·论著·

我国重症监护病房成人血流感染患者的现况分析：一项全国多中心队列研究

杨曙光[1]　孙瑶[1]　王婷[1]　张华[2]　孙薇[3]　安友仲[1]　赵慧颖[1]

[1]北京大学人民医院重症医学科，北京 100044；[2]北京大学第三医院临床流行病学研究中心，北京 100191；[3]北京大学国际医院重症医学科，北京 102206

通信作者：赵慧颖，Email：zhaohuiying@pku.edu.cn

【摘要】 目的 分析我国重症监护病房（ICU）成人血流感染患者的病例特点、微生物学分析和耐药情况。**方法** 采用前瞻性队列研究方法，收集 2021 年 7 月 1 日至 2022 年 12 月 31 日我国 16 个省市 67 家医院在 ICU 住院期间可疑血流感染的成人患者的临床资料。通过电子数据采集技术收集入住 ICU 患者的性别、年龄、住院时间等一般资料，以及诊断结果、实验室检查、影像学检查、微生物学结果（包括涂片、培养结果、病原体高通量检测）和预后情况。根据有无血流感染将纳入患者分为血流感染组和无血流感染组；再根据有无耐药将血流感染患者分为耐药组和非耐药组。分析并比较各组间上述指标的差异；将单因素分析中 $P<0.10$ 的变量纳入多因素 Logistic 回归分析，寻找 ICU 血流感染患者死亡和耐药的危险因素。**结果** 共有 2 962 例 ICU 可疑血流感染患者参与研究，其中血流感染组 790 例，无血流感染组 2 172 例。血流感染组患者主要来自华东地区和西南地区，其年龄和病死率均明显高于无血流感染组患者。ICU 血流感染患者中，葡萄球菌检出率最高（8.10%），其次是肺炎克雷伯菌（7.47%）；其中耐药组 169 例，非耐药组 621 例；存活 666 例，死亡 124 例（病死率为 15.70%）。死亡组与存活组患者在年龄、地域分布以及革兰阴性（G^-）杆菌、屎肠球菌、曲霉菌、肺炎克雷伯菌血流感染方面比较差异均有统计学意义；多因素 Logistic 回归分析显示，年龄〔优势比（*OR*）=1.01，95% 可信区间（95%*CI*）为 1.00～1.03〕、地域分布（*OR*=4.07，95%*CI* 为 1.02～1.34）、屎肠球菌感染（*OR*=3.64，95%*CI* 为 1.16～11.45）和肺炎克雷伯菌感染（*OR*=2.64，95%*CI* 为 1.45～4.80）均是 ICU 血流感染患者死亡的独立危险因素（均 $P<0.05$）。耐药组与非耐药组患者在年龄及革兰阳性（G^+）球菌和 G^- 杆菌血流感染方面比较差异均有统计学意义；多因素 Logistic 回归分析显示，年龄（*OR*=1.01，95%*CI* 为 1.00～1.03）、G^- 杆菌感染（*OR*=2.18，95%*CI* 为 1.33～3.59）、大肠埃希菌感染（*OR*=0.28，95%*CI* 为 0.09～0.84）和屎肠球菌感染（*OR*=3.35，95%*CI* 为 1.06～10.58）均是 ICU 血流感染患者耐药的独立危险因素（均 $P<0.05$）。**结论** 血流感染可增加 ICU 患者的病死率；高龄、地域分布、屎肠球菌感染和肺炎克雷伯菌感染可增加 ICU 血流感染患者的病死率；G^- 杆菌引起的血流感染易产生耐药性，但对 ICU 血流感染患者的病死率无明显影响。

【关键词】 重症监护病房；　血流感染；　耐药菌感染

基金项目：国家自然科学基金（82202366）

临床试验注册：美国临床试验数据库，NCT 04966390

DOI：10.3760/cma.j.cn121430-20240923-00791

Current analysis of bloodstream infections in adult intensive care unit patients: a multi-center cohort study of China

Yang Shuguang[1], Sun Yao[1], Wang Ting[1], Zhang Hua[2], Sun Wei[3], An Youzhong[1], Zhao Huiying[1]

[1]Department of Critical Care Medicine, Peking University People's Hospital, Beijing 100044, China; [2]Research Center of Clinical Epidemiology, Peking University Third Hospital, Beijing 100191, China; [3]Department of Critical Care Medicine, Peking University International Hospital, Beijing 102206, China

Corresponding author: Zhao Huiying, Email: zhaohuiying@pku.edu.cn

【Abstract】 Objective To analyze the clinical characteristics, microbiological analysis, and drug resistance patterns of intensive care unit (ICU) bloodstream infection. **Methods** A prospective cohort study method was employed to collect clinical data from patients suspected of bloodstream infection (BSI) during their stay in ICUs across 67 hospitals in 16 provinces and cities nationwide, from July 1, 2021, to December 31, 2022. Electronic data collection technology was used to gather general information on ICU patients, including gender, age, length of hospital stay, as well as diagnostic results, laboratory tests, imaging studies, microbiological results (including smear, culture results, and pathogen high-throughput testing), and prognosis. Patients were divided into a BSI group and a non-BSI group based on the presence or absence of BSI; further, patients with BSI were categorized into a drug-resistant group and a non-drug-resistant group based on the presence or absence of drug resistance. Differences in the aforementioned indicators between groups were analyzed and compared; variables with $P < 0.10$ in the univariate analysis were included in a multivariate Logistic regression analysis to identify risk factors for mortality and drug resistance in ICU patients with BSI. **Results** A total of 2 962 ICU patients suspected of BSI participated in the study, including 790 in the BSI group and 2 172 in the non-BSI group. Patients in the BSI group were mainly from East China and Southwest China, with significantly higher age and mortality rates than those in the non-BSI group. Among ICU patients with BSI,

Staphylococcus had the highest detection rate (8.10%), followed by *Klebsiella pneumoniae* (7.47%); there were 169 cases in the drug-resistant group and 621 cases in the non-drug-resistant group; 666 cases survived, and 124 cases died (mortality was 15.70%). There were statistically significant differences between the death group and the survival group in terms of age, regional distribution, and bloodstream infections caused by Gram negative (G^-) bacilli, *Enterococcus faecium*, *Aspergillus*, and *Klebsiella pneumoniae*; multivariate Logistic regression analysis showed that age [odds ratio (*OR*) = 1.01, 95% confidence interval (95%*CI*) was 1.00–1.03], regional distribution (*OR* = 4.07, 95%*CI* was 1.02–1.34), *Enterococcus faecium* infection (*OR* = 3.64, 95%*CI* was 1.16–11.45), and *Klebsiella pneumoniae* infection (*OR* = 2.64, 95%*CI* was 1.45–4.80) were independent risk factors for death in ICU patients with BSI (all $P < 0.05$). There were statistically significant differences between the drug-resistant group and the non-drug-resistant group in terms of age and bloodstream infections caused by Gram positive (G^+) cocci and G^- bacilli; multivariate Logistic regression analysis showed that age (*OR* = 1.01, 95%*CI* was 1.00–1.03), G^- bacilli infection (*OR* = 2.18, 95%*CI* was 1.33–3.59), *Escherichia coli* infection (*OR* = 0.28, 95%*CI* was 0.09–0.84), and *Enterococcus faecium* infection (*OR* = 3.35, 95%*CI* was 1.06–10.58) were independent risk factors for drug resistance in ICU patients with BSI (all $P < 0.05$). **Conclusions** Bloodstream infections may increase the mortality of ICU patients. Older age, regional distribution, *Enterococcus faecium* infection and *Klebsiella pneumoniae* infection can increase the mortality rate of ICU patients with BSI; bloodstream infections caused by G^- bacilli are prone to drug resistance, but have no significant impact on the mortality of ICU patients with BSI.

【Key words】 Intensive care unit; Bloodstream infection; Dru-resistant infection
Fund program: National Natural Science Foundation of China (82202366)
Trial Registration: American Clinical Trial Registry, NCT 04966390
DOI: 10.3760/cma.j.cn121430-20240923-00791

血流感染是重症感染和脓毒性休克的主要原因之一，是重症监护病房（intensive care unit，ICU）患者住院的常见原因，具有较高的发病率、病死率和治疗成本[1]。血流感染的主要病因是病原微生物通过各种途径进入血液，包括先前感染或伴随感染的传播，或者通过手术部位、静脉导管和其他血管管理装置进入血液，通过血液快速传播，产生多重感染，导致器官损伤和功能障碍[2]。因此，控制血流感染至关重要。

血流感染的预后可能取决于患者的特异性因素（如年龄、器官功能状态）和微生物方面的情况（包括病原微生物的类型、对抗菌药物的敏感性等），及时开始适当的抗菌药物治疗非常重要，可显著改善患者预后、降低菌血症患者的病死率[3]。既往的研究显示，血流感染可由多种微生物引起，通常是大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、金黄色葡萄球菌、肠球菌和真菌[4]。国内关于ICU血流感染影响因素分析的研究显示，革兰阴性（Gram negative，G^-）杆菌仍是ICU血流感染的主要致病菌，其次是革兰阳性（Gram positive，G^+）球菌和真菌[5]。对国内某医院ICU感染患者的病原学研究显示，检出率最高的病原菌为肺炎克雷伯菌（20.61%），其对碳青霉烯类抗菌药物的耐药率为13.33%[6]。但长期住院或免疫功能抑制的患者常出现院内获得性血流感染，该类患者血培养的微生物多为耐药菌或多重耐药菌，增加了治疗的难度。

由于微生物流行病学、患者来源和不同地区ICU的差异性及时效性，既往关于ICU血流感染发病率和危险因素的证据有限。本研究通过收集我国ICU患者的临床资料，旨在了解和分析我国ICU血流感染检出率、病死率和病原微生物分布情况。

1 资料与方法

1.1 研究对象：采用前瞻性队列研究方法，选择2021年7月1日至2022年12月31日我国16个省市67家医院在ICU住院期间可疑血流感染患者。

1.1.1 诊断标准：① ICU可疑血流感染：患者出现发热（体温＞38 ℃）或低温（体温＜36 ℃）、寒颤、低血压或高乳酸血症等1种或多种临床症状或体征[7]；② 血流感染：患者体温＞38.0 ℃或出现其他感染征象，至少1次血培养结果为阳性[8]；③ 耐药菌血流感染：患者血培养药敏结果中有至少1类药物不敏感；④ 多重耐药菌血流感染：患者血培养药敏结果中≥3类（每类中1种或更多）药物不敏感[9]。

1.1.2 纳入标准：① 年龄≥18岁；② 符合ICU可疑血流感染。

1.1.3 排除标准：① 未送检血标本行微生物学检测；② 病历资料不全。

1.2 伦理学：本研究符合医学伦理学要求，通过北京大学人民医院伦理审查委员会的批准（审批号：2021PHB020-001），通过中国人类遗传资源采集审批（审批号：2021-CJ1420），并在临床试验注册平台注册（注册号：NCT 04966390）。

1.3 研究方法及分组：采用连续纳入的方法，通过电子数据采集技术收集入住ICU患者的性别、年龄、基础疾病等一般资料，以及诊断结果、实验室检查、影像学检查、微生物学结果（包括涂片、培养结果、

病原体高通量检测）和预后情况。根据有无血流感染将患者分为血流感染组和无血流感染组；再根据有无耐药将血流感染患者分为耐药组和非耐药组。

1.4 统计学方法：采用 SPSS 16.0 软件对数据进行统计学分析。采用 Shapiro-Wilk 检验数据是否呈正态分布，正态分布的定量数据以均数 ± 标准差（$\bar{x}\pm s$）表示，根据连续变量的方差齐性进行独立样本 t 检验；分类变量以频数和构成比表示，组间比较采用 χ^2 检验或 Fisher 精确检验。将单因素分析中 $P<0.10$ 的变量纳入多因素 Logistic 回归分析，寻找 ICU 血流感染患者死亡和耐药的危险因素，后向法用于变量筛选。$P<0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结　果

2.1 患者一般资料：共纳入 67 家医院的 ICU 患者 2 978 例，排除临床资料不完整的患者后，最终纳入 ICU 可疑血流感染患者 2 962 例（图 1）。其中，女性 1 029 例，男性 1 933 例；年龄 18～103 岁；来自三级甲等医院 2 562 例；华东地区 810 例；血流感染 790 例（26.67%），以华东地区占比最高（27.97%）；存活 2 638 例，死亡 324 例（病死率为 10.94%）。有无血流感染两组患者年龄、医院分级、地域分布和病死率比较差异均有统计学意义（均 $P<0.05$；表 1）。

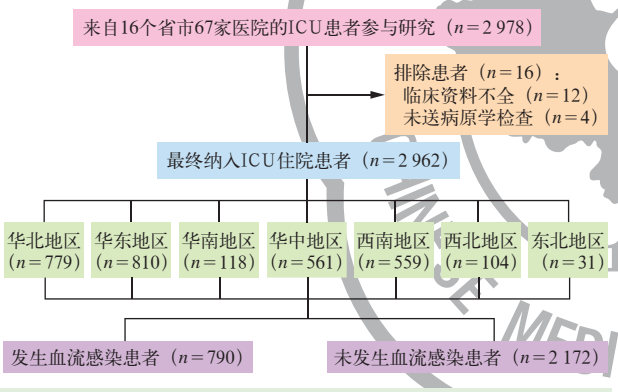

图 1　我国重症监护病房（ICU）成人血流感染患者现况分析研究的患者纳入流程图

表 1　有无血流感染两组 ICU 患者的一般临床资料比较

指标	血流感染组（n=790）	无血流感染组（n=2 172）	χ^2/t 值	P 值
女性〔例（%）〕	258（32.66）	771（35.50）	2.06	0.15
年龄（岁，$\bar{x}\pm s$）	62.59±16.50	64.96±15.76	3.58	<0.01
医院分级〔例（%）〕			66.23	<0.01
三级甲等	705（89.24）	1 857（85.50）		
三级乙等	2（ 0.25）	117（ 5.39）		
三级丙等	2（ 0.25）	57（ 2.62）		
二级甲等	81（10.25）	141（ 6.49）		
地域分布〔例（%）〕			111.51	<0.01
华北地区	119（15.06）	660（30.39）		
华东地区	221（27.97）	589（27.12）		
华中地区	148（18.73）	413（19.01）		
西南地区	205（25.95）	354（16.30）		
华南地区	57（ 7.22）	61（ 2.81）		
西北地区	34（ 4.30）	70（ 3.22）		
东北地区	6（ 0.76）	25（ 1.15）		
住院时间（d，$\bar{x}\pm s$）	18.66±16.95	18.65±30.02	0.01	0.99
死亡〔例（%）〕	124（15.70）	200（ 9.21）	25.03	<0.01

注：ICU 为重症监护病房

2.2 ICU 血流感染患者死亡的危险因素分析：ICU 血流感染患者中，存活 666 例，死亡 124 例（病死率为 15.70%）。死亡组与存活组患者在年龄、地域分布以及尿肠球菌、G^- 杆菌、肺炎克雷伯菌、曲霉菌感染方面比较差异均有统计学意义（均 $P<0.05$；表 2）。

表 2　不同预后两组 ICU 血流感染患者的临床资料比较

指标	死亡组（n=124）	存活组（n=666）	χ^2/t 值	P 值
女性〔例（%）〕	36（29.03）	222（33.33）	0.88	0.35
年龄（岁，$\bar{x}\pm s$）	65.8±17.41	61.99±16.27	3.41	0.02
医院分级〔例（%）〕			5.53	0.14
三级甲等	118（95.16）	587（88.14）		
三级乙等	0（ 0 ）	2（ 0.30）		
三级丙等	0（ 0 ）	2（ 0.30）		
二级甲等	6（ 4.81）	75（11.26）		
地域分布〔例（%）〕			21.11	<0.01
华北地区	14（11.29）	105（15.77）		
华东地区	28（22.58）	193（28.98）		
华中地区	17（13.71）	131（19.67）		
西南地区	52（41.94）	153（22.97）		
华南地区	7（ 5.65）	50（ 7.51）		
西北地区	6（ 4.84）	28（ 4.20）		
东北地区	0（ 0 ）	6（ 0.90）		
耐药〔例（%）〕	33（26.61）	136（20.42）	2.38	0.12
多重耐药〔例（%）〕	20（16.13）	72（10.81）	2.87	0.09
G^+ 球菌〔例（%）〕	11（ 8.87）	76（11.41）	0.69	0.41
葡萄球菌	5（ 4.03）	59（ 8.86）	3.21	0.07
金黄色葡萄球菌	0（ 0 ）	13（ 1.95）	2.46	0.12
表皮葡萄球菌	3（ 2.42）	16（ 2.42）	0.00	0.99
屎肠球菌	5（ 4.03）	8（ 1.20）	5.18	0.02
G^- 杆菌〔例（%）〕	31（25.00）	110（16.52）	5.13	0.03
肺炎克雷伯菌	18（14.52）	41（ 6.16）	10.57	<0.01
鲍曼不动杆菌	5（ 4.03）	15（ 2.25）	1.34	0.25
大肠埃希菌	4（ 3.23）	38（ 5.71）	1.28	0.26
铜绿假单胞菌	3（ 2.42）	10（ 1.50）	0.54	0.46
嗜麦芽窄食单胞菌	1（ 0.81）	3（ 0.45）	0.26	0.61
真菌〔例（%）〕	4（ 3.23）	19（ 2.85）	0.05	0.82
白色念珠菌	3（ 2.42）	7（ 1.05）	1.57	0.21
曲霉菌	1（ 0.81）	0（ 0 ）	5.38	0.02
住院时间（d，$\bar{x}\pm s$）	16.50±14.29	19.07±17.39	0.18	0.19

注：ICU 为重症监护病房，G^+ 为革兰阳性，G^- 为革兰阴性

多因素 Logistic 回归分析显示，年龄、地域分布、屎肠球菌感染和肺炎克雷伯菌感染均是 ICU 血流感染患者死亡的独立危险因素（均 $P<0.05$；表 3）。

表 3 ICU 血流感染患者死亡的多因素 Logistic 回归分析

变量	β 值	Wald 值	OR 值	95%CI	P 值
年龄	0.01	5.02	1.01	1.00～1.03	0.03
地域分布	0.16	4.94	4.07	1.02～1.34	0.03
屎肠球菌感染	1.29	4.87	3.64	1.16～11.45	0.03
肺炎克雷伯菌感染	0.97	10.09	2.64	1.45～4.80	<0.01

注：ICU 为重症监护病房，*OR* 为优势比，95%*CI* 为 95% 可信区间

2.3 ICU 血流感染患者的耐药情况：ICU 血流感染患者中，葡萄球菌检出率最高（8.10%），其次是肺炎克雷伯菌。有 621 例患者未发生耐药；169 例患者发生耐药，其中 92 例（11.65%）为多重耐药。耐药组与非耐药组患者在年龄及 G^+ 球菌和 G^- 杆菌感染方面比较差异均有统计学意义（均 $P<0.05$；表 4）。多因素 Logistic 回归分析显示，年龄、G^- 杆菌感染、大肠埃希菌感染和屎肠球菌感染均是 ICU 血流感染患者耐药的独立危险因素（均 $P<0.05$；表 5）。

表 5 ICU 血流感染患者耐药的多因素 Logistic 回归分析

变量	β 值	Wald 值	OR 值	95%CI	P 值
年龄	0.02	4.59	1.01	1.00～1.03	0.03
G^- 杆菌感染	3.56	7.87	2.18	1.33～3.59	<0.01
大肠埃希菌感染	1.96	8.26	0.28	0.09～0.84	0.03
屎肠球菌感染	2.65	5.71	3.35	1.06～10.58	0.04

注：ICU 为重症监护病房，G^- 为革兰阴性，*OR* 为优势比，95%*CI* 为 95% 可信区间

3 讨 论

血流感染是脓毒症的主要病因之一，常引起多器官功能衰竭，增加病死率，是 ICU 感染患者死亡的重要病因[10]，早期识别血流感染非常重要。本研究通过对我国 16 个省市 67 家医院的 ICU 成人可疑血流感染的患者进行临床资料收集与数据分析，分析我国 ICU 患者血流感染的临床特点，结果显示，年龄、地域分布、屎肠球菌感染和肺炎克雷伯菌感染是 ICU 血流感染患者死亡的独立危险因素，年龄、G^- 杆菌（大肠埃希菌）和屎肠球菌感染使 ICU 血流感染患者更易发生耐药。

国外一项针对癌症患者血流感染的流行病学研究显示，在 2 393 份血标本中有 414 份阳性结果，其中 G^- 菌的比例高于 G^+ 菌，检测出的细菌以大肠埃希菌（47.0%）为主，其次是铜绿假单胞菌（31.0%）和肺炎克雷伯菌（14.5%）；G^+ 菌中最多的是凝固酶阴性的葡萄球菌[11]。国内 2015 年对 ICU 血流感染脓毒症患者的病原菌特征的研究显示，共纳入 299 例患者，分离出病原菌 450 株，其中 G^+ 菌占比最多（54.67%）[12]。韩国关于血流感染患者预后的研究中，仅 280 例（15.1%）患者血培养阳性，常见的细菌为肺炎克雷伯菌（17.1%）、大肠埃希菌（16.4%）、金黄色葡萄球菌（11.4%）、鲍曼不动杆菌（10.8%）和白色念珠菌（9.2%）[13]。本研究中 ICU 患者血标本微生物学检测结果显示，G^- 杆菌最多，其次是 G^+ 球菌。

本研究中，高龄、地域分布、屎肠球菌感染和肺炎克雷伯菌感染均与较高的病死率相关。国内

表 4 有无耐药两组 ICU 血流感染患者的临床资料比较

指标	耐药组（n=169）	非耐药组（n=621）	χ^2/t 值	P 值
女性〔例（%）〕	53（31.36）	205（33.01）	0.17	0.69
年龄（岁，$\bar{x}\pm s$）	65.39±16.09	61.82±16.54	0.01	0.01
医院分级〔例（%）〕			2.70	0.49
三级甲等	154（91.12）	551（88.73）		
三级乙等	1（0.59）	1（0.16）		
三级丙等	0（0）	2（0.32）		
二级甲等	14（8.28）	67（10.79）		
地域分布〔例（%）〕			8.80	0.19
华北地区	31（18.34）	88（14.17）		
华东地区	51（30.18）	170（27.38）		
华中地区	27（15.98）	121（19.48）		
西南地区	44（26.04）	161（25.92）		
华南地区	7（4.14）	50（8.05）		
西北地区	6（3.55）	28（4.51）		
东北地区	3（1.78）	3（0.48）		
G^+ 球菌〔例（%）〕	70（41.42）	17（2.74）	202.84	<0.01
葡萄球菌	54（31.95）	10（1.61）	164.28	<0.01
金黄色葡萄球菌	12（7.10）	1（0.16）	39.53	<0.01
表皮葡萄球菌	17（10.06）	2（0.32）	53.66	<0.01
屎肠球菌	11（6.51）	2（0.32）	31.42	<0.01
G^- 杆菌〔例（%）〕	107（63.31）	34（5.48）	303.09	<0.01
肺炎克雷伯菌	48（28.40）	11（1.71）	136.34	<0.01
鲍曼不动杆菌	19（11.24）	1（0.16）	66.11	<0.01
大肠埃希菌	32（18.93）	10（1.61）	72.48	<0.01
铜绿假单胞菌	10（5.92）	3（0.48）	24.24	<0.01
嗜麦芽窄食单胞菌	1（0.59）	3（0.48）	0.03	0.86
真菌〔例（%）〕	7（4.14）	16（2.58）	1.15	0.28
白色念珠菌	4（2.37）	6（0.97）	2.09	0.15
曲霉菌	0（0）	1（0.16）	0.27	0.60
住院时间（d，$\bar{x}\pm s$）	19.49±16.12	18.44±17.20	0.10	0.48
死亡〔例（%）〕	33（19.53）	91（14.65）	2.38	0.13

注：ICU 为重症监护病房，G^+ 为革兰阳性，G^- 为革兰阴性

2022 年关于 ICU 病原菌分布及耐药性趋势分析中，发现 ICU 病原菌主要来源于呼吸道，以 G^- 杆菌为主，并逐年增多，以鲍曼不动杆菌最多[14]。而国内关于老年患者大肠埃希菌血流感染的研究显示，年龄、性别和入院时的降钙素原水平是老年患者发生大肠埃希菌血流感染的独立危险因素[15]。1997 至 2016 年，临床上菌血症分离的前 10 种细菌分别为金黄色葡萄球菌、大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌、粪肠球菌、表皮葡萄球菌、阴沟肠杆菌、肺炎链球菌、屎肠球菌和鲍曼不动杆菌；从 2005 年开始，大肠埃希菌取代金黄色葡萄球菌成为最流行的血液病原体[16]。肺炎克雷伯菌作为胃肠道的定植菌，是 G^- 菌所致菌血症的主要病原体，菌血症的全球发病率约为每年 7.1/10 万，老年患者和男性患者发生肺炎克雷伯菌菌血症的风险最高[17]。20 世纪 70 年代，肠球菌成为医院获得性感染的主要原因[18]。过去 20 年内，屎肠球菌成功适应院内环境并获得对糖肽的耐药性，迅速发展成为一种世界性的医院病原体[19]。

本研究虽纳入了我国 67 家医院 ICU 的患者，医院的选择也涵盖了二级甲等至三级甲等的不同级别的医院，但仍存在以下不足之处：① 医院和患者的选择未严格按照国家发布的统计年鉴进行随机抽样，导致选取的数据缺乏一定的代表性；② 未统计同期入住 ICU 的患者总数，无法计算血流感染的发病率；③ 缺少 2021 至 2022 年患者的急性生理学与慢性健康状况评分Ⅱ（acute physiology and chronic health evaluation Ⅱ，APACHEⅡ）和序贯器官衰竭评分（sequential organ failure assessment，SOFA）数据，对 ICU 血流感染患者死亡因素的分析不够充分。

通过对 ICU 血流感染患者的临床资料分析，发现血流感染增加了 ICU 患者的病死率，高龄、G^- 杆菌（以肺炎克雷伯菌为主）感染和屎肠球菌感染可能增加 ICU 血流感染患者的病死率；高龄、G^- 杆菌（如大肠埃希菌）感染和屎肠球菌感染可能增加 ICU 血流感染患者的耐药风险，但对病死率无明显影响。未来需要更多的研究探讨 ICU 血流感染患者的死亡危险因素，以降低 ICU 血流感染患者的病死率，改善患者的预后。

利益冲突　所有作者均声明不存在利益冲突

参考文献

[1] Zahar JR, Timsit JF, Garrouste-Orgeas M, et al. Outcomes in severe sepsis and patients with septic shock: pathogen species and infection sites are not associated with mortality [J]. Crit Care Med, 2011, 39 (8): 1886-1895. DOI: 10.1097/CCM.0b013e31821b827c. Erratum in: Crit Care Med, 2011, 39 (10): 2392.

[2] Beekmann SE, Diekema DJ, Doern GV. Determining the clinical significance of *coagulase-negative Staphylococci* isolated from blood cultures [J]. Infect Control Hosp Epidemiol, 2005, 26 (6): 559-566. DOI: 10.1086/502584.

[3] Kumar A, Roberts D, Wood KE, et al. Duration of hypotension before initiation of effective antimicrobial therapy is the critical determinant of survival in human septic shock [J]. Crit Care Med, 2006, 34 (6): 1589-1596. DOI: 10.1097/01.CCM.0000217961.75225.E9.

[4] Wisplinghoff H, Bischoff T, Tallent SM, et al. Nosocomial bloodstream infections in US hospitals: analysis of 24 179 cases from a prospective nationwide surveillance study [J]. Clin Infect Dis, 2004, 39 (3): 309-317. DOI: 10.1086/421946. Erratum in: Clin Infect Dis, 2004, 39 (7): 1093. Erratum in: Clin Infect Dis, 2005, 40 (7): 1077.

[5] 陈凌娟，彭晓飞，李玉珍，等. 危重病科患者合并血流感染的影响因素及病原菌分析 [J]. 中国当代医药，2021, 28 (21): 174-177. DOI: 10.3969/j.issn.1674-4721.2021.21.049.

[6] 汤湖波，陈静，左小淑. 某医院重症医学科 2020—2022 年住院患者病原学及耐药情况分析 [J]. 实用检验医师杂志，2024, 16 (3): 201-205. DOI: 10.3969/j.issn.1674-7151.2024.03.003.

[7] 上海市微生物学会临床微生物学专业委员会，上海市医学会检验医学专科分会，上海市医学会危重病专科分会. 血流感染临床检验路径专家共识 [J]. 中华传染病杂志，2022, 40 (8): 457-475. DOI: 10.3760/cma.j.cn311365-20220130-00033.

[8] Timsit JF, Ruppé E, Barbier F, et al. Bloodstream infections in critically ill patients: an expert statement [J]. Intensive Care Med, 2020, 46 (2): 266-284. DOI: 10.1007/s00134-020-05950-6.

[9] Magiorakos AP, Srinivasan A, Carey RB, et al. Multidrug-resistant, extensively drug-resistant and pandrug-resistant bacteria: an international expert proposal for interim standard definitions for acquired resistance [J]. Clin Microbiol Infect, 2012, 18 (3): 268-281. DOI: 10.1111/j.1469-0691.2011.03570.x.

[10] Tabah A, Koulenti D, Laupland K, et al. Characteristics and determinants of outcome of hospital-acquired bloodstream infections in intensive care units: the EUROBACT International Cohort Study [J]. Intensive Care Med, 2012, 38 (12): 1930-1945. DOI: 10.1007/s00134-012-2695-9.

[11] Amanati A, Sajedianfard S, Khajeh S, et al. Bloodstream infections in adult patients with malignancy, epidemiology, microbiology, and risk factors associated with mortality and multi-drug resistance [J]. BMC Infect Dis, 2021, 21 (1): 636. DOI: 10.1186/s12879-021-06243-z.

[12] 申凤彩，解迪，韩钱鹏，等. ICU 血流感染病原菌特征及混合血流感染的危险因素分析 [J]. 中华危重病急救医学，2015, 27 (9): 718-723. DOI: 10.3760/cma.j.issn.2095-4352.2015.09.004.

[13] Mun SJ, Kim SH, Kim HT, et al. The epidemiology of bloodstream infection contributing to mortality: the difference between community-acquired, healthcare-associated, and hospital-acquired infections [J]. BMC Infect Dis, 2022, 22 (1): 336. DOI: 10.1186/s12879-022-07267-9.

[14] 宋岐峰，李国福，臧彬. 重症监护病房病原菌分布及耐药性趋势分析 [J]. 中国中西医结合急救杂志，2022, 29 (1): 17-21. DOI: 10.3969/j.issn.1008-9691.2022.01.004.

[15] 史树海，程景丽，戴缤，等. 老年患者大肠埃希菌血流感染的早期临床识别及预后不良分析 [J]. 中国中西医结合急救杂志，2023, 30 (1): 13-17. DOI: 10.3969/j.issn.1008-9691.2023.01.003.

[16] Diekema DJ, Hsueh PR, Mendes RE, et al. The microbiology of bloodstream infection: 20-year trends from the SENTRY antimicrobial surveillance program [J]. Antimicrob Agents Chemother, 2019, 63 (7): e00355-19. DOI: 10.1128/AAC.00355-19.

[17] Meatherall BL, Gregson D, Ross T, et al. Incidence, risk factors, and outcomes of *Klebsiella pneumoniae* bacteremia [J]. Am J Med, 2009, 122 (9): 866-873. DOI: 10.1016/j.amjmed.2009.03.034.

[18] Gilmore MS, Lebreton F, van Schaik W. Genomic transition of enterococci from gut commensals to leading causes of multidrug-resistant hospital infection in the antibiotic era [J]. Curr Opin Microbiol, 2013, 16 (1): 10-16. DOI: 10.1016/j.mib.2013.01.006.

[19] Bonten MJ, Willems R, Weinstein RA. Vancomycin-resistant enterococci: why are they here, and where do they come from? [J]. Lancet Infect Dis, 2001, 1 (5): 314-325. DOI: 10.1016/S1473-3099(01)00145-1.

（收稿日期：2024-09-23）
（责任编辑：张耘菲　李银平）