

DOI:10.13350/j.cjpb.241014

• 临床研究 •

老年糖尿病足不同细菌感染类型患者病原菌分布特征及临床价值分析*

张梦丹**,刘玉,王小晴

(萍乡市第二人民医院内分泌科,江西萍乡 337000)

【摘要】 目的 探讨老年糖尿病足(DF)不同细菌感染类型患者病原菌分布特征及临床价值。方法 选取2020年1月至2023年12月于本院诊治的142例老年DF患者作为研究对象,根据创面样本病原菌分布将其分为混合感染组($n=59$)和非混合感染组($n=83$),观察病原菌分布及耐药性情况;对比临床特征;采用Logistic回归分析影响老年DF患者发生混合细菌感染的相关因素。结果 混合感染组创面中检出118株病原菌,革兰阳性菌占40株(33.80%),革兰阴性菌占78株(66.10%);非混合感染组创面中检出83株病原菌,革兰阳性菌占25株(30.12%),革兰阴性菌占56株(67.47%),真菌占比2株。2组创面病原菌分布比较,差异无统计学意义($P>0.05$)。药敏结果显示,两组中金黄色葡萄球菌、表皮葡萄球菌对青霉素G耐药性最高,分别为95.65%、100.00%、66.67%、57.14%;其次为红霉素(86.96%、90.00%、53.33%、42.86%)、阿奇霉素(82.61%、80.00%、46.67%、71.43%)。2组中大肠埃希菌对呋喃妥因耐药性最高,分别为89.47%、68.00%;其次为庆大霉素(73.68%、48.00%)、头孢呋辛(65.79%、40.00%)、复方新诺明(55.26%、40.00%);变形杆菌对头孢噻肟耐药性最高,分别为53.85%、80.00%;其次为庆大霉素(46.15%、70.00%)、头孢地嗪(38.46%、70.00%)。混合感染组与非混合感染组在DF病程、Wagner分级、抗菌药物治疗史、 $CD4^+/CD8^+$ 比较中,差异有统计学意义($P<0.05$)。Logistic回归分析显示,DF病程延长、Wagner分级4~5级、有抗菌药物治疗史及 $CD4^+/CD8^+$ 、ABI下降是老年DF患者发生混合细菌感染的独立影响因素($P<0.05$)。结论 混合细菌感染病原菌中,以金黄色葡萄球菌+大肠埃希菌占比最高;且DF病程、Wagner分级、抗菌药物治疗史、 $CD4^+/CD8^+$ 、ABI会对患者发生混合细菌感染产生影响,临床应提高重视。

【关键词】 老年;糖尿病足;细菌感染类型;病原菌分布特征

【文献标识码】 A **【文章编号】** 1673-5234(2024)10-1189-05

[Journal of Pathogen Biology. 2024 Oct.;19(10):1189-1193.]

Analysis of pathogenic bacteria distribution and clinical value in elderly diabetic foot patients with different bacterial infection types

ZHANG Mengdan, LIU Yu, WANG Xiaoqing (Endocrinology Department of Pingxiang Second People's Hospital, Pingxiang, Jiangxi 337000, China)***

【Abstract】 **Objective** To investigate the distribution characteristics and clinical value of pathogenic bacteria in elderly diabetic foot patients with different bacterial infection types. **Methods** A total of 142 elderly DF patients diagnosed and treated in our hospital from January 2020 to December 2023 were selected as the study objects. According to the distribution of pathogens in wound samples, they were divided into mixed infection group ($n=59$) and non-mixed infection group ($n=83$), and the distribution and drug resistance of pathogens were observed. Compare clinical features; Logistic regression was used to analyze the related factors affecting mixed bacterial infection in elderly DF patients. **Results** In the mixed infection group, 118 strains of pathogens were detected, 40 (33.80%) were gram-positive and 78 (66.10%) were gram-negative. In the non-mixed infection group, 83 strains of pathogenic bacteria were detected, of which 25 were gram-positive (30.12%), 56 were gram-negative (67.47%) and 2 were fungi. There was no significant difference in the distribution of pathogenic bacteria on the wound between the two groups ($P>0.05$). The results of drug sensitivity showed that *Staphylococcus aureus* and *Staphylococcus epidermidis* had the highest resistance to penicillin G, which were 95.65%, 100.00%, 66.67% and 57.14%, respectively. It was followed by erythromycin (86.96%, 90.00%, 53.33%, 42.86%) and azithromycin (82.61%, 80.00%, 46.67%, 71.43%). The resistance of *Escherichia coli* to furantoin was the highest in the two groups, 89.47% and 68.00%, respectively. It was followed by gentamicin (73.68%, 48.00%),

* **【基金项目】** 江西省卫生健康委科技计划项目(No. 202004431)。

** **【通讯作者(简介)]** 张梦丹(1985-),女,江西萍乡人,本科,副主任医师,研究方向:内分泌代谢病学、临床营养学等。
E-mail:15807997754@163.com

cefuroxime (65.79%, 40.00%) and cotrimoxazole (55.26, 40.00%). The resistance of Proteus to cefotaxime was the highest, 53.85% and 80.00%, respectively. It was followed by gentamicin (46.15%, 70.00%) and cefodizime (38.46%, 70.00%). There were significant differences in DF course, Wagner grade, antibiotic treatment history and CD4⁺/CD8⁺ between the mixed infection group and the non-mixed infection group ($P < 0.05$). Logistic regression analysis showed that the prolonged course of DF, Wagner grade 4-5, history of antibiotic therapy, CD4⁺/CD8⁺ and decreased ABI were independent factors for the occurrence of mixed bacterial infection in elderly DF patients ($P < 0.05$). **Conclusion** Among the pathogens of mixed bacteria infection, *S. aureus* + *E. coli* accounted for the highest proportion. In addition, DF course, Wagner grade, antibiotic treatment history, CD4⁺/CD8⁺, ABI will affect the occurrence of mixed bacterial infection in patients, and clinical attention should be paid to it.

【Keywords】 old age; diabetic foot; types of bacterial infection; distribution characteristics of pathogenic bacteria

糖尿病足 (Diabetic foot, DF) 为临床常见疾病。针对其发病机制分析,可能与血糖水平升高具有密切关联,即长期处于高血糖状态下,可能会增加血液粘稠度,通过使血管变硬,降低血管变形能力,引起血液供应不足,导致足部缺血、缺氧,这对促进 DF 发生具有积极作用^[1-2]。据临床调查,DF 具有较高的死亡率,其年病死率高达 14.40%^[3]。因此尽早实施有效治疗尤为关键。抗生素治疗为临床控制 DF 的重要手段,但广谱抗生素的不合理使用可能会起到反作用,譬如增加耐药菌风险和治疗难度等。另外,有相关研究报道,DF 极有可能引起混合细菌感染,相比单一细菌感染,其治疗难度更大^[4]。因此本文建议在实施药物治疗前应先明确细菌感染类型和病原菌分布情况,再进行药敏试验,选择适合抗菌药物,这对提高治疗效果具有重要意义。

本研究选取 142 例老年 DF 患者作为研究对象,旨在分析老年 DF 不同细菌感染类型患者病原菌分布特征,并探讨混合细胞感染的相关因素,以期为临床提供指导,结果报告如下。

材料与方 法

1 临床资料

选取 2020 年 1 月至 2023 年 12 月于本院诊治的 142 例老年 DF 患者作为研究对象,根据创面样本病原菌分布将其分为混合感染组 ($n=59$) 和非混合感染组 ($n=83$)。诊断标准:符合《中国糖尿病足防治指南 (2019 版)》^[5] 中关于 DF 的诊断标准。纳入标准:①经临床确诊为 DF;②Wagner 分级 2~5 级;③年龄 ≥ 60 岁;④临床资料齐全。排除标准:①处于昏迷阶段;②患有严重心肝肾功能不全;③ I 型糖尿病;④患有恶性肿瘤。

本研究获本院伦理委员会审核批准。

2 方 法

2.1 病原菌检测 于入院时采集患者足部创面样本,经恒温 48~72h 后,采用 VITEK-32 全自动微生物分析仪 (法国生物梅里埃公司) 进行分离菌种株鉴定;质

控菌株包括金黄色葡萄球菌 (ATCC25923)、大肠埃希菌 (ATCC25922)、白假丝酵母 (ATCC90028);将两种及以上细菌感染判定为混合细菌感染。

2.2 菌株药敏试验 采用 K-B 扩散纸片法对分离菌种进行药物敏感性检测。

2.3 影响因素调查方法 采用统一问卷调查量表收集受试者临床资料,包括性别、年龄、DM 病程、DF 病程、Wagner 分级、抗菌药物治疗史、FBG、HbA1c、CD4⁺/CD8⁺、ABI、饮酒史、吸烟史、高血压、高脂血症等。

3 统计分 析

采用 SPSS22.0 软件分析本次数据。计量资料和计数资料分别用 ($\bar{x} \pm s$) 和 ($n, \%$) 表示。行 t 和 χ^2 检验;采用 Logistic 回归分析影响老年 DF 患者发生混合细菌感染的相关因素;以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结 果

1 不同感染类型的病原菌分布

混合感染组创面中检出 118 株病原菌,革兰阳性菌占 40 株,革兰阴性菌占 78 株;非混合感染组创面中检出 83 株病原菌,革兰阳性菌占 25 株,革兰阴性菌占 56 株,真菌占比 2 株。2 组创面病原菌分布比较,差异无统计学意义 ($P > 0.05$)。见表 1。

2 混合感染的病原菌分布

混合感染病原菌组合分别为:金黄色葡萄球菌 + 大肠埃希菌 23 例,占 19.49%;表皮葡萄球菌 + 大肠埃希菌 20 例,占 16.95%;铜绿假单胞菌 + 大肠埃希菌 20 例,占 16.95%;变形杆菌 + 大肠埃希菌 13 例,占 11.02%;金黄色葡萄球菌 + 肺炎克雷伯菌 13 例,占 11.02%;金黄色葡萄球菌 + 鲍曼不动杆菌 10 例,占 8.47%;变形杆菌 + 大肠埃希菌 7 例,占 5.93%;变形杆菌 + 摩氏摩根菌 7 例,占 5.93%;粪肠球菌 + 摩氏摩根菌 5 例,占 4.24%。

在混合感染病原菌中,以金黄色葡萄球菌 + 大肠埃希菌占比最高,其次为表皮葡萄球菌 + 大肠埃希菌

和铜绿假单胞菌十大肠埃希菌。

表 1 不同感染类型的病原菌分布[n(%)]
Table 1 distribution of pathogens of different infection types

病原菌 Pathogenic bacteria	混合感染组 Mixed infection group (n=59)		非混合感染组 Non mixed infection group (n=83)		χ^2	P
	混合感染组 Mixed infection group	非混合感染组 Non mixed infection group	混合感染组 Mixed infection group	非混合感染组 Non mixed infection group		
革兰阳性菌	金黄色葡萄球菌	23(19.49)	15(18.07)	0.064	0.800	
	表皮葡萄球菌	10(8.47)	7(8.43)	<0.05	0.992	
	粪肠球菌	7(5.93)	2(2.41)	1.414	0.234	
	其他	0(0.00)	1(1.20)	1.249	0.232	
	大肠埃希菌	38(32.20)	25(30.12)	0.098	0.754	
革兰阴性菌	变形杆菌	13(11.02)	10(12.05)	0.051	0.821	
	铜绿假单胞菌	10(8.47)	5(6.02)	0.424	0.515	
	肺炎克雷伯菌	7(5.93)	5(6.02)	0.001	0.978	
	摩氏摩根菌	7(5.93)	3(3.61)	0.554	0.457	
	鲍曼不动杆菌	3(2.54)	6(7.230)	2.502	0.114	
真菌	其他	0	2(2.41)	2.872	0.090	
	白假丝酵母	0	2(2.41)	2.872	0.090	

3 主要革兰阳性菌耐药菌株数与耐药性分析

药敏结果显示,混合感染和非混合感染组中金黄色葡萄球菌、表皮葡萄球菌对青霉素 G 耐药性最高,其次为红霉素、阿奇霉素。且混合感染组中的金黄色葡萄球菌、表皮葡萄球菌对青霉素 G、红霉素的耐药率显著高于非混合感染组($P < 0.05$)。见表 2。

表 2 主要革兰阳性菌耐药菌株数与耐药性分析[n(%)]
Table 2 Analysis of the number and resistance of drug-resistant strains of major Gram positive bacteria

抗菌药物 Antibiotics	混合感染组 Mixed infection group		非混合感染组 Non mixed infection group	
	金黄色葡萄球菌 <i>S. aureus</i> (n=23)	表皮葡萄球菌 <i>S. epidermidis</i> (n=10)	金黄色葡萄球菌 <i>S. aureus</i> (n=15)	表皮葡萄球菌 <i>S. epidermidis</i> (n=7)
青霉素 G	22(95.65)	10(100.00)	10(66.67) ^a	4(57.14) ^a
氧氟沙星	6(26.09)	1(10.00)	5(33.33)	1(14.29)
左氧氟沙星	8(34.78)	2(20.00)	5(33.33)	2(28.57)
万古霉素	0	0	0	0
复方新诺明	5(21.74)	4(40.00)	6(40.00)	2(28.57)
呋喃妥因	1(4.35)	1(10.00)	6(40.00)	1(14.29)
红霉素	20(86.96)	9(90.00)	8(53.33) ^a	3(42.86) ^a
阿奇霉素	19(82.61)	8(80.00)	7(46.67) ^a	5(71.43)
利福平	1(4.35)	1(10.00)	1(6.67)	0
头孢噻肟	6(26.09)	2(20.00)	2(13.33)	2(28.57)
头孢呋辛	9(39.13)	2(20.00)	4(26.67)	1(14.29)

注:与混合感染组同种菌株耐药性相比,^a $P < 0.05$ 。

4 主要革兰阴性菌耐药菌株数与耐药性分析

药敏结果显示,2组中大肠埃希菌对呋喃妥因耐药性最高,其次为庆大霉素、头孢呋辛;变形杆菌对头孢噻肟耐药性最高,其次为头孢地嗪、庆大霉素;且混合感染组中的大肠埃希菌对呋喃妥因、庆大霉素、头孢呋辛的耐药性显著高于非混合感染组($P < 0.05$)。见表 3。

表 3 主要革兰阴性菌耐药菌株数与耐药性分析[n(%)]
Table 3 Analysis of the number and resistance of major Gram negative bacteria resistant to antibiotics

抗菌药物 Antibiotics	混合感染组 Mixed infection group		非混合感染组 Non mixed infection group	
	大肠埃希菌 <i>E. coli</i> (n=38)	变形杆菌 Proteus (n=13)	大肠埃希菌 <i>E. coli</i> (n=25)	变形杆菌 Proteus (n=10)
头孢呋辛	25(65.79)	0	10(40.00) ^a	0
头孢他啶	9(23.68)	4(30.77)	6(24.00)	5(50.00)
头孢噻肟	3(7.89)	7(53.85)	7(28.00)	6(60.00)
头孢地嗪	5(13.16)	5(38.46)	8(32.00)	7(70.00)
头孢哌酮	4(10.53)	0	10(40.00)	0
舒普深	0	0	0	0
亚胺培南	0	0	0	0
呋喃妥因	34(89.47)	0	17(68.00) ^a	0
复方新诺明	21(55.26)	0	10(40.00)	0
庆大霉素	28(73.68)	6(46.15)	12(48.00) ^a	7(70.00)
阿米卡星	4(10.53)	5(38.46)	7(28.00)	2(20.00)
环丙沙星	12(31.58)	2(15.38)	9(36.00)	3(30.00)
氧氟沙星	12(31.58)	4(30.77)	8(32.00)	5(50.00)
左氧氟沙星	10(26.32)	4(30.77)	7(28.00)	6(60.00)

注:与混合感染组同种菌株耐药性相比,^a $P < 0.05$ 。

5 临床特征比较

混合感染组与非混合感染组在性别、年龄、DM 病程、FBG、HbA1c、饮酒史、吸烟史、高血压、高脂血症等资料比较中,差异无统计学意义($P > 0.05$);而在 DF 病程、Wagner 分级、抗菌药物治疗史、CD4⁺/CD8⁺比较中,差异有统计学意义($P < 0.05$) (表 4)。

6 Logistic 回归

以感染类型为因变量(混合感染=1,非混合感染=2),以 DF 病程(计量资料,按实测值纳入)、CD4⁺/CD8⁺为自变量(实测值)、ABI(实测值)、Wagner 分级(4~5 级=1,2~3 级=2)、抗菌药物治疗史(有=1,无=2),纳入 Logistic 回归模型中分析,结果显示,DF 病程延长、Wagner 分级 4~5 级、有抗菌药物治疗史及 CD4⁺/CD8⁺、ABI 下降是老年 DF 患者发生混合细菌感染的独立影响因素($P < 0.05$)。见表 5。

讨论

DF 为糖尿病常见并发症。经流行病学调查,DF 发病率约为 8.10%^[6]。且有相关研究报道,该类患者具有较高的复发率和截肢率,即愈后复发率高达 31.60%,而截肢率高达 22.00%^[7]。针对 DF 分析,发现感染是影响患者预后的重要原因,也是导致患者截肢和死亡的首要因素。在此情况下积极分析 DF 患者感染类型和病原菌分布情况对指导临床治疗及降低截肢率显得尤为重要。本研究诊治的 142 例老年 DF 患者中,有 59 例(41.55%)属混合细菌感染,检出 118 株病原菌。与郑海龙等^[8]学者研究结果较为相似。针对该

病原菌分析,发现革兰阳性菌占 40 株,革兰阴性菌占 78 株,其中以金黄色葡萄球菌+大肠埃希菌混合感染占比最高,其次为表皮葡萄球菌+大肠埃希菌和铜绿假单胞菌+大肠埃希菌。本研究还发现,2 组中的金黄色葡萄球菌、表皮葡萄球菌对青霉素 G、红霉素、阿奇霉素具有较高的耐药率,而对万古霉素、利福平较为敏感;大肠埃希菌、变形杆菌对呋喃妥因、庆大霉素、头孢呋辛、头孢噻肟具有较高的耐药率,对舒普深、亚胺培南较敏感。且进一步分析发现混合感染组中的金黄色葡萄球菌、表皮葡萄球菌对青霉素 G、红霉素的耐药率和大肠埃希菌对呋喃妥因、庆大霉素、头孢呋辛的耐药性显著高于非混合感染组。基于该结果分析,本文认为在对 DF 患者实施抗菌药物治疗前,先了解细菌感染类型、病原菌分布及耐药情况等,进而选择合适抗菌药物,对提高治疗效果和降低耐药性有重要意义。

表 4 2 组临床特征比较[n(%)]

Table 4 Comparison of clinical characteristics between two groups

临床特征 Clinical features		混合感染组 (n=59)	非混合感染组 (n=83)	χ^2/t	P
		Mixed infection group	Non mixed infection group		
性别	男性	41(69.49)	53(63.86)	0.490	0.484
	女性	18(30.51)	30(36.14)		
年龄(岁)	>65	36(61.02)	51(61.45)	0.003	0.959
	<65	23(38.98)	32(38.55)		
DM 病程(年)		9.78±1.31	9.52±1.20	1.229	0.221
DF 病程(月)		3.92±1.02	3.46±0.99	2.675	0.008
Wagner 分级	4~5 级	36(61.02)	25(30.12)	13.434	<0.05
	2~3 级	23(38.98)	58(69.88)		
抗菌药物治疗史	有	43(72.88)	32(38.55)	16.306	<0.05
	无	16(27.12)	51(61.45)		
FBG(mmol/L)		8.05±1.62	7.76±1.57	1.075	0.284
HbA1c(%)		9.24±1.60	8.90±1.34	1.377	0.171
CD4 ⁺ /CD8 ⁺		1.12±0.25	1.41±0.28	6.426	<0.05
ABI		0.70±0.34	0.92±0.25	4.344	<0.05
饮酒史	有	20(33.90)	32(38.55)	0.322	0.570
	无	39(66.10)	51(61.45)		
吸烟史	有	25(42.37)	37(44.58)	0.068	0.794
	无	34(57.63)	46(55.42)		
高血压	有	34(57.63)	34(40.96)	3.837	0.050
	无	25(42.37)	49(59.04)		
高血脂症	有	28(47.46)	41(49.40)	0.052	0.820
	无	31(52.54)	42(50.60)		

表 5 影响老年 DF 患者发生混合细菌感染的二元 Logistic 回归
Table 5 Binary logistic regression analysis of mixed bacterial infections in elderly DF patients

变量 Variable	B	S.E.	Wald	P	OR	95% C.I.	
						下限 Lower limit	上限 Upper limit
DF 病程	0.657	0.226	8.473	<0.05	1.929	1.239	3.002
Wagner 分级 4~5 级	1.423	0.490	8.444	<0.05	4.151	1.589	10.840
抗菌药物治疗史	1.507	0.487	9.570	<0.05	4.515	1.737	11.732
CD4 ⁺ /CD8 ⁺	-4.144	0.923	20.169	<0.05	0.016	0.003	0.097
ABI	-2.588	0.837	9.563	<0.05	0.075	0.015	0.388

从上述结果得出混合细菌感染对多种抗菌药物耐药性较强;而临床关于 DF 患者出现混合细菌感染的相关因素尚未明确。因此本研究对比了混合感染组与非混合感染组的临床特征,发现 2 组在 DF 病程、Wagner 分级、抗菌药物治疗史、CD4⁺/CD8⁺ 等资料比较中,具有统计学差异。为了进一步验证上述因素对混合细菌感染的影响,将其纳入 Logistic 回归模型中,结果显示,DF 病程延长、Wagner 分级 4~5 级、有抗菌药物治疗史及 CD4⁺/CD8⁺、ABI 下降是老年 DF 患者发生混合细菌感染的独立影响因素。针对 DF 病程分析,可能是病程的延长会使溃疡部位更加适合细菌生长,并大量繁殖,譬如溃疡部位持续存在的渗出液,可为细菌生长提供丰富的营养物质,当细菌数量增加到一定程度时,极有可能引发混合细菌感染^[9-10]。Wagner 分级为临床评估足部溃疡程度的常用工具,当其 4~5 级时意味着患者溃疡程度较为严重,并伴有大量软组织坏死或骨组织坏死,能通过为细菌提供良好的生长环境,促进其大量繁殖并引发混合感染^[11-12]。针对抗菌药物治疗史分析,可能与其会破坏机体内正常菌群平衡有关,进而导致致病菌过度繁殖,并通过使细菌产生耐药性,增加治疗难度和混合细菌感染风险^[13-14]。CD4⁺/CD8⁺ 比值下降说明机体抵抗力降低,可通过加重病原菌微生物的感染程度和深部感染风险,引发混合细菌感染^[15-16]。ABI 为临床评估血流灌注状况的重要方法,其指数下降表示 DF 患者存在下肢缺血情况,这可能与溃疡压迫周围动脉有关,进而导致动脉血流受阻,而在这种环境下更有助于细菌的生长、繁殖,进一步增加了混合细菌感染风险^[17-19]。基于对上述危险因素的分析,本文认为应提高重视,通过实施防治措施,控制病情进展,改善预后。

综上所述,混合细菌感染病原菌中,以金黄色葡萄球菌+大肠埃希菌占比最高;且 DF 病程、Wagner 分级、抗菌药物治疗史、CD4⁺/CD8⁺、ABI 会对患者发生混合细菌感染产生影响,临床应提高重视。

【参考文献】

[1] 杨光耀,鞠上,邓莉娟,等. 糖尿病足患者感染病原微生物分布及耐药性规律分析[J]. 中国中西医结合外科杂志,2022,28(6): 775-779.

[2] 王昭俐,张永强,马军民,等. 2 型糖尿病足不同感染程度对氧化应激的影响及病原菌分布和耐药分析[J]. 广东药科大学学报,2022,38(3):120-124.

[3] 陈韵,黄文森,康锦芬. 糖尿病足复发感染病原菌分布及耐药情况分析[J]. 中国病原生物学杂志,2023,18(10):1195-1199.

[4] 尚靖智,王菲,毛富吉,等. 糖尿病足感染患者病原菌分布及创面组织中细胞自噬相关蛋白表达[J]. 中华医院感染学杂志,2022,32(7):1028-1031.

[5] 中华医学会糖尿病学分会,中华医学会感染病学分会,中华医学

- 会组织修复与再生分会. 中国糖尿病足防治指南(2019版)(I)[J]. 中华糖尿病杂志, 2019, 11(2):92-108.
- [6] 陈向红, 何红梅, 赵娜, 等. 糖尿病足感染病原菌分布及多重耐药菌感染相关因素分析[J]. 中国消毒学杂志, 2023, 40(10):757-759, 763.
- [7] 詹师, 杨召伍, 陈山, 等. 糖尿病足感染病原微生物分布及风险预测模型的建立[J]. 中国现代医学杂志, 2023, 33(10):95-100.
- [8] 郑海龙, 那涵, 陈小盼, 等. 老年糖尿病足混合细菌感染病原菌分布及与免疫功能的相关性[J]. 中国老年学杂志, 2022, 42(17):4195-4200.
- [9] 王家鑫, 司海娇, 于士龙, 等. 糖尿病足患者多重耐药菌感染分布特征及危险因素分析[J]. 临床军医杂志, 2022, 50(2):176-179.
- [10] 薛刚霞, 孙衍, 任国梁, 等. 老年糖尿病足MDROs感染病原菌及危险因素[J]. 中华医院感染学杂志, 2023, 33(23):3582-3585.
- [11] 杨雨平, 林东源, 叶健波, 等. 糖尿病足感染患者病原学及其与Toll样受体信号通路的关系[J]. 中华医院感染学杂志, 2023, 33(12):1823-1827.
- [12] 朱伟雄, 方杭. 糖尿病足溃疡多重耐药菌感染的分布特点、耐药性及其危险因素分析[J]. 中国卫生检验杂志, 2023, 33(2):240-244.
- [13] 张加其, 姜晓锐, 王凯, 等. 糖尿病足感染患者的病原菌类型与病例特点及预后的相关性[J]. 医药导报, 2022, 41(9):1360-1365.
- [14] 胡慧萍, 杨庆宇, 刘君. 糖尿病足患者合并感染的病原菌特点与血清瘦素的表达及其临床意义[J]. 中国病原生物学杂志, 2022, 17(2):216-219.
- [15] Qi X, Cai E, Xiang Y, et al. An immunomodulatory hydrogel by hyperthermia-assisted self-cascade glucose depletion and ROS scavenging for diabetic foot ulcer wound therapeutics[J]. Adv Mater, 2023, 35(48):2306632.
- [16] 温丰平, 刘行, 田世坤. 362例糖尿病足感染患者的临床特点调查分析[J]. 实用骨科杂志, 2022, 28(1):25-29.
- [17] 陈玉凤, 李江雁, 毛小芳, 等. 糖尿病足感染病原菌分布及临床特征分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2022, 17(8):942-946.
- [18] 陆露, 朱春雷, 金钰. 应用负压封闭引流技术联合药物冲洗治疗中老年糖尿病足合并感染的效果[J]. 中国老年学杂志, 2023, 43(4):853-855.
- [19] Popovic DS, Papanas N. Contrast-associated acute kidney injury: More frequent among patients with diabetic foot ulcers [J]. Angiology, 2023, 74(7):609-610.

【收稿日期】 2024-05-13 【修回日期】 2024-07-30

(上接 1188 页)

- [3] Ayoub Moubareck C, Hammoudi Halat D. Insights into *Acinetobacter baumannii*: a review of microbiological, virulence, and resistance traits in a threatening nosocomial pathogen[J]. Antibiotics (Basel), 2020, 9(3):119-147.
- [4] Peleg AY, Seifert H, Paterson DL. *Acinetobacter baumannii*: emergence of a successful pathogen[J]. Clin Microbiol Rev, 2008, 21(3):538-582.
- [5] 马晨, 韩丹, 张祎, 等. 鲍曼不动杆菌临床分布及耐药性变迁分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2023, 18(9):1079-1082, 1087.
- [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)[2024-3-7]. <https://www.carss.cn/Report/Details? aId=917>
- [7] Munoz-Price LS, Weinstein RA. *Acinetobacter* infection[J]. N Engl J Med, 2008, 358(12):1271-1281.
- [8] Colquhoun JM, Rather PN. Insights into mechanisms of biofilm formation in *Acinetobacter baumannii* and implications for uropathogenesis[J]. Front Cell Infect Microbiol, 2020, 10:253-270.
- [9] Willyard C. The drug-resistant bacteria that pose the greatest health threats[J]. Nature, 2017, 543:15-15.
- [10] 张改, 黄德海, 靳静, 等. 肺炎克雷伯菌噬菌体 LH-02 的生物学特性及基因组初步研究[J]. 中国病原生物学杂志, 2016, 11(1):9-12.
- [11] Strathdee SA, Hatfull GF, Mutalik VK, et al. Phage therapy: From biological mechanisms to future directions[J]. Cell, 2023, 186(1):17-31.
- [12] Aleshkin AV, Ershova ON, Volozhantsev NV, et al. Phagebiotics in treatment and prophylaxis of healthcare-associated infections [J]. Bacteriophage, 2016, 6(4):e1251379.
- [13] Tan X, Chen H, Zhang M, et al. Clinical experience of personalized phage therapy against carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* lung infection in a patient with chronic obstructive pulmonary disease[J]. Front Cell Infect Microbiol, 2021, 11:631585-631585.
- [14] LaVergne S, Hamilton T, Biswas B, Kumaraswamy M, et al. Phage therapy for a multidrug-resistant *Acinetobacter baumannii* craniectomy site infection[J]. Open Forum Infect Dis, 2018, 5(4):ofy064.
- [15] Schooley TR, Biswas B, Gill JJ, et al. Development and use of personalized bacteriophage-based therapeutic cocktails to treat a patient with a disseminated resistant *Acinetobacter baumannii* infection[J]. Antimicrob Agents Chemother, 2017, 61(10):e00954-17.
- [16] Damien M, Laurent D. Bacteriophages as twenty-first century antibacterial tools for food and medicine [J]. App Micro Biotechnol, 2011, 90(3):851-859.
- [17] Gilbert V, Daniel V D, Mario V, et al. European regulatory conundrum of phage therapy[J]. Future Microbiol, 2007, 2(5):485-491.
- [18] Yanqi L, Shune X, Guangtao H. *Acinetobacter baumannii* bacteriophage: progress in isolation, genome sequencing, preclinical research, and clinical application [J]. Current Microbiol, 2023, 80(6):199.

【收稿日期】 2024-06-04 【修回日期】 2024-08-30