琼脂、麦康凯琼脂平板上,置于37 ℃恒温培养箱中培养24~48 h以分离纯化病原菌株。培养结束后,观察各菌落的生长特征,并对菌落进行革兰氏染色处

表1　两组先天性巨结肠患儿一般资料比较

组别	例数	年龄（岁，$\bar{x}\pm s$）	性别[男，例(%)]	BMI（kg/m^2，$\bar{x}\pm s$）	分型[例(%)]			手术方法[例(%)]		
					普通型	短段型	长段型	Swenson手术	Soave手术	Duhamel手术
感染组	42	8.72±2.36	19(45.24)	21.16±1.34	30(71.43)	9(21.43)	3(7.14)	31(73.81)	7(16.67)	4(9.52)
非感染组	56	9.15±2.18	23(41.07)	20.96±1.38	35(62.50)	16(28.57)	5(8.93)	39(69.64)	12(21.43)	5(8.93)
χ^2/t值		0.933	0.170	0.719		0.862			0.348	
P值		0.353	0.680	0.474		0.650			0.840	

理，以初步判断细菌的染色特性。采用VITEK Ⅱ型全自动细菌鉴定系统（法国生物梅里埃公司），对分离得到的细菌进行全面的生化特性检测，以实现细菌种属的精准鉴定。

1.2.2　血清sTREM-1、HMGB1水平检测　采集感染组和非感染组患儿空腹静脉血3 mL，以3500 r/min转速离心处理5 min，取血清标本，置于-80 ℃冰箱保存。采用ELISA法检测血清sTREM-1、HMGB1水平，检测操作严格按照试剂盒（货号：JL18244-96T、JL13693-96T，上海将来实业股份有限公司）说明书进行。

1.3　统计学处理　采用SPSS27.0软件，符合正态分布的计量资料以$\bar{x}\pm s$表示，组间差异用独立样本t检验，多组比较采用单因素方差分析（SNK-q检验两两比较）；计数资料以例数或百分比（%）表示，组间差异用χ^2检验。ROC曲线分析血清sTREM-1、HMGB1水平对HD患儿重度感染的诊断效能。P<0.05表示差异有统计学意义。

2　结果

2.1　感染组病原菌分布情况　由表2可知，42例感染组HD患儿共分离49株病原菌，其中革兰氏阴性菌占63.27%（31/49），所占比例最高；其次是革兰氏阳性菌30.61%（15/49）、真菌6.12%（3/49）。革兰氏阴性菌中铜绿假单胞菌占比最高，为24.49%（12/49）。

2.2　不同感染程度HD患儿的病原菌构成比　由表3可知，42例HD术后感染患儿，分为轻度感染15例（检出病原菌15株），中度感染16例（检出病原菌17株），重度感染11例（检出病原菌17株）。不同感染程度患儿革兰氏阴性菌、革兰氏阳性菌、真菌在病原菌构成中的比例差异均无统计学意义（P>0.05），随着HD患儿感染程度加剧，病原菌分布的格局发生变化，由革兰氏阳性菌感染为主逐渐转变为革兰氏阴性菌感染为主。

2.3　血清sTREM-1、HMGB1水平　与非感染组相比，感染组血清sTREM-1、HMGB1水平升高，差异有统计学意义（P<0.05）。见表4。

2.4　不同感染程度HD患儿血清sTREM-1、HMGB1水平　由表5可知，术后重度感染HD患儿血清sTREM-1、HMGB1水平高于术后轻度、中度感染HD患儿，差异有统计学意义（P<0.05）。

2.5　血清sTREM-1、HMGB1对HD患儿重度感染的诊断价值　以HD患儿术后感染的严重程度作为状态分类变量，将其定义为二分类指标（1="重度"，0="轻度、中度"），以sTREM-1、HMGB1为检验变量，绘制ROC曲线（见图1、表6）。sTREM-1诊断HD患儿术后重度感染的截断值为633.73 pg/mL，

表2　感染组先天性巨结肠患儿病原菌分布情况

病原菌	株数	构成比(%)
革兰氏阴性菌（n=31）		
铜绿假单胞菌	12	24.49
肺炎克雷伯菌	7	14.29
鲍氏不动杆菌	6	12.24
大肠埃希菌	4	8.16
阴沟肠杆菌	2	4.08
革兰氏阳性菌（n=15）		
金黄色葡萄球菌	9	18.37
肠球菌属	3	6.12
草绿色链球菌	2	4.08
表皮葡萄球菌	1	2.04
真菌（n=3）		
白假丝酵母菌	2	4.08
热带假丝酵母菌	1	2.04
合计	49	100

表3　不同感染程度先天性巨结肠患儿的病原菌构成比

组别	株数	革兰氏阴性菌（n=31）		革兰氏阳性菌（n=15）		真菌（n=3）	
		株数	构成比(%)	株数	构成比(%)	株数	构成比(%)
轻度	15	7	22.58	8	53.33	0	0
中度	17	12	38.71	4	26.67	1	33.33
重度	17	12	38.71	3	20.00	2	66.67
χ^2值		2.563		5.392		1.922	
P值		0.278		0.067		0.383	

表4　两组先天性巨结肠患儿血清sTREM-1、HMGB1水平(pg/mL)

组别	例数	sTREM-1	HMGB1
感染组	42	566.31±70.30	2230.08±258.01
非感染组	56	389.15±51.21	1645.16±185.54
t值		14.439	13.058
P值		<0.001	<0.001

表5　不同感染程度先天性巨结肠患儿血清sTREM-1、HMGB1水平(pg/mL)

感染程度	例数	sTREM-1	HMGB1
重度	11	695.51±79.22[ab]	2685.47±282.72[ab]
中度	16	581.24±71.61[a]	2256.54±258.61[a]
轻度	15	455.65±62.35	1867.91±239.24
*F*值		37.258	31.903
*P*值		<0.001	<0.001

a：与轻度感染比较，*P*<0.05；b：与中度感染比较，*P*<0.05。

AUC为0.862；HMGB1诊断HD患儿术后重度感染的截断值为2524.37 pg/mL，AUC为0.856；血清sTREM-1、HMGB1两者联合诊断HD患儿术后重度感染的AUC最高，为0.985，优于血清sTREM-1、HMGB1单独诊断（$Z_{两者联合-sTREM-1}$=1.988，*P*=0.047；$Z_{两者联合-HMGB1}$=2.126，*P*=0.034），敏感度90.91%，特异度为96.77%。

表6　血清sTREM-1、HMGB1对先天性巨结肠患儿重度感染的诊断效能

指标	AUC	截断值（pg/mL）	95% *CI*	敏感度（%）	特异度（%）	Youden指数
sTREM-1	0.862	633.73	0.721~0.949	63.64	93.55	0.572
HMGB1	0.856	2524.37	0.714~0.945	63.64	96.77	0.604
两者联合	0.985		0.889~0.999	90.91	96.77	0.877

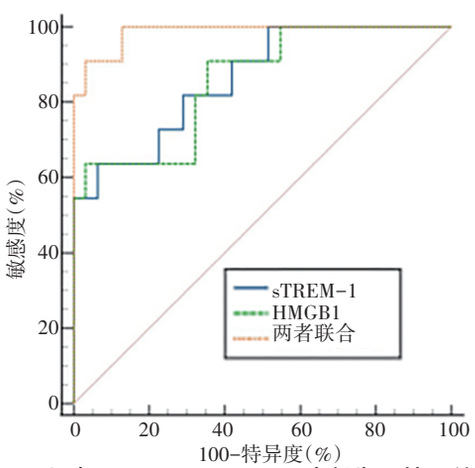


图1　血清sTREM-1、HMGB1诊断先天性巨结肠患儿重度感染的ROC曲线

3　讨论

HD是一种神经嵴病，通常在出生后迅速出现，其发病机制源于神经嵴细胞在增殖、存活等过程中出现异常，导致肠道神经节硬化症，国内尚无HD的病原学研究[12]。关于HD的治疗通常是手术治疗，但由于HD解剖位置的特殊性，手术治疗创伤性较大，术后发生感染的概率较高。本研究发现，42例HD术后感染患儿，共分离49株病原菌，病原菌类型以革兰氏阴性菌为主。随着感染程度加剧，病原菌分布的格局发生变化，由革兰氏阳性菌感染为主逐渐转变为革兰氏阴性菌感染为主，与既往相关研究结论[6]相契合。由革兰氏阴性菌引起的HD术后感染，其病情严重程度可能较为严重[13]。因此，在HD患儿围手术期需积极开展革兰氏阴性菌感染预防性干预措施，以降低感染风险。

sTREM-1在炎症和免疫反应中起关键作用，可以激活中性粒细胞和单核细胞，促进炎症因子释放，加重炎症反应[14]。sTREM-1是由细菌或真菌感染触发的炎症反应放大器，通过调节NF-κB信号转导，促进细胞凋亡，可用于诊断脓毒症[15]。汤斌等[16]研究发现，胫骨骨折术后感染患者sTREM-1升高，具有一定的早期预测价值。Tang等[17]研究表明，sTREM-1是胃肠道手术后肺部感染的危险因素。Gu等[18]研究表明，颅脑损伤后肺部感染患者外周血sTREM-1水平升高，对颅脑损伤后肺部感染具有特异性的诊断和预后价值。HMGB1是一种广泛分布在真核细胞中的非组蛋白核蛋白，在主动分泌或被动释放后，细胞外HMGB1通常充当损伤相关分子模式的分子，通过不同的受体或直接摄取来调节炎症和免疫反应[19]。在HD术后感染中HMGB1升高可能是机体对感染的一种应激反应，参与了炎症反应调控，促进感染发展。刘爽等[20]研究表明，血清HMGB1水平高表达，对ICU重症颅脑损伤术后肺部感染具有一定预测价值。Hou等[21]研究表明，HMGB1可用作肾结石患者经皮肾镜取石术后脓毒症的预测指标。本研究显示，感染组血清sTREM-1、HMGB1水平高于未感染组，且重度感染HD患儿血清sTREM-1、HMGB1水平高于轻度、中度感染HD患儿。提示了sTREM-1、HMGB1在HD术后感染过程中起着重要作用，可能与HD术后感染的发生发展有关。然而，关于sTREM-1、HMGB1对HD术后感染的具体影响机制还尚未明确，有待后期进一步论证。

ROC曲线显示，sTREM-1、HMGB1两者联合诊断HD患儿术后重度感染的AUC最大，敏感度升高为90.91%。这表明血清sTREM-1、HMGB1两者联合检测可为临床诊断HD术后重度感染患儿提供重要参考。与单一指标相比，血清sTREM-1、HMGB1联合诊断可以提高诊断的准确性和可靠性，有助于临床医师及时准确判断HD患儿的感染程度，制定合理的治疗方案。

综上所述，HD术后感染患儿血清sTREM-1、HMGB1水平升高，病原菌以革兰氏阴性菌为主，两者联合检测为临床诊断HD患儿重度感染提供了参

考。临床应加强对HD患儿围手术期的感染预防，密切监测血清sTREM-1、HMGB1水平变化，及时发现感染并采取有效治疗措施，以改善患儿预后。本研究受样本量较少的限制，对于研究结论能否直接应用于临床实践尚无法得出确定性判断，后续研究需纳入更大规模的受试群体，进行随机、双盲试验等，验证本研究结果的可行性，并进一步深入探讨sTREM-1、HMGB1在HD术后感染中的作用机制，以及与其他炎症指标的关系，为临床治疗提供更加科学的依据。

参 考 文 献

[1] Kyrklund K, Sloots CEJ, de Blaauw I, et al. ERNICA guidelines for the management of rectosigmoid Hirschsprung's disease[J]. Orphanet J Rare Dis, 2020, 15(1): 164-172. DOI: 10.1186/s13023-020-01362-3.

[2] 王国辉，王赞，邢扩，等.先天性巨结肠腹腔镜辅助改良Soave术后吻合口瘘原因及防治[J].中国现代普通外科进展，2024，27(11)：920-922. DOI: 10.3969/j.issn.1009-9905.2024.11.019.

[3] Montalva L, Cheng LS, Kapur R, et al. Hirschsprung disease[J]. Nat Rev Dis Primers, 2023, 9(1): 54-63. DOI: 10.1038/s41572-023-00465-y.

[4] 郗琦，李国翠，赵晓琼.腹腔镜经肛改良Soave术治疗先天性巨结肠的效果[J].中国现代普通外科进展，2024，27(11)：906-908. DOI: 10.3969/j.issn.1009-9905.2024.11.015.

[5] Jiao C L, Di Z S , He Y, et al. Transanal full-thickness pull-through approach in the treatment of anastomotic leakage after operation for Hirschsprung disease[J]. Pediatr Surg Int, 2022, 38(9): 1263-1271. DOI: 10.1007/s00383-022-05164-5.

[6] 罗若谷，徐泉，赵静儒，等.先天性巨结肠术后感染病原菌分布及血清SDF-1、IL-8、IL-17水平变化的临床意义[J].海南医学，2021，32(6)：718-722. DOI: 10.3969/j.issn.1003-6350.2021.06.011.

[7] Doughty C, O'Driscoll DN, Smith S, et al. Soluble triggering receptor expressed on myeloid cells-1 (sTREM-1) in neonatal sepsis[J]. J Matern Fetal Neonatal Med, 2022, 35(13): 2485-2492. DOI: 10.1080/14767058.2020.1786520.

[8] Xue J, Suarez JS, Minaai M, et al. HMGB1 as a therapeutic target in disease[J]. J Cell Physiol, 2021, 236(5): 3406-3419. DOI: 10.1002/jcp.30125.

[9] Miller JM, Binnicker MJ, Campbell S, et al. A guide to utilization of the microbiology laboratory for diagnosis of infectious diseases: 2018 update by the infectious diseases society of America and the American society for microbiology[J]. Clin Infect Dis, 2018, 67(6): 813-816. DOI: 10.1093/cid/ciy584.

[10] Abbo LM, Grossi PA, AST ID Community of Practice. Surgical site infections: guidelines from the american society of transplantation infectious diseases community of practice[J]. Clin Transplant, 2019, 33(9): 1-66. DOI: 10.1111/ctr.13589.

[11] 中华医学会小儿外科学分会肛肠学组、新生儿学组.先天性巨结肠的诊断及治疗专家共识[J].中华小儿外科杂志，2017，38(11)：805-815. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-3006.2017.11.002.

[12] Klein M, Varga I. Hirschsprung's disease-recent understanding of embryonic aspects, etiopathogenesis and future treatment avenues [J]. Medicina (Kaunas), 2020, 56(11): 611-625. DOI: 10.3390/medicina56110611.

[13] Tang W, Su Y, Yuan C, et al. Prospective study reveals a microbiome signature that predicts the occurrence of post-operative enterocolitis in Hirschsprung disease (HSCR) patients[J]. Gut Microbes, 2020, 11(4): 842-854. DOI: 10.1080/19490976.2020.1711685.

[14] Lin J, Kang Z, Lin Y, et al. Predictive values of serum amyloid A, toll-like receptor 4, and sTREM-1 for ventilator-associated pneumonia in elderly patients undergoing abdominal surgery with tracheal intubation and general anesthesia[J]. World J Surg, 2024 ,48(10): 2383-2390. DOI: 10.1002/wjs.12343.

[15] Pan P, Liu X, Wu L,et al. TREM-1 promoted apoptosis and inhibited autophagy in LPS-treated HK-2 cells through the NF-κB pathway[J]. Int J Med Sci, 2021,18(1): 8-17. DOI: 10.7150/ijms.50893.

[16] 汤斌，栾兆新，王志震，等.NAP和SDF-1与sTREM-1对胫骨骨折术后感染的预测价值[J].中华医院感染学杂志，2023，33(19)：2968-2972. DOI: 10.11816/cn.ni.2023-222238.

[17] Tang D, Ge H, Tan Z, et al. The factors for the occurrence of pulmonary infection after gastrointestinal surgery and the construction of a predictive model using sTREM-1 and TIM-4: a retrospective study [J]. Ann Ital Chir, 2024, 95(3): 299-307. DOI: 10.62713/aic.3362.

[18] Gu L, Zhen Y, Huang Z, et al. Analysis of pathogen distribution and sTREM-1 and miR-126 levels in patients with pulmonary infection after craniocerebral injury[J]. Technol Health Care, 2025, 33 (1): 157-165. DOI: 10.3233/THC-240749.

[19] Chen R, Kang R, Tang D. The mechanism of HMGB1 secretion and release[J]. Exp Mol Med, 2022, 54 (2): 91-102. DOI: 10.1038/s12276-022-00736-w.

[20] 刘爽，王晶，王睿，等.ICU重症颅脑损伤术后肺部感染病原菌与血清HMGB1、ICAM-1、miR-126、miR-16表达及其意义[J].中华医院感染学杂志，2024，34(13)：1992-1996. DOI:10.11816/cn.ni.2024-231647.

[21] Hou HF, Liu Y, Zhang X, et al. The value of postoperative HLA-DR expression and high mobility group box 1 level in predictive diagnosis of sepsis in percutaneous nephrolithotomy surgery[J]. Ren Fail, 2022, 44(1): 1338-1344. DOI: 10.1080/0886022X.2022.2107541.

（收稿日期：2025-06-06）