

2022—2024 年南通市某医院临床分离细菌分布及耐药监测

桑玉玉¹ 沈旭峰² 曹晶晶¹ 曹红艳¹ 喻海忠^{1*}

1. 南通市中医院检验科 江苏南通 226001

2. 如东县中医院检验科 江苏南通 226400

摘要: 目的 了解 2022—2024 年南通市某医院临床分离菌株的分布及耐药情况,为临床用药预警及抗菌药物选用提供依据,降低多重耐药菌的感染及流行。方法 回顾性分析南通市某医院微生物室 2022 年 1 月 1 日—2024 年 12 月 31 日门诊及住院患者送检标本的菌株培养鉴定及药敏试验结果。根据美国临床和实验室标准化协会 (CLSI) 更新标准,分析各菌株在体外的药敏试验数据。结果 本实验室共分离非重复菌株 46353 株。其中,阳性菌株共 6148 株(革兰阳性菌占 29.5%,革兰阴性菌占 70.5%)。微生物标本送检科室前三为:呼吸科、肛肠科及泌尿外科。标本来源前四为:呼吸道(痰液、支气管和肺泡灌洗液、咽拭子),中段尿,全血及创面分泌物。病原菌检出率前四为:革兰氏染色阴性的大肠埃希菌、肺炎克雷伯杆菌、铜绿假单胞菌,及革兰氏染色阳性的金黄色葡萄球菌。本院检出的多重耐药菌株前四位为:耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌(CRE, 25.4%),耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA, 18.1%),耐碳青霉烯类铜绿假单胞菌(CRPA, 17.4%),耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌细菌(CRAB, 13.5%)。多重耐药菌标本多来源于 ICU、呼吸科及老年病科,多分布于呼吸道、中段尿及创面分泌物。结论 该院分离的菌株以革兰阴性菌为主,大肠埃希菌占比最高,多重耐药菌中 CRE 占比突出。不同细菌的耐药性差异较大,动态监测菌株分布及耐药性对合理用药及感染控制等方面具有重要指导意义。

关键词: 菌株;细菌耐药;药敏试验;耐药性;抗菌药物

细菌感染一直都威胁着人类健康。尤其近年来,随着抗菌药物的广泛及不合理应用,细菌耐药率越来越高,给临床疾病治疗带来极大困难^[1]。世界卫生组织 WHO 在全球抗菌药物耐药监测报告中指出,细菌耐药现已成为人类社会三大死亡原因之一,每年约有 70 万人死于耐药菌感染^[2-3]。本研究回顾分析了 2022—2024 年本院菌株的检出、分布及耐药情况,以期为临床合理使用抗菌药物,提高诊疗效率提供实验室参考数据。

1. 资料与方法

1.1 一般资料

回顾性分析 2022 年 1 月—2024 年 12 月南通市某医院微生物室检测的门诊及住院患者送检的微生物标本检出、分布及耐药情况。同一患者同一部位多次培养结果相同者,取首次菌种培养结果。

1.2 细菌鉴定和药敏试验方法

本研究严格按照微生物标准操作规程操作。细菌鉴定使用 DL-96II 细菌测定系统及 Smart MS 5020 全自动生物质谱检测仪,药敏试验采用 DL-96II 细菌测定药敏系统检测。

药敏结果根据美国临床实验室和标准协会当年有效标准进行判定,结果判定为耐药、中介、敏感。鉴定药敏卡型号为 DL-96 试剂板,均购置于珠海迪尔生物工程股份有限公司。质控菌株为大肠埃希菌 ATCC25922,购自国家卫生健康委员会临床检验中心。质谱法结果的准确性通过与国家临床检验中心室间质评结果进行比对验证。

1.3 数据采用 SPSS 22.0 软件进行分析。

2 结果

2.1 微生物质谱分析的准确性

本实验室 2022—2024 年均参加了国家卫生健康委员会临床检验中心举办的高级微生物室间质评活动。质评结果回报显示,本室参加的 25 株标本除了 3 株不需使用质谱分析,其余 22 株均与标准菌株符合。

2.2 菌株检出概况

2022—2024 年共分离非重复菌株 46353 株,阳性菌株 6148 株。其中,革兰阳性菌占比 29.5%,革兰阴性菌占比 70.5%。每年送检的菌株阳性率占比分别为 17.2%、14.3%、10.3%。其变化均无统计学意义($P>0.5$)。

2.3 菌株分布

2.3.1 菌株科室来源分布

2022–2024 年微生物标本送检科室前三名均为：呼吸科（10911 株、15462 株、19980 株）、肛肠科（1879 株、2212 株、2057 株）及泌尿外科（584 株、622 株、607 株）。

2.3.2 检出菌株标本来源分布

2022–2024 年微生物室分离出的菌株在各类标本中分布前四名的分别为：呼吸道标本（痰液、支气管和肺泡灌洗液、咽拭子），中段尿标本，全血标本及创面分泌物标本。见表 1。

表 1 2022–2024 年临床分离菌株来源百分比

2022 年	2023 年	2024 年
中段尿 43%	呼吸道 44%	上呼吸道 42%
上呼吸道 28%	中段尿 37%	中段尿 24%
全血 10%	全血 8%	全血 17%
创面分泌物 7%	创面分泌物 4%	创面分泌物 9%

注：标本来源百分比 = (本年度送检的该标本类型菌株标本数 / 该年度送检的所有菌株标本数) * 100%

2.4 细菌检出

2.4.1 一般细菌检出

2022–2024 年微生物分离出的菌株检出率前四位均是大肠埃希菌（21%、21%、25%）、肺炎克雷伯杆菌（19%、21%、19%）、铜绿假单胞菌（9%、10%、10%）、金黄色葡萄球菌（8%、7%、6%）。注：主要病原菌种百分比 = (本年度检出该菌种数 / 本年度分离出的所有菌株数) * 100%

2.4.2 多重耐药菌检出

2022–2024 年共分离多重耐药菌株 891 株，分别为 302 株、330 株、259 株。P>0.5，差异无统计学意义。

本院检出的多重耐药菌株标本来源多见于 ICU、呼吸科及老年病科。多重耐药菌的分布多见于呼吸道、中段尿及创面分泌物的标本。多重耐药菌株前四位分别为耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌（CRE）、耐甲氧西林金黄色葡萄球菌（MRSA）、耐碳青霉烯类铜绿假单胞菌（CRPA）、耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌细菌（CRAB）等。见表 2。

表 2 2022–2024 年临床分离的多重耐药菌概况

年份 多重耐药菌种 (%)	2022 年	2023 年	2024 年	总计
CRE	21.9	30.0	23.6	25.4
MRSA	19.2	14.8	20.8	18.1
CRPA	16.6	20.9	13.9	17.4
CRAB	7.0	13.0	17.8	13.5

2.5 动态微生物药敏库

随着抗生素的广泛使用，细菌耐药率不断发生变化，本院在 LIS 中进行设置，可根据检测时间、标本类型等查证，为临床及时提供用药预测。如图 1。



图 1 LIS 系统实时查询某种细菌的动态耐药性

3 讨论

为验证实验结果准确性，本实验室连续多年参加国家卫健委临检中心举办的高级微生物质评活动，准确率 100%。2022—2024 年本实验室共分离非重复菌株 46353 株，革兰阴性菌占 70.5%，与邓劲等^[4]研究结论较为一致；与全国细菌耐药监测报告^[5-7]显示一致。送检菌株中，检出率前四位的分别是大肠埃希菌、肺炎克雷伯杆菌、铜绿假单胞菌及金黄色葡萄球菌。临床分离出的阳性菌株主要来源于呼吸道、中段尿和创面分泌物等，这与本院专科特色为呼吸、泌尿及蛇伤科相关。研究报告指出^[8-9]，提升微生物标本的送检质量，尽量避免标本受到杂菌污染，可有效降低患者使用抗菌药物时间及剂量，降低院内感染及多重耐药菌发生率。因此，我院应加强微生物标本的送检质量管理，进一步提高临床治疗率。

本研究发现，肠杆菌科细菌是本实验室分离出的重要菌种。其具有极强的适应性和耐药基因交换能力，因此能引起人类多种疾病，如泌尿、血液系统疾病等。随着抗菌药物广泛使用，耐药性问题日益严重^[10-11]。肠杆菌科细菌最重要的耐药机制为产 ESBL（广谱 β -内酰胺酶）和碳青霉烯酶。这些酶可通过水解 β -内酰胺环使青霉素类和头孢菌素失活，显著削弱临床的治疗功效。CRE 对环丙沙星、青霉素等具有较强的耐药性，严重威胁着全球人类健康。本院 3 年间检出的大肠埃希菌及肺炎克雷伯杆菌占比较全国细菌耐药监测报告^[5-7]明显降低，但 CRE 占比较高。鲍曼不

动杆菌的耐药性机制较为复杂,主要与其膜通透性降低和多药外排泵的高表达有关。其检出率与大肠埃希菌相似,均较低。但 CRAB 占比较高,可能与社区获得性耐药感染增多有关,致使本院院内感染防控压力过大。

本次分析发现,三年间检出的 MRSA 菌株中未有万古霉素、利奈唑胺和替考拉宁耐药菌株,因此临床可用于治疗 MRSA 感染的经验抗菌药物(耐药率 <25%)为万古霉素、利奈唑胺、替考拉宁等。且 MRSA 三年检出率均低于全国细菌耐药监测报告^[4-6]。可能与本单位建立了本院专属的微生物药敏数据库,在最终药敏结果检测出来之前先发出初步报告提供给临床经验用药有关。

综上所述,本回顾性分析结果与袁光英^[12]的研究结果较为一致。运用质谱分析检测菌株标本,可提高临床微生物的检测速度,结合本院在 LIS 系统中建立的动态微生物药物敏感库,为临床经验用药提供了有力支撑,缩短时间成本。同时,通过对标本菌株的来源、分布、检出情况及耐药性监测等综合分析,可为临床合理用药提供科学依据,优化用药方案,提高感染性疾病的治疗效果,降低抗生素滥用及多重耐药菌流行暴发的风险,从而有利于本院在 DRG(疾病诊断相关分组)模式下控制成本,更好地服务于江海人民。

参考文献:

- [1] 陈如寿,钟佳芳,石挺丽,等. 三亚某三甲医院耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌耐药性及分子流行病学特征[J]. 中华医院感染学杂志, 2024, 34(8): 1134-1139.
- [2] Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis[J]. Lancet, 2022, 399(10325): 629-655.
- [3] Clinical and Laboratory Standards Institute(CLSI). Performance standards for antimicrobial susceptibility testing[S]. 31st ed, Pennsylvania: CLSI supplement M100, 2021.
- [4] 邓劲,杨锦华,康梅. 2019 年某综合性医院细菌耐药监测数据分析[J]. 中国抗生素杂志, 2022, 47(4): 405-411.
- [5] 全国细菌耐药监测网. 2021 年全国细菌耐药监测报告(简要版)[EB/OL]. (2023-01-10)[2024-10-10]. [https://www.](https://www.carss.cn/Report/Details/862)

[carss.cn/Report/Details/862](https://www.carss.cn/Report/Details/862).

- [6] 全国细菌耐药监测网. 2022 年全国细菌耐药监测报告(简要版)[EB/OL]. (2023-11-20)[2024-10-10]. [https://www.](https://www.carss.cn/Report/Details/917)
 - [7] 全国细菌耐药监测网. 2023 年全国细菌耐药监测报告(简要版)[EB/OL]. (2024-11-18)[2024-11-26]. [carss.cn/Report/DetailsId=978](https://www.carss.cn/Report/DetailsId=978).
 - [8] 2018 年全国细菌耐药监测报告[J]. 中国合理用药探索, 2020, 17(1): 1-10.
 - [9] 王文君,赵允伍,王玲玲等. DRG 结算与非 DRG 结算病例医疗质量及医疗费用差异性分析[J]. 中国医院, 2025, 29(5): 53-57.
 - [10] 崔晶晶,李丽,王凤,等. 耐碳青霉烯类肠杆菌的耐药情况分析[J]. 中国科技期刊数据库医药, 2025, (4): 137-140.
 - [11] BROWNE AJ, KASHEFHAMADANI B H, KUMARAN E A P, et al. Drug-resistant enteric fever worldwide, 1990 to 2018: a systematic review and meta-analysis[J]. BMC Med, 2020, 18(1): 1.
 - [12] 袁光英,王孟龙,俞晓兰等. 细菌耐药机理及应对策略[J]. 国外医药(抗生素分册), 2025, 46(2): 107-115.
- 作者简介:** 第一作者: 桑玉玉(1987-)女,汉族,江苏省南通市,研究生,南通市中医院,副主任,研究方向: 分子生物学、微生物学。通讯作者: 喻海忠(1967-)男,汉族,江苏省南通市,本科,南通市中医院,主任,研究方向: 微生物学、分子生物学。
- 作者:** 沈旭峰(1985-)男,汉族,江苏省南通市,本科,如东县中医院,副主任,研究方向: 微生物学。
- 作者:** 曹晶晶(1982-)男,汉族,江苏省南通市,本科,南通市中医院,副主任,研究方向: 微生物学。
- 作者:** 曹红艳(1984-)女,汉族,江苏省南通市,本科,南通市中医院,副主任,研究方向: 免疫学。
- 基金项目:** 南通市中医医疗联盟课题
- 课题名称:** 建立一种血液微生物快速鉴定及药敏检测系统; 课题编号: TZYK202305