DOI: 10. 13350/j. cjpb. 250321

• 临床研究 •

肺癌患者病理分型及术后院内感染病原学特点分析

崔莹1,崔佳1,薛锐泽1,刘待见2*

(1. 郑州卫生健康职业学院,河南郑州 450000;2. 郑州大学第二附属医院呼吸内科)

【摘要】 目的 分析肺癌患者病理分型与术后院内感染病原学特点,以期为临床制定针对性预防措施提供科学依据, 降低术后院内感染的发生率,提高患者的生存质量。 方法 选取本院 2021 年 4 月~2024 年 4 月收治的 117 例肺癌术 后并发院内感染患者为本次研究对象,分析患者病原菌分布特点及肺炎克雷伯菌的耐药性。依据病理分型将患者分为 腺癌组、鳞癌组和小细胞肺癌组,对比分析不同病理分型患者性别、年龄分布特点及血清肿瘤标志物水平变化情况。 **结果** 在117 例院内感染患者中,腺癌占44.44%,鳞癌占32.48%,小细胞癌占23.08%。腺癌患者中,女性占55.77%, 鳞癌患者中,男性占78.95%,小细胞癌患者中,男性占59.26%。性别比例在不同肺癌病理分型中存在显著差异(P< 0.05)。腺癌患者中,60~岁年龄段占比最高,为59.62%;鳞癌患者中,50~岁年龄段最多,占36.84%;小细胞癌患者 中,50~岁年龄段最多,占37.04%。不同肺癌病理分型患者的年龄分布存在显著差异(P<0.05)。在117 例患者中,82例患有呼吸系统感染,占70.09%;23 例患有泌尿系统感染,占19.66%;10 例患有口咽部感染,占8.55%;2 例患有消化 系统感染,占1.71%。共检出122株病原菌,其中革兰阴性菌80株,占65.57%;革兰阳性菌24株,占19.67%;真菌18 株,占14.75%。在革兰阴性菌中,肺炎克雷伯菌22株,占比最高;其次是铜绿假单胞菌15株,流感嗜血杆菌13株,大肠 埃希菌 9 株,鲍曼不动杆菌和嗜麦芽单胞菌各 7 株,阴沟肠杆菌 5 株,卡他莫拉菌 2 株。革兰阳性菌中,肺炎链球菌 10 株,金黄色葡萄球菌7株,表皮葡萄球菌5株,屎肠球菌2株。真菌中,白色假丝酵母菌10株,黄曲霉5株,曲霉素3株。 肺炎克雷伯菌对氨苄西林、哌拉西林、头孢替坦、氨曲南、庆大霉素的耐药率高于60%,对头孢吡肟、头孢哌酮/舒巴坦、 亚胺培南、美罗培南、阿米卡星的耐药率低于30%。腺癌组患者血清CEA、SCC、NSE、CYFRA21-1水平分别为(13.39± 13.15)ng/mL、(0.86±0.60)ng/mL、(12.42±4.33)ng/mL、(4.62±2.12)ng/mL;鳞癌组患者血清 CEA、SCC、NSE、 CYFRA21-1 水平分别为(3.99±2.34)ng/mL、(3.35±2.05)ng/mL、(13.38±4.00)ng/mL、(6.79±3.63)ng/mL;小细 胞癌组患者血清 CEA、SCC、NSE、CYFRA21-1 水平分别为(3.88±2.24)ng/mL、(0.99±0.47)ng/mL、(52.19±23.71) ng/mL、(5.24±2.78)ng/mL。三组患者血清 CEA、SCC、NSE、CYFRA21-1 水平差异有统计学意义(P<0.05)。 肺癌术后院内感染患者病原菌主要为革兰阴性菌,以肺炎克雷伯菌为主,对临床常用抗菌药物的耐药率较高。不同肺 癌病理分型的患者,其性别、年龄分布、肿瘤标志物水平均存在明显差异,因此,在临床治疗中,针对不同类型的肺癌患 者,应结合病原菌耐药情况及患者肿瘤标志物水平,制定个体化的抗感染治疗方案,以提高治疗效果,降低感染风险。

【关键词】 肺癌;病理分型;院内感染;肿瘤标志物

【文献标识码】 A

【文章编号】 1673-5234(2025)03-0373-05

[Journal of Pathogen Biology. 2025 Mar.; 20(03):373-377.]

Analysis of pathological types of lung cancer patients and etiological characteristics of postoperative nosocomial infections

CUI Ying¹, CUI Jia¹, XUE Ruize¹, LIU Daijian² (1. Zhengzhou Health Vocational College, Zhengzhou 450000, China; 2. Department of Respiratory Medicine, the Second Affliated Hospital of Zhengzhou University)*

[Abstract] Objective The pathological types of lung cancer patients and the etiological characteristics of postoperative nosocomial infections were analyzed, in order to provide a scientific basis for formulating targeted preventive measures in clinical practice, reduce the incidence of postoperative nosocomial infections, and improve the quality of life of patients.

Methods A total of 117 lung cancer patients with postoperative nosocomial infections admitted to our hospital from April 2021 to April 2024 were selected as the research objects in this study. The distribution characteristics of pathogenic bacteria and the drug resistance of Klebsiella pneumoniae in these patients were analyzed. According to pathological types, the patients were divided into adenocarcinoma group, squamous cell carcinoma group and small cell lung cancer group. The gender and age distribution characteristics and changes in serum tumor marker levels of patients with different pathological types were compared and analyzed. Results Among the 117 nosocomial infection patients, adenocarcinoma

[【]通信作者】 刘待见, E-mail: 15136119535@163. com

accounted for 44.44%, squamous cell carcinoma accounted for 32.48%, and small cell carcinoma accounted for 23.08%. Among adenocarcinoma patients, females accounted for 55, 77%. Among squamous cell carcinoma patients, males accounted for 78. 95%. Among small cell carcinoma patients, males accounted for 59. 26%. There was a significant difference in gender ratio among different pathological types of lung cancer (P < 0.05). Among adenocarcinoma patients, the age group of >60 years old accounts for the highest proportion, which was 59.62%. Among squamous cell carcinoma patients, the age group of >50 years old was the most, accounting for 36.84%. Among small cell carcinoma patients, the age group of > 50 years old was the most, accounting for 37, 04%. There were significant differences in the age distribution of patients with different pathological types of lung cancer (P < 0.05). Among the 117 patients, 82 had respiratory system infections, accounting for 70, 09 \%; 23 had urinary system infections, accounting for 19, 66 \%; 10 had oropharyngeal infections, accounting for 8.55%; 2 had digestive system infections, accounting for 1.71%. A total of 122 strains of pathogenic bacteria were detected, of which 80 were Gram-negative bacteria, accounting for 65. 57 %; 24 were Gram-positive bacteria, accounting for 19. 67%; and 18 were fungi, accounting for 14. 75%. Among Gram-negative bacteria, 22 strains of Klebsiella pneumoniae had the highest proportion; followed by 15 strains of Pseudomonas aeruginosa, 13 strains of Haemophilus influenzae, 9 strains of Escherichia coli, 7 strains each of Acinetobacter baumannii and Stenotrophomonas maltophilia, 5 strains of Enterobacter cloacae, and 2 strains of Moraxella catarrhalis. Among Gram-positive bacteria, there were 10 strains of Streptococcus pneumoniae, 7 strains of Staphylococcus aureus, 5 strains of Staphylococcus epidermidis, and 2 strains of Enterococcus faecium. Among fungi, there were 10 strains of Candida albicans, 5 strains of Aspergillus flavus, and 3 strains of Aspergillus. The drug resistance rate of K. pneumoniae to ampicillin, piperacillin, cefotetan, aztreonam and gentamicin was higher than 60%, and the drug resistance rate to cefepime, cefoperazone/sulbactam, imipenem, meropenem and amikacin was lower than 30%. The levels of serum CEA, SCC, NSE and CYFRA21-1 in the adenocarcinoma group were (13, 39 ± 13 , 15) ng/mL, (0, 86 ± 0 , 60) ng/mL, (12, 42 ± 0 4.33) ng/mL and (4.62 \pm 2.12) ng/mL respectively; the levels of serum CEA, SCC, NSE and CYFRA21-1 in the squamous cell carcinoma group were (3.99 \pm 2.34) ng/mL,(3.35 \pm 2.05) ng/mL,(13.38 \pm 4.00) ng/mL and (6.79 \pm 3.63) ng/mL respectively; the levels of serum CEA, SCC, NSE and CYFRA21-1 in the small cell lung cancer group were (3.88 ± 2.24) ng/mL, (0.99 ± 0.47) ng/mL, (52.19 ± 23.71) ng/mL and (5.24 ± 2.78) ng/mL respectively. The differences in the levels of serum CEA, SCC, NSE and CYFRA21-1 among the three groups were statistically significant (P<0.05). Conclusion The pathogenic bacteria in patients with nosocomial infection after lung cancer surgery were mainly Gram-negative bacteria, mainly K. pneumoniae, and had a high resistance rate to commonly used antibacterial drugs in clinical practice. For patients with different pathological types of lung cancer, there were obvious differences in gender, age distribution, and tumor marker levels. Therefore, in clinical treatment, for different types of lung cancer patients, individualized anti-infective treatment plans should be formulated in combination with the drug resistance of pathogenic bacteria and the level of tumor markers in patients to improve the treatment effect and reduce the risk of infection.

[Keywords] lung cancer; pathological classification; nosocomial infection; tumor markers

肺癌在一定程度上表现出遗传易感性以及家族聚集现象,发病群体主要集中在老年人群中。近年来,肺癌的发病率呈现出逐年上升的趋势,这一现象引起了医学界和公众的广泛关注[1]。尽管近年来,肺癌的早期诊断技术和治疗方法取得了显著的进步和突破,但其整体预后情况仍然令人担忧。根据相关统计数据,肺癌患者的5年生存率依然维持在一个较低的水平,低于15%[2]。肺癌在全球范围内对人类健康构成了巨大的威胁,对于早期发现的肺癌患者来说,手术治疗通常是最佳的选择[3]。然而,患者在接受手术治疗后,其气道结构会发生显著的变化,使得病菌更容易在体内定植,从而增加了感染的风险[4]。此外,部分肺癌患者在手术后需要留置胸腔引流管,以帮助排出积液和气体,促进肺部复张,但同时也为细菌和其他病原体提

供了进入体内的通道,进一步增加了患者在住院期间发生感染的可能性。院内感染不仅会延长患者的住院时间,还会对患者的治疗过程产生负面影响,导致患者在化疗过程中无法按照既定的周期和剂量接受治疗,增加患者医疗费用,对患者预后产生不利影响^[5]。院内感染可能会导致患者的康复进程变慢,甚至出现更严重的并发症,甚至直接导致患者的死亡,从而显著降低患者的总生存率,对患者的长期生存构成威胁^[6]。因此,针对院内感染的有效防控至关重要。本次研究回顾性分析 117 例肺癌术后并发院内感染患者为研究对象,探析肺癌患者病理分型以及术后院内感染病原学特点,结果报告如下。

对象与方法

1 研究对象

选取 2021 年 4 月~2024 年 4 月,于郑州大学第 二附属医院呼吸内科接受治疗的 117 例肺癌术后并发 院内感染患者为本次研究对象。男性患者 69 例,女性 患者 48 例,年龄 18~75 岁,平均年龄(61. 47±7. 26) 岁。诊断标准:①肺癌患者符合《中国原发性肺癌诊疗 规范(2015 年版)》相关诊断标准^[7];②满足手术指征, 于本院进行肺癌根治术治疗;③经多项综合检查确诊 为术后院内感染,符合相关诊断标准^[8];④未发生远处 转移者。排除标准:①多脏器功能衰竭者;②合并凝血 功能障碍者;③合并其他恶性肿瘤疾病者;④术前合并 感染性疾病者;⑤术前有长期使用激素、抗菌药物治疗 史;⑥合并精神类疾病,认知功能障碍,无法配合研究 者。

2 资料收集

收集参与本次研究所有患者临床资料,包括患者 性别、年龄、病理分型、感染部位等。

3 病原菌鉴定及药敏试验

针对手术后 3 天内疑似出现院内感染的患者,采集患者痰液、尿液、分泌物、血液、腹水、粪便等相关生物样本,置于专用无菌容器中,立即送往实验室进行检测。使用无菌接种环挑取样本,并采用三区划线法将样本接种于巧克力平板或羊血培养基上。接种完毕后,将培养基放置于 37 ℃的温箱内孵育过夜。使用全自动微生物分析仪(VITEK 2 Compact,由法国梅里埃公司生产)进行菌种鉴定。对分离出的肺炎克雷伯菌菌株进行药敏试验,将分离的菌株制备成菌悬液后,加入药敏板内。然后,将药敏板放置于恒温箱内进行16~18 h 培养。通过药敏分析系统进行药敏试验结果分析,并生成详细的报告。

4 血清肿瘤标志物水平测定

检查当日清晨,于患者空腹状态下,采集肘部静脉血 3~5 mL,置于真空抗凝管内保存送检。室温状态静置 30 min 后,3 000 r/min(离心半径 10 cm)离心 10 min,分离血清,保存于-80 ℃冰箱内待检。采用全自动生化分析仪(BX-3010 型,日本 Sysmex 公司)及配套试剂(北京华科泰生物技术有限公司)测定血清癌胚抗原(CEA)、鳞状细胞癌抗原(SCC)、神经特异性烯醇化酶(NSE)和细胞角蛋白片段(CYFRA21-1)水平。

5 统计分析

采用 SPSS 22.0 软件进行数据处理,计数资料以例数和百分比表示,组间比较采用 χ^2 检验;计量资料以均值士标准差表示,两组间比较采用 t 检验。P<0.05 为差异有统计学意义。按照患者肺癌病理分型,分为腺癌组、鳞癌组、小细胞癌组,对比不同分组患者性别、年龄分布特点及肿瘤标志物水平变化情况。

结 果

1 肺癌患者病理分型

117 例患者中,52 例为腺癌(44.44%,52/117),38 例为鳞癌(32.48%,38/117),27 例为小细胞癌 (23.08%, 27/117)。 腺癌患者中,男性 23 例 (44.23%,23/52),女性29例(55.77%,29/52);鳞癌 患者中,男性 30 例(78.95%,30/38),女性 8 例 (21.05%, 8/38); 小细胞癌患者中,男性 16 例 (59.26%, 16/27),女性 11 例(40.74%, 11/27)。不同 病理分型患者中,性别占比对比差异具有统计学意义 $(\chi^2 = 10.938, P < 0.05)$ 。腺癌患者中, < 40 岁 2 例 $(3.85\%,2/52),40\sim$ 岁 5 例 $(9.62\%,5/52),50\sim$ 岁 10 例 (19. 23%, 10/52), $60 \sim 8$ 31 例 (59. 62%, 31/52),≥70岁4例(7.69%,4/52)。鳞癌患者中,<40 岁1例(2.63%,1/38), $40\sim$ 岁4例(10.53%,4/38), $50 \sim$ 岁 14 例 (36, 84%, 14/38), $60 \sim$ 岁 15 例 (39.47%,15/38), ≥ 70 岁 4 例 (10.53%,4/38)。 腺 癌患者中,<40 岁 2 例(7.41%,2/27),40~岁 8 例 岁 4 例 (14.81%, 4/27), ≥ 70 岁 3 例 (11.11%, 3/27)。不同病理分型患者中,年龄分布情况差异有统计 学意义($\chi^2 = 18.298, P < 0.05$)。

2 病原菌分布特点

117 例患者中,82 例为呼吸系统感染(70.09%, 82/117),23 例为泌尿系统感染(19.66%,23/117),10 例为口咽部感染(8.55%,10/117),2 例为消化系统感 染(1.71%,2/117)。共检出病原菌 122 株,其中革兰 阴性菌 80 株(65.57%,80/122),革兰阳性菌 24 株 (19.67%,24/122),真菌 18株(14.75%,18/122)。革 兰阴性菌中,包括 22 株肺炎克雷伯菌(18.03%,22/ 122),15 株铜绿假单胞菌(12.3%,15/122),13 株流感 嗜血杆菌(10.66%,13/122),9 株大肠埃希菌 (7.38%,9/122),7 株鲍曼不动杆菌(5.74%,7/122),7 株嗜麦芽单胞菌(5.74%,7/122),5 株阴沟肠杆菌 (4.1%,5/122),2 株卡他莫拉菌(1.64%,2/122)。革 兰阳性菌种,包括 10 株肺炎链球菌(8.2%,10/122),7 株金黄色葡萄球菌(5.74%,7/122),5株表皮葡萄球 菌(4.1%,5/122),2 株屎肠球菌(1.64%,2/122)。真 菌中,包括 10 株白色假丝酵母菌(8.2%,10/122),5 株黄曲霉(4.1%,5/122),3 株曲霉素(2.46%,3/ 122).

3 肺炎克雷伯菌耐药性分析

药敏试验结果显示,肺炎克雷伯菌对氨苄西林、哌拉西林、头孢替坦、氨曲南、庆大霉素的耐药率高于60%,分别为95.45%(21/22)、72.73%(16/22)、

72. 73%(16/22)、63. 64%(14/22)、68. 18%(15/22);对头孢吡肟、头孢哌酮/舒巴坦、亚胺培南、美罗培南、阿米卡星的耐药率低于 30%,分别为 22. 73%(5/22)、13. 64%(3/22)、4. 55%(1/22)、13. 64%(3/22)、22. 73%(5/22);对头孢他啶、左氧氟沙星、环丙沙星、莫西沙星耐药率分别为 31. 82%(7/22)、59. 09%(13/22)、54. 55%(12/22)、36. 36%(8/22)。

4 不同病理分型肺癌患者肿瘤标志物水平对比

腺癌组患者血清 CEA 水平为(13.39±13.15) ng/mL,SCC 水平为(0.86±0.60) ng/mL,NSE 水平为(12.42±4.33) ng/mL,CYFRA21-1 水平为(4.62±2.12) ng/mL。鳞癌组患者血清 CEA 水平为(3.99±2.34) ng/mL,SCC 水平为(3.35±2.05) ng/mL,NSE 水平为(13.38±4.00) ng/mL,CYFRA21-1 水平为(6.79±3.63) ng/mL。小细胞癌组患者血清 CEA水平为(3.88±2.24) ng/mL,SCC 水平为(0.99±0.47) ng/mL,NSE 水平为(52.19±23.71) ng/mL,CYFRA21-1 水平为(5.24±2.78) ng/mL。三组患者对比,血清 CEA、SCC、NSE、CYFRA21-1 水平差异有统计学意义(P<0.05)。见表 1。

表 1 不同病理分型肺癌患者肿瘤标志物水平对比
Table 1 Comparison of tumor marker levels in patients with different pathological subtypes of lung cancer

肿瘤标志物 Tumor markers	腺癌 (n=52) Adenocarcinoma	鳞癌(n=38) Squamous cell carcinoma	小细胞癌 (n=27) Small cell carcinoma	F	P
CEA(ng/mL)	13.39 ± 13.15	3.99±2.34	3.88±2.24	16.052	0.000
SCC(ng/mL)	$\textbf{0.86} \pm \textbf{0.60}$	3.35 ± 2.05	$\textbf{0.99} \pm \textbf{0.47}$	48.658	0.000
NSE(ng/mL)	12.42 ± 4.33	13.38 ± 4.00	52.19 ± 23.71	113.548	0.000
CYFRA21-1(ng/mL)	$\textbf{4.62} \pm \textbf{2.12}$	6.79 ± 3.63	$\textbf{5.24} \pm \textbf{2.78}$	6.538	0.002

讨论

肺癌患者根据其肺癌细胞的不同类型,可以进一步细分为多种病理分型。这些分型主要包括鳞状细胞癌(简称鳞癌)、腺癌、大细胞癌和小细胞癌等^[9]。每种类型的肺癌在细胞形态、生长速度、转移方式和治疗反应等方面都有所不同。鳞癌通常发生在肺部较大的气道,而腺癌则多见于肺的外围区域。此外,根据病灶的具体位置,肺癌还可以分为周围型肺癌和中心型肺癌。本次研究中,117 例院内感染患者主要为腺癌。腺癌患者中,女性占 55. 77%,鳞癌患者中,男性占 78.95%,小细胞癌患者中,男性占 59. 26%。性别比例在不同肺癌病理分型中存在显著差异(P<0.05)。腺癌患者中,60~岁年龄段占比最高,鳞癌患者中,50~岁年龄段最多。不同肺癌病理分型患者的年龄分布存在显著差异(P<0.05)。与林华等^[10]研究结果相近。不同肺癌

病理分型患者在性别及性别分布上存在差异性,分析 其原因可能与不同类型的肺癌有着不同的生物学特征 及遗传倾向有关。首先,肺癌的生物学特征可能在性 别差异中起到重要作用。此外,肺癌的生物学行为,如 肿瘤的生长速度、转移倾向以及对治疗的反应等,也可 能因性别而异,从而影响性别分布。其次,遗传倾向在 肺癌的性别差异中也不容忽视。研究表明,肺癌相关 的基因突变在男性和女性中的分布存在差异。这些基 因突变不仅影响肺癌的发生风险,还可能影响肺癌的 类型和预后。深入研究这些因素有助于更好地理解肺 癌的性别差异,从而为不同性别的肺癌患者提供更为 个性化的预防和治疗策略。

本次研究中,117 例院内感染患者主要为呼吸系 统感染。共检出122株病原菌,其中革兰阴性菌占比 最高为65.57%,以肺炎克雷伯菌为主。与白诺等[11] 研究结果一致。肺炎克雷伯菌作为一种典型的革兰阴 性菌,其对常用抗生素的耐药性目益增强,给临床治疗 带来了严峻挑战[12]。本次研究,肺炎克雷伯菌药敏试 验结果显示,对氨苄西林、哌拉西林、头孢替坦、氨曲 南、庆大霉素的耐药率较高,对头孢吡肟、头孢哌酮/舒 巴坦、亚胺培南、美罗培南、阿米卡星的耐药率较低。 在当前医疗环境中,耐药性问题变得越来越严重,这对 临床治疗提出了更高的要求。为了应对日益严重的耐 药问题,医疗机构必须采取更为严格的管理措施。首 先,加强对医疗器械的消毒管理[13]。其次,临床医生 应尽早拔除患者的气管插管,并指导他们进行自主排 痰,以减少感染风险。第三,加强医院环境消毒工作, 以消除潜在的传染源。最后,对于多重耐药菌的治疗, 医疗机构应提倡联合使用抗菌药物,以提高治疗效 果[14,15]。通过这些综合措施,可以有效应对耐药性问 题,提高患者的治疗效果和整体医疗质量。

本次研究中,腺癌组患者血清 CEA 水平显著高于鳞癌组、小细胞癌组患者,鳞癌组患者血清 SCC、CYFRA21-1 水平显著高于腺癌、小细胞癌组患者,小细胞癌组患者血清 NSE 水平显著高于腺癌、鳞癌组患者。三组不同病理分型肺癌患者,血清 CEA、SCC、NSE、CYFRA21-1 水平差异有统计学意义(P < 0.05)。与李辉等[16]研究结果相近。NSE是一种酸性蛋白酶,常见于神经元和神经内分泌细胞。在肺癌患者中,由于神经内分泌细胞的增多,NSE 水平升高,使其成为早期诊断肺癌的重要标志物。正常人的血液中SCC含量低,但恶性肿瘤的浸润性生长会使 SCC 进入血液,导致其水平上升。CYFRA21-1 是上皮细胞结构蛋白中间丝的亚单位,肺癌患者的癌细胞源自上皮细胞,细胞破裂后 CYFRA21-1 会进入血液,表现为上调[17]。因此,这些肿瘤标志物的监测对于肺癌的诊

断、预后评估以及治疗选择具有重要的临床价值。同时,这也提示针对不同类型的肺癌患者,应采取更为细致的个体化治疗策略,以期达到最佳治疗效果。此外,进一步研究这些标志物在肺癌发展中的作用机制,有望为肺癌的早期诊断和治疗提供新的靶点。

综上所述,肺癌术后合并院内感染患者病原菌主要为肺炎克雷伯菌,在临床治疗中应充分考虑其耐药性,合理选择抗生素,以减少治疗难度和改善患者预后。不同病理分型肺癌患者的性别、年龄分布及肿瘤标志物水平具有一定差异性。因此,在制定治疗方案时,应重视肺癌病理分型与性别、年龄的关联性,为患者量身定制治疗方案,以期提高疗效,降低死亡率。在精准医疗的大背景下,对肺癌患者进行详细的病理分型和分子生物学特征分析,结合肿瘤标志物的监测,有助于实现个体化治疗。

【参考文献】

- [1] Oudkerk M, Liu S, Heuvelmans MA, et al. Lung cancer ldct screening and mortality reduction evidence, pitfalls and future perspectives[J]. Nat Rev Clin Oncol, 2021, 18(3):135-151.
- [2] De Ruysscher D, Faivre-Finn C, Nackaerts K, et al. Recommendation for supportive care in patients receiving concurrent chemotherapy and radiotherapy for lung cancer[J]. Ann Oncol, 2020, 31(1), 41-49.
- [3] Boffa DJ, Kosinski AS, Furnary AP, et al. Minimally invasive lung cancer surgery performed by thoracic surgeons as effective as thoracotomy[J]. J Clin Oncol, 2018, 36(23): 2378-2385.
- [4] Curran T, Alvarez D, Pastrana Del Valle J, et al. Prophylactic closed-incision negative-pressure wound therapy is associated with decreased surgical site infection in high-risk colorectal surgery laparotomy wounds [J]. Colorectal Dis, 2019, 21(1): 110-118.

- [5] Schabath MB, Cote ML. Cancer progress and priorities: Lung Cancer[J]. Cancer Epidemiol Biomarkers Prev, 2019, 28 (10): 1563-1579.
- [6] Baden LR, Swaminathan S, Angarone M, et al. Prevention and treatment of cancer-related infections, Version 2. 2016, NCCN Clinical Practice Guidelines in Oncology[J]. J Natl Compr Canc Netw, 2016, 14(7):882-913.
- [7] 支修益,石远凯,于金明. 中国原发性肺癌诊疗规范(2015 年版) [J]. 中华肿瘤杂志,2015,37(1):67-78.
- [8] 中华人民共和国卫生部. 医院感染诊断标准(试行)[J]. 中华医学杂志,2001,81(5);314-320.
- [9] Blandin Knight S, Crosbie PA, Balata H, et al. Progress and prospects of early detection in lung cancer[J]. Open Biol, 2017, 7 (9):170070.
- [10] 林华,李纪宾,薛丽燕,等. 16476 例肺癌患者病理分型和诊断分期的构成和变化分析[J]. 中国临床医生杂志,2023,51(7):789-793
- [11] 白诺,王静,张甜甜,等. 肺癌患者院内感染病原菌特征及预后因素分析[J]. 华南预防医学,2023,49(9);1196-1201.
- [12] 南超,黄一凤,马娜,等. ICU患者耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌的耐药及传播机制的分析 [J]. 中国病原生物学杂志,2022,17 (05):578-581.
- [13] 苏勇,娄丽华,吴倩,等. PDCA 质量管理提高医疗器械灭菌质量和预防院内交叉感染的临床价值研究[J]. 传染病信息,2018,31 (6),563-565.
- [14] Paul M, Carmeli Y, Durante-Mangoni E, et al. Combination therapy for carbapenem-resistant gram-negative bacteria[J]. J Antimicrob Chemother, 2020, 69(9); 2305-2309.
- [15] 曹春远,邱付兰,李美华,等. 龙岩市肺炎克雷伯菌分子分型与耐药性分析[J]. 中国病原生物学杂志,2024,19 (01):15-19+24.
- [16] 李辉,汪春新,秦明明,等. 肺癌患者血清 7 项肿瘤标志物联合检测在病理分型及临床分期中的应用价值研究[J]. 现代检验医学杂志,2021,36(4):5-9,121.
- [17] 孙海波,宋欣,晋薇,等. 血管内皮生长因子及肿瘤标志物对肺癌病理分型分期诊断作用[J]. 诊断病理学杂志,2022,29(12):

【收稿日期】 2024-11-04 【修回日期】 2025-01-30

- [6] 阎颖,张枭然,付中华,等. 郑州市 40 家医疗机构病原菌检出及抗菌药物使用情况分析[J]. 中国消毒学杂志,2021,38(3):189-194.
- [7] 医院感染诊断标准(试行)摘登(2)(续前)[J]. 新医学,2005(12): 735.
- [8] Sinha S. Management of post-surgical wounds in general practice [J]. Aust J Gen Pract, 2019, 48(9):596-599.
- [9] Lin F, Gillespie BM, Chaboyer W, et al. Preventing surgical site infections: Facilitators and barriers to nurses' adherence to clinical practice guidelines-A qualitative study[J]. J Clin Nurs, 2019, 28 (9-10):1643-1652.
- [10] 任志莉. 外科手术切口感染的危险因素分析及护理对策[J]. 中西医结合心血管病电子杂志,2018,6(17):103-106.
- [11] 蒙光义,彭评志,庞二友,等. 外科手术切口感染危险因素的研究 进展[J]. 河北医药,2018,3(40):125-129.
- [12] 朱怡芳,胡安达,张丽红,等. 外科手术患者术后感染病原学特点 及影响因素分析[J]. 华南预防医学,2020,46(5):589-592.
- [13] 戴浩,戴佩芬,毛斌存,等. 外科手术患者术后切口感染相关因素 分析[J]. 中华医院感染学杂志,2018,28(20):3101-3103.
- [14] 莫妮罗. 基于医院外科手术患者切口感染病原菌的分布与耐药性研究[J]. 重庆医学,2021,50(1):295-297.

- [15] 刘娜,邓欢,郭秋霞. 某院骨科感染患者的抗菌药物使用情况与病原菌分布及其耐药性分析[J]. 抗感染药学,2022(3):31-35.
- [16] 胡君君,崔小妹,叶美妮,等. 外科手术后切口感染病原菌与耐药性及手术室影响因素[J]. 中华医院感染学杂志,2021,31(8): 1277-1280.
- [17] 初瑞雪,刘信成,孟卫东,等. 某三甲医院 6637 株医院感染病原 菌分布及耐药性分析[J]. 中国现代医生,2018,56(12):116-119.
- [18] 张曼,牟霞,徐艳,等. 某医院 2014-2017 年临床分离病原菌种类 分布及其耐药性变化分析[J]. 中国消毒学杂志,2019,36(1):41-46.
- [19] 乐三峰. 手术切口感染病原菌分类与术后医院感染因素分析 [J]. 世界最新医学信息文摘,2019,19(44):76-78.
- [20] 田玫,开金津. 医院抗菌药物临床使用现状与主要临床分离病原菌对抗菌药物的耐药性分析[J]. 抗感染药学,2021,18(6):840-844.
- [21] 徐艳,杨怀,陈黎媛,等. 中国临床微生物室参与医院感染及抗菌药物使用管理的现状[J]. 中国感染控制杂志,2019,18(2):120-126.

【收稿日期】 2024-10-18 【修回日期】 2025-01-06