

DOI:10.13350/j.cjpb.240423

• 综述 •

脓毒症患者的病原菌分布与其病情危重程度相关性研究进展*

崔耀月¹,冯友繁^{2**},张萌³,芦娜⁴

(1. 甘肃卫生职业学院,甘肃兰州 730207;2. 甘肃省人民医院血液科;3. 甘肃省中心医院风湿免疫肾病科;
4. 甘肃省中心医院重症医学科)

【摘要】 脓毒症是一种由感染引起的全身性炎症反应,其病情危重程度与病原菌分布密切相关。近年来,随着病原菌检测技术的进步和临床治疗的不断完善,对脓毒症患者的病原菌分布及其与病情危重程度的相关性有了更深入的认识。研究发现,革兰阴性菌和革兰阳性菌是脓毒症的主要病原菌,而不同种类的病原菌感染患者的病情危重程度存在差异。同时,多重耐药菌感染的出现也给临床治疗带来了巨大挑战。因此,深入研究脓毒症患者的病原菌分布及其与病情危重程度的相关性,对于制定个性化治疗方案、提高治疗效果具有重要意义。本研究参考近年来学者研究,从脓毒症患者病原菌培养分布、脓毒症病情与病原菌类型相关性进行总结,旨在揭示不同类型和数量的病原菌对患者病情的影响,为临床医生评估患者病情和预后提供参考。

【关键词】 脓毒症;病原菌分布;病情危重程度;相关性;综述

【文献标识码】 A

【文章编号】 1673-5234(2024)04-0491-04

[Journal of Pathogen Biology. 2024 Apr.;19(4):491-494.]

Research progress on the correlation between pathogenic bacteria distribution and severity of sepsis

CUI Yaoyue¹, FENG Youfan², ZHANG Meng³, LU Na⁴ (1. Gansu Health Vocational College, Lanzhou 730207, China; 2. Hematology Department of Gansu Provincial People's Hospital; 3. Rheumatology, Immunology and Nephrology Department of Gansu Provincial Central Hospital; 4. Intensive Care Department of Gansu Provincial Central Hospital)

【Abstract】 Sepsis is a systemic inflammatory reaction caused by infection. The severity of sepsis is closely related to the distribution of pathogenic bacteria. In recent years, with the advancement of pathogenic bacteria detection technology and the continuous improvement of clinical treatment, the distribution of pathogenic bacteria in sepsis patients and its correlation with the severity of the disease have been more deeply understood. It was found that gram-negative bacteria and gram-positive bacteria were the main pathogens of sepsis, and there were differences in the severity of disease among patients infected with different kinds of pathogens. At the same time, the emergence of multi-drug resistant bacteria has also brought great challenges to clinical treatment. Therefore, in-depth study of the distribution of pathogenic bacteria in sepsis patients and its correlation with the severity of the disease is of great significance for the development of personalized treatment plan and the improvement of treatment effect. With reference to recent studies by scholars, this study summarized the distribution of pathogenic bacteria in sepsis patients and the correlation between sepsis conditions and pathogen types, aiming to reveal the impact of different types and quantities of pathogenic bacteria on patients' conditions, and provide references for clinicians to evaluate patients' conditions and prognosis.

【Key words】 sepsis; pathogenic bacteria distribution; the severity of the disease; relevance; summarize; review

*** 脓毒症是一种严重的全身性炎症反应,通常由感染引起,其特征是机体对感染产生失控的免疫反应,导致全身炎症、组织损伤和多器官功能障碍。这种病症可以迅速恶化,甚至危及生命^[1]。Rudd 等^[2]研究显示,脓毒症的发病率和死亡率在全球范围内都呈上升趋势。2017 年,全球估计记录了 48 脓毒症病例,报告了 9 万脓毒症相关死亡,占全球所有死亡人数的 12.0%,脓毒症发病率和死亡率在各区域差异很大,撒哈拉以南非洲、大洋洲、南亚、东亚和东南亚的负担最高,截至目前,脓毒症仍然是全球健康损失的主要原因。尤其在医院内,脓毒症是一种常见的并发症,与医疗操作、手术、长期卧床等因素有关^[3]。病原菌培养在脓毒症的诊断与治疗中具有重要的地位和作用,通过病原菌培养可以准确地鉴定出感染的病原菌种

类,了解引起脓毒症的特定病原菌有助于医生制定针对性的治疗方案。不同种类的病原菌可能对不同的抗菌药物敏感,因此准确地鉴定病原菌种类对于选择合适的药物至关重要^[4]。本文系统性汇总了脓毒症患者的病原菌分布与其病情危重程度相关性研究证据,以期为临床制定更有效的治疗方案,从而改善患者的预后和生活质量提供参考。

* 【基金项目】 甘肃省自然科学基金项目(No. 22JR5RA660)。

** 【通讯作者】 冯友繁,E-mail:fengyoufan@163.com

【作者简介】 崔耀月(1990-),女,甘肃白银市人,硕士研究生,助理讲师,研究方向:脓毒症相关方面。

E-mail:qst730000@163.com

1 常见病原菌类型及特点

1.1 草兰阴性菌 脓毒症中常见的草兰阴性菌包括大肠埃希菌、铜绿假单胞菌、肺炎克雷伯菌、鲍曼不动杆菌、产气肠杆菌、奇异变形杆菌^[5]。大肠埃希菌主要存在于人和动物的肠道中，是肠道正常菌群的一部分。但当机体免疫力下降或肠道黏膜受损时，大肠埃希菌可以侵入血液循环，引起脓毒症。Stoll等^[6]指出，极低出生体重儿中大肠埃希菌感染导致的早发型脓毒症需引起临床关注。铜绿假单胞菌是一种广泛存在于自然界和医院环境中的草兰阴性菌，具有多种耐药机制，是医院内感染的重要致病菌之一。在脓毒症中，铜绿假单胞菌可以通过产生内毒素和外毒素等致病物质，引起严重的炎症反应和多器官功能障碍。Lin等^[7]发现，铜绿假单胞菌引发的脓毒症与X连锁无丙种球蛋白血症(X-linked agammaglobulinemia, XLA)有紧密联系。肺炎克雷伯菌主要存在于人和动物的呼吸道和肠道中。Bengoechea等^[8]研究强调，肺炎克雷伯菌复杂的免疫逃避机制使克雷伯氏菌成为一种强大的病原体。在脓毒症中，肺炎克雷伯菌可以通过产生多种致病物质，如内毒素、外毒素和细胞溶解素等，引起严重的炎症反应和组织损伤。You等^[9]发现，肺炎克雷伯菌引发的引起的早发性和晚发性脓毒症临床特征存在一定差异，晚发性脓毒症可能导致并发症的发生率更高。鲍曼不动杆菌具有多种耐药机制，是医院内感染的重要致病菌之一，鲍曼不动杆菌可以通过产生多种致病物质和免疫逃避机制，逃避宿主免疫系统的清除，持续存在于机体内并引起严重的炎症反应^[10]。产气肠杆菌是一种常见的草兰阴性菌，主要存在于人和动物的肠道中。在脓毒症中，产气肠杆菌可以通过产生多种致病物质和黏附因子等机制，引起严重的肠道炎症和全身炎症反应。Weselich等^[11]研究发现，在血流感染患者中，产气肠杆菌与其他肠杆菌属相比，临床预后较差。

1.2 草兰阳性菌 草兰阳性菌是一类细胞壁较厚、草兰染色呈阳性的细菌^[12-13]。一些草兰阳性菌是人类和动物的正常菌群，但也有一些是致病菌，可以引起各种感染性疾病^[14]。草兰阳性菌还具有独特的耐药机制和传播方式，给临床治疗带来了一定的挑战。金黄色葡萄球菌是一种常见的草兰阳性球菌，由于其适应性强和易传播的特点，金黄色葡萄球菌成为引发各种感染的主要病原体之一。在脓毒症中，金黄色葡萄球菌通过产生多种毒素和酶类物质，引发强烈的炎症反应，导致组织损伤和器官功能障碍。Shadbolt等^[15]研究显示，金黄色葡萄球菌导致的脓毒症婴儿比没有脓毒症的婴儿呼吸支持的中位持续时间更长，与没有脓毒症的婴儿相比，金黄色葡萄球菌脓毒症与更差的神经发育结果相关。Sun等^[16]表明，黄色葡萄球菌引发的脓毒症最常见的脏器损害是神经系统(68.6%)、呼吸系统(48.6%)和凝血系统(45.7%)。粪肠球菌主要存在于人类和动物的肠道中，当机体免疫力下降或肠道黏膜受损时，粪肠球菌可侵入血液循环，引发脓毒症。其致病机制包括产生内毒素、外毒素和细胞溶解素等有毒物质，引发强烈的炎症反应。粪肠球菌还具有黏附和侵袭能力，可进一步加重感染的程度。Kobayashi等^[17]提出，戒酒可提高饮酒患者粪肠球菌口腔感染引起的肠道细菌相关脓毒症的抗菌防御。屎肠球菌与粪肠球菌类似，也是一种草兰阳性球菌，主要存在于肠道中。屎肠球菌具有较强的环境适应性和耐药性，因此在一些情况下可能更难治疗，它通过相同的途径侵入血液循环，引发脓毒症。屎肠

球菌的致病机制与粪肠球菌相似，但可能更具侵袭性。链球菌是一种草兰阴性球菌，广泛存在于自然界和人体皮肤黏膜。链球菌可通过多种途径引发感染，包括皮肤破损、呼吸道吸入和食物摄入等。在脓毒症中，链球菌主要通过产生毒素和激活免疫系统来引发炎症反应。链球菌的致病机制较为复杂，包括细胞壁成分的刺激作用、毒素的直接损伤以及免疫反应的过度激活等。黄薇等^[18]表示，链球菌感染的脓毒症早发型患儿以气促、呻吟呼吸系统症状为主。

1.3 真菌 真菌是除草兰阴性菌、草兰阳性菌外，另一种脓毒症重要的致病菌之一。白色假丝酵母菌、热带假丝酵母菌、光滑念珠菌是常见的引发脓毒症的真菌。白色假丝酵母菌与脓毒症的关系非常密切。白色假丝酵母菌是一种常见的真菌，广泛存在于自然界和人体中。当机体免疫力下降或黏膜受损时，白色假丝酵母菌可侵入血液循环系统，引发严重的感染，即脓毒症^[19]。白色假丝酵母菌的致病机制主要包括产生多种有毒代谢产物和引发炎症反应。这些有毒代谢产物可以导致组织损伤和器官功能障碍，而炎症反应则进一步加剧了感染的严重程度。在脓毒症的发生发展过程中，白色假丝酵母菌可以迅速繁殖并扩散至全身各个器官，严重威胁患者的生命。Lv等^[20]研究指出，在白色假丝酵母菌中靶向 FLO8 可引起针对多种微生物感染的保护性免疫反应，改善脓毒症患者病症。热带假丝酵母菌的致病机制主要包括黏附和侵袭能力、毒素的产生以及引发炎症反应等。这种真菌具有较强的黏附能力，可以附着在人体细胞表面并侵入细胞内部，破坏细胞的完整性。同时，热带假丝酵母菌还能产生多种有毒代谢产物，如溶血素、磷脂酶等，这些代谢产物可以导致组织损伤和炎症反应，从而加重脓毒症的病情。在脓毒症的发生发展过程中，热带假丝酵母菌可以迅速繁殖并扩散至全身各个器官。目前全国范围内关于热带假丝酵母菌感染导致的脓毒症案例较少，Murgu等^[21]报道了一例热带假丝酵母菌感染脓毒症和其他细菌重叠感染等案例，有较大医疗管理难度。光滑念珠菌是一种常见的真菌，它可以侵入人体并引发严重的感染，包括脓毒症^[22]。光滑念珠菌具有较强的黏附和侵袭能力，可以附着在人体细胞表面并侵入细胞内部，破坏细胞的完整性。此外，光滑念珠菌还可以产生多种有毒代谢产物，引发炎症反应。光滑念珠菌感染引发的脓毒症的临床表现与其他类型的真菌感染引发的脓毒症相似，但可能更具侵袭性^[23]。同时，光滑念珠菌感染还可能引发皮肤损害和其他并发症，如肺炎、腹膜炎等。

2 脓毒症病原菌类型与病情危重程度的相关性

脓毒症的常见病原菌包括草兰阳性球菌、草兰阴性杆菌、真菌等。其中，草兰阳性球菌如金黄色葡萄球菌、肺炎链球菌等是常见的致病菌，草兰阴性杆菌如大肠埃希菌、克雷伯菌等也是常见的致病菌。此外，真菌中，白色假丝酵母菌、热带假丝酵母菌、光滑念珠菌等都是重要的致病菌。

2.1 脓毒症病原菌类型影响病情 不同类型的病原菌引发的炎症反应程度和类型有所不同。草兰阳性球菌与草兰阴性杆菌是脓毒症中最常见的两种病原菌。草兰阳性球菌如金黄色葡萄球菌，能够迅速引发强烈的炎症反应，使体内大量释放炎症介质，如肿瘤坏死因子和白介素。这种“细胞因子风暴”可以导致组织损伤，甚至引发多器官功能衰竭。草兰阴性杆菌，如大肠埃希菌和克雷伯菌，也是脓毒症常见的致病菌之一。与革

革兰阳性球菌相比,革兰阴性杆菌引发的炎症反应更为复杂。它们可以产生内毒素并激活体内的补体系统,进一步放大炎症反应。此外,革兰阴性杆菌感染还可能导致脓毒症休克和多器官功能衰竭等严重并发症的发生。因此,革兰阴性杆菌感染导致的脓毒症病情也往往较为严重。除了这两大类细菌,真菌也是脓毒症中不可忽视的病原菌。真菌,如白色假丝酵母菌和热带假丝酵母菌,也是脓毒症的重要致病菌之一。真菌感染的脓毒症往往具有较强的侵袭性和持久性,且难以控制。真菌感染引发的炎症反应通常较为持久,且可能导致免疫系统的过度激活和炎症反应的失控,进一步加剧病情的危重程度。此外,真菌感染还可能引发其他并发症,如肺炎、腹膜炎等,严重威胁患者的生命。

目前,关于不同类型的病原菌与患者病情危害性的结论仍旧存在争议,如 Wang 等^[24]研究表明,与革兰阴性菌感染相比,革兰阳性菌感染引起的宿主炎症反应更强。Li 等^[25]研究提示,革兰阴性菌感染和革兰阳性菌细菌引起的脓毒症的预后无显著差异。从过往数据库研究分析发现,革兰阴性菌引起的脓毒症比革兰阳性菌引起的脓毒症更严重,此外,革兰阴性菌患者炎症因子浓度显著高于革兰阳性菌感染患者^[26-29]。但近年有越来越多研究表现出了不同观点。Guo 等^[30]认为引起脓毒症的病原体过去主要是革兰阴性细菌,但现在逐渐被革兰阳性菌所取代。Blaskovich 等^[31]指出,革兰阳性菌引起的脓毒症的发病率和死亡率呈上升趋势,这可能与革兰阳性菌耐药性有关。在 Tang 等^[32]的研究中,革兰阴性细菌能够引起更严重的脓毒症,但革兰阴性组和革兰阳性组在生存率或住院时间方面没有差异。还有学者表示,除革兰阴性菌、革兰阳性菌外,还应考虑多种微生物感染的情况,多种微生物感染是重症脓毒症的危险因素^[33]。Dar 等^[34]研究发现,革兰阴性菌、革兰阳性菌合并感染者死亡率显著增加。此外,近年来,真菌感染导致的脓毒症发病率也开始逐步升高,与其他两组致病菌相比,真菌感染的治疗难度相对较大,也可能增加患者的病死率,需要被临床重视。

2.2 脓毒症病情影响病原菌发展 除分析病原菌对脓毒症患者的影响外,脓毒症病情的进展也会对病原菌产生影响^[35]。邓艳华等^[36]发现,脓毒症患者病原菌数量随病情加重而增加,医院内脓毒症患者急性就诊时应根据患者病情危重程度给予有效抗菌药物,以达到及时控制病情发展、降低病死率目的。首先,脓毒症病情发展对革兰阳性菌的影响非常显著。随着病情的加重,患者体内革兰阳性菌的主要病原菌分布类型发生了明显的变化。一些常见的病原菌如金黄色葡萄球菌和肺炎链球菌的数量明显增加。这些病原菌具有强烈的致病性和毒力,能够引发强烈的炎症反应,导致组织损伤和多器官功能衰竭。因此,革兰阳性菌的增多与脓毒症病情的严重程度密切相关。其次,与革兰阳性菌相比,脓毒症病情发展对革兰阴性菌和真菌的影响较小。虽然革兰阴性菌和真菌也是脓毒症的重要致病菌,但在病情加重的过程中,它们的分布类型和数量并没有发生明显的变化。这可能是因为革兰阴性菌和真菌的致病机制和生存策略与革兰阳性菌有所不同,使它们能够在脓毒症的环境中保持相对稳定。此外,研究还发现,随着脓毒症病情的加重,所有种属细菌的数量都呈现出增加的趋势。这表明脓毒症病情的发展提供了一个适宜的环境,促进了各种病原菌的生

长和繁殖。这也解释了为什么脓毒症患者往往会出现多种病原菌的混合感染,增加了治疗的难度和复杂性。由此可知,对于脓毒症的治疗和预防,了解病情发展对病原菌分布的影响至关重要。医生需要根据患者的具体情况和病原菌类型制定个性化的治疗方案。对于革兰阳性菌感染的患者,应及时采取有效的抗菌药物治疗,并密切监测病情的变化。对于革兰阴性菌和真菌感染的患者,治疗策略可能需要更加注重免疫调节和炎症反应的控制。

3 总结与展望

目前来看,革兰阳性菌是脓毒症中最常见的病原菌,其中葡萄球菌属为主,尤其是金黄色葡萄球菌。革兰阴性菌常见有大肠埃希菌、克雷伯菌等,真菌在脓毒症中也有一定的占比,以白色假丝酵母菌为主。三种致病菌与脓毒症的病情严重程度密切相关,且可相互影响,致病菌耐药性与病菌重叠感染会增加脓毒症治疗难度,脓毒症的发展又可进一步增加致病菌数量。作为全球健康负担较大的疾病之一,未来临床还需继续关注脓毒症发病及相关影响,进一步了解不同病原菌如何引发脓毒症的详细机制,基于对不同病原菌致病机制的深入理解,寻找新的治疗靶点,开发更有针对性的抗菌药物或其他治疗方法,以提高脓毒症的治疗效果并降低其发病率和死亡率。

【参考文献】

- [1] Huang M,Cai S,Su J. The pathogenesis of sepsis and potential therapeutic targets[J]. Int J Mol Sci,2019,20(21):5376.
- [2] Rudd KE,Johnson SC,Agesa KM,et al. Global, regional, and national sepsis incidence and mortality,1990-2017:analysis for the Global Burden of Disease Study[J]. Lancet,2020,395(10219):200-211.
- [3] Fleischmann-Struzek C,Mellhammar L,Rose N,et al. Incidence and mortality of hospital- and ICU-treated sepsis;results from an updated and expanded systematic review and meta-analysis[J]. Intensive Care Med,2020,46(8):1552-1562.
- [4] Rhee C,Dantes R,Epstein L,et al. Incidence and trends of sepsis in us hospitals using clinical vs claims data, 2009-2014 [J]. JAMA,2017,318(13):1241-1249.
- [5] Leprince A, Mahillon J. Phage adsorption to gram-positive bacteria[J]. Viruses,2023,15(1):196.
- [6] Stoll BJ,Puopolo KM,Hansen NI,et al. Early-onset neonatal sepsis 2015 to 2017,the rise of *Escherichia coli*,and the need for novel prevention strategies[J]. JAMA Pediatr,2020,174 (7):e200593.
- [7] Lin SC,Chiang BL,Lee YJ,et al. *Pseudomonas aeruginosa* sepsis presenting as oral ecthyma gangrenosum in identical twins with Bruton tyrosine kinase gene mutation: Two case reports and review of the literature[J]. J Microbiol Immunol Infect,2020,53 (6):1030-1034.
- [8] Bengoechea JA,Sa Pessoa J. *Klebsiella pneumoniae* infection biology:living to counteract host defences[J]. FEMS Microbiol Rev,2019,43(2):123-144.
- [9] You T,Zhang H,Guo L,et al. Differences in clinical characteristics of early- and late-onset neonatal sepsis caused by *Klebsiella pneumoniae* [J]. Int J Immunopathol Pharmacol,2020,34:2058738420950586.

- [10] Lahmer T, Messer M, Schnappauf C, et al. *Acinetobacter baumannii* sepsis is fatal in medical intensive care unit patients: six cases and review of literature [J]. *Anaesth Intensive Care*, 2014, 42(5):666-668.
- [11] Wesevich A, Sutton G, Ruffin F, et al. Newly named *Klebsiella aerogenes* (formerly *Enterobacter aerogenes*) is associated with poor clinical outcomes relative to other enterobacter species in patients with bloodstream infection[J]. *J Clin Microbiol*, 2020, 58(9):e00582-20.
- [12] 朱征,赵斌.重症急性胰腺炎继发脓毒症菌群变化和耐药特征[J].医学临床研究,2019,36(12):2410-2412.
- [13] Briaud P, Carroll RK. Extracellular vesicle biogenesis and functions in gram-positive bacteria[J]. *Infect Immun*, 2020, 88(12):e00433-20.
- [14] Brown L, Wolf JM, Prados-Rosales R, et al. Through the wall: extracellular vesicles in Gram-positive bacteria, mycobacteria and fungi[J]. *Nat Rev Microbiol*, 2015, 13(10):620-30.
- [15] Shadbolt R, We MLS, Kohan R, et al. Neonatal *Staphylococcus aureus* sepsis: a 20-year Western Australian experience[J]. *J Perinatol*, 2022, 42(11):1440-1445.
- [16] Sun C, Tan D, Yu J, et al. Predictive models for sepsis in children with *Staphylococcus aureus* bloodstream infections: A retrospective cohort study[J]. *BMC Pediatr*, 2023, 23(1):496.
- [17] Kobayashi M, Asai A, Ito I, et al. Short-term alcohol abstinence improves antibacterial defenses of chronic alcohol-consuming mice against gut bacteria-associated sepsis caused by *Enterococcus faecalis* oral infection[J]. *Am J Pathol*, 2017, 187(9):1998-2007.
- [18] 黄薇,林广,柳国胜,等.新生儿B族链球菌脓毒症30例临床分析[J].中华实用儿科临床杂志,2017,32(22):1721-1724.
- [19] Ding X, Kambara H, Guo R, et al. Inflammasome-mediated GSDMD activation facilitates escape of *Candida albicans* from macrophages[J]. *Nat Commun*, 2021, 12(1):6699.
- [20] Lv QZ, Li DD, Han H, et al. Priming with FLO8-deficient *Candida albicans* induces Th1-biased protective immunity against lethal polymicrobial sepsis[J]. *Cell Mol Immunol*, 2021, 18(8):2010-2023.
- [21] Murgu AM, Criscov IG, Fotea S, et al. Particularities of the management and the treatment in a rare sepsis with *Candida tropicalis* of a collodion baby: Case report [J]. *Medicine (Baltimore)*, 2017, 96(51):e9387.
- [22] Duggan S, Usher J. *Candida glabrata*: A powerhouse of resistance[J]. *PLoS Pathog*, 2023, 19(10):e1011651.
- [23] Gabald n T, Fairhead C. Genomes shed light on the secret life of *Candida glabrata*: not so asexual, not so commensal[J]. *Curr Genet*, 2019, 65(1):93-98.
- [24] Wang JE, Dahle MK, McDonald M, et al. Peptidoglycan and lipoteichoic acid in gram-positive bacterial sepsis: receptors, signal transduction, biological effects, and synergism [J]. *Shock*, 2003, 20(5):402-414.
- [25] Li S, Rong H, Guo Q, et al. Serum procalcitonin levels distinguish Gram-negative bacterial sepsis from Gram-positive bacterial and fungal sepsis[J]. *J Res Med Sci*, 2016, 21:39.
- [26] Surbatovic M, Popovic N, Vojvodic D, et al. Cytokine profile in severe gram-positive and gram-negative abdominal sepsis[J]. *Sci Rep*, 2015, 5:11355.
- [27] Chen W, Niu SP, Zang XF, et al. Early diagnostic value of combined inflammatory cytokines in bloodstream infection with different organisms[J]. *Chin J Emerg Med*, 2015, 24(4):369-373.
- [28] 赵磊,臧学峰,陈炜,等.血中炎性指标水平与细菌性血流感染所致脓毒症患者病情严重程度的相关性分析[J].中华危重病急救医学,2015,27(6):448-453.
- [29] Guo SY, Zhou Y, Hu QF, et al. Procalcitonin is a marker of gram-negative bacteremia in patients with sepsis[J]. *Am J Med Sci*, 2015, 349(6):499-504.
- [30] Guo Q, Qu P, Cui W, et al. Organism type of infection is associated with prognosis in sepsis: an analysis from the MIMIC-IV database[J]. *BMC Infect Dis*, 2023, 23(1):431.
- [31] Blaskovich MAT, Hansford KA, Butler MS, et al. A lipoglycopeptide antibiotic for gram-positive biofilm-related infections[J]. *Sci Transl Med*, 2022, 14(662):2381.
- [32] Tang A, Shi Y, Dong Q, et al. Prognostic differences in sepsis caused by gram-negative bacteria and gram-positive bacteria: A systematic review and meta-analysis[J]. *Crit Care*, 2023, 27(1):467.
- [33] Montull B, Menendez R, Torres A, et al. Predictors of severe sepsis among patients hospitalized for community-acquired pneumonia[J]. *PLoS One*, 2016, 11(1):0145929.
- [34] Dar S, Erickson D, Manca C, et al. The impact of COVID on bacterial sepsis[J]. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*, 2023, 42(10):1173-1181.
- [35] 张然,张晗.血清PTX3、sTREM-1、SOCS3联合对细菌性脓毒症患者的诊断价值[J].中国病原生物学杂志,2023,18(4):456-459,464.
- [36] 邓艳华,叶露,康建邦,等.脓毒症患者病原菌培养分布及与病情危重程度的相关性[J].中华生物医学工程杂志,2021,27(6):683-687.

【收稿日期】 2023-10-28 【修回日期】 2024-01-14