

DOI:10.13350/j.cjpb.260219

• 临床研究 •

## 慢性鼻窦炎患者鼻腔分泌物致病菌分布及耐药谱特征分析

杜林芳\*, 李艳杰, 苏永丽, 夏洪伟

(周口市中心医院耳鼻咽喉科, 河南周口 466000)

**【摘要】** 目的 探讨慢性鼻窦炎(chronic rhinosinusitis, CRS)患者鼻腔分泌物中病原菌的分布特点及其耐药性变化, 分析多重耐药菌(multidrug-resistant, MDR)感染的临床相关因素, 为临床精准抗感染治疗提供依据。方法 采用回顾性研究设计, 收集2021年1月至2023年12月期间在本院耳鼻喉科经鼻内镜明确诊断为CRS的312例患者资料。采集鼻腔分泌物行病原学检测, 采用VITEK 2 Compact自动化鉴定系统进行菌种鉴定, 依据CLSI 2023标准开展药敏实验。分析常见病原菌构成及其对常用抗菌药物的耐药率。应用 $\chi^2$ 检验评估不同临床因素与MDR菌感染的相关性, 并纳入Logistic回归模型分析其独立危险因素。统计分析使用SPSS 26.0软件,  $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。结果 共分离病原菌274株, 总检出率为87.82%。最常见菌株为金黄色葡萄球菌(28.47%)、肺炎链球菌(19.34%)、表皮葡萄球菌(11.31%)、流感嗜血杆菌(9.49%)、肺炎克雷伯菌(9.12%)及铜绿假单胞菌(7.66%)。另检出摩根菌属、阴沟肠杆菌、产气荚膜梭菌等少见致病菌及白色念珠菌、热带念珠菌等真菌。金黄色葡萄球菌对红霉素、克林霉素、氧氟沙星、左氧氟沙星耐药率分别为64.10%、42.31%、38.46%、32.05%, MRSA检出率为38.46%。肺炎克雷伯菌对头孢他啶、头孢曲松、左氧氟沙星耐药率分别为48.00%、40.00%、32.00%, ESBLs阳性率为44.00%。铜绿假单胞菌对哌拉西林/他唑巴坦、亚胺培南、头孢他啶的耐药率分别为28.57%、14.29%、33.33%。共检出MDR菌92株, 占总病原菌的33.58%。单因素分析显示, 年龄 $>60$ 岁( $P < 0.01$ )、住院治疗( $P < 0.01$ )、糖尿病( $P < 0.01$ )及广谱抗生素使用史( $P < 0.01$ )与MDR菌感染显著相关。多因素Logistic回归分析显示, 广谱抗生素使用、住院治疗、合并糖尿病及年龄 $>60$ 岁为MDR菌感染的独立危险因素。结论 CRS患者鼻腔分泌物中以金黄色葡萄球菌、肺炎链球菌、流感嗜血杆菌等为主要致病菌, 部分菌株耐药性较强, MDR菌检出率较高, 且与广谱抗生素使用、住院治疗及糖尿病密切相关。建议加强临床病原监测与耐药性评估, 优化抗菌药物管理策略, 提高CRS治疗效果并降低耐药风险。

**【关键词】** 慢性鼻窦炎; 鼻腔分泌物; 病原菌分布; 耐药性

**【文献标识码】** A **【文章编号】** 1673-5234(2026)02-0236-05

[Journal of Pathogen Biology. 2026 Feb.; 21(02):236-240, 245.]

### Distribution and antimicrobial resistance profiles of pathogenic bacteria in nasal secretions of patients with chronic rhinosinusitis

DU Linfang, LI Yanjie, SU Yongli, XIA Hongwei (Department of Otorhinolaryngology, Zhoukou Central Hospital, Zhoukou, Henan 466000, China)\*

**【Abstract】** **Objective** To investigate the distribution of pathogenic microorganisms and their antimicrobial resistance patterns in nasal secretions of patients with chronic rhinosinusitis (CRS), and to analyze clinical factors associated with multidrug-resistant (MDR) bacterial infections, thereby providing evidence for precision antimicrobial therapy. **Methods**

A retrospective study was conducted on 312 patients diagnosed with CRS by nasal endoscopy in the Department of Otolaryngology of our hospital from January 2021 to December 2023. Nasal secretions were collected for microbiological culture, bacterial species were identified using the VITEK 2 Compact automated system, and antimicrobial susceptibility testing was performed in accordance with the 2023 Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) guidelines. The composition of common pathogens and their resistance rates to major antibiotics were analyzed. Chi-square tests were applied to evaluate the association between clinical factors and MDR bacterial infections, and variables with significance were further examined using multivariate logistic regression. Statistical analyses were performed with SPSS 26.0, with  $P < 0.05$  considered statistically significant. **Results** A total of 274 pathogenic isolates were obtained, yielding a positive culture rate of 87.82%. The predominant isolates were *Staphylococcus aureus* (28.47%), *Streptococcus pneumoniae* (19.34%), *Staphylococcus epidermidis* (11.31%), *Haemophilus influenzae* (9.49%), *Klebsiella pneumoniae* (9.12%), and *Pseudomonas aeruginosa* (7.66%). Less frequently detected pathogens included *Morganella*, *Enterobacter cloacae*, and *Clostridium perfringens*, as well as fungal species such as *Candida albicans* and *Candida tropicalis*. Resistance testing revealed that *S. aureus* exhibited resistance rates of 64.10% to erythromycin, 42.31% to

\* **【通信作者(简介)】** 杜林芳(1989-), 女, 河南周口人, 硕士研究生, 主治医师, 研究方向: 耳鼻咽喉科学。E-mail: qkan2026@163.com

clindamycin, 38.46% to ofloxacin, and 32.05% to levofloxacin, with methicillin-resistant *S. aureus* (MRSA) accounting for 38.46% of isolates. *K. pneumoniae* showed resistance rates of 48.00% to ceftazidime, 40.00% to ceftriaxone, and 32.00% to levofloxacin, with extended-spectrum  $\beta$ -lactamase (ESBL)-producing strains comprising 44.00%. *P. aeruginosa* demonstrated resistance to piperacillin/tazobactam, imipenem, and ceftazidime at 28.57%, 14.29%, and 33.33%, respectively. In total, 92 MDR isolates were identified, representing 33.58% of all pathogens. Univariate analysis indicated that age >60 years ( $P < 0.01$ ), hospitalization ( $P < 0.01$ ), diabetes mellitus ( $P < 0.01$ ), and prior exposure to broad-spectrum antibiotics ( $P < 0.01$ ) were significantly associated with MDR infection. Multivariate logistic regression analysis showed that the use of broad-spectrum antibiotics, hospitalization, diabetes and age >60 years old were independent risk factors for MDR infection. **Conclusion** The predominant pathogens in CRS nasal secretions were *S. aureus*, *S. pneumoniae*, and *H. influenzae*. A substantial proportion of isolates exhibited antimicrobial resistance, with MDR strains accounting for approximately one-third of the total. MDR infection was strongly associated with broad-spectrum antibiotic exposure, hospitalization, and comorbid diabetes. These findings underscore the importance of continuous pathogen surveillance and antimicrobial resistance monitoring, and highlight the need for optimized antibiotic stewardship to improve therapeutic outcomes and reduce the risk of resistant strain dissemination.

**【Keywords】** chronic rhinosinusitis; nasal secretions; pathogen distribution; antimicrobial resistance

慢性鼻窦炎(chronic rhinosinusitis, CRS)是一种以鼻腔及鼻窦黏膜慢性炎症为主要特征的临床常见病,病程通常超过12周,患者常出现持续性鼻塞、脓性分泌物、嗅觉减退及头面部闷胀感等症状<sup>[1]</sup>。根据流行病学调查,全球CRS的患病率估计在5%~12%之间,近年来我国大中城市地区的报告发病率逐年上升,部分研究指出其与城市空气质量、过敏性疾病患病率升高密切相关,已成为影响居民生活质量及基层医疗系统负担的重要公共卫生问题<sup>[2-4]</sup>。《欧洲鼻科学会慢性鼻窦炎诊疗指南(EPOS 2020)》中将CRS分为伴鼻息肉型(CRSwNP)和不伴鼻息肉型(CRSsNP)两类,两者在发病机制、黏膜免疫反应及致病菌谱等方面存在显著差异<sup>[5]</sup>。尽管CRS的具体致病机制尚未完全厘清,但越来越多的研究认为,局部病原微生物感染在疾病持续发展发挥了关键作用<sup>[6]</sup>。细菌和真菌通过干扰鼻黏膜屏障结构、激活多种先天免疫通路,促发持续性炎症反应,并可进一步诱导黏膜重塑<sup>[7]</sup>。此外,细菌生物膜的形成显著增强了病原体抵抗宿主免疫清除及抗菌治疗的能力,是导致反复发作和治疗效果欠佳的重要机制之一<sup>[8]</sup>。

当前临床实践中常见的CRS致病菌包括金黄色葡萄球菌、肺炎链球菌、铜绿假单胞菌、肺炎克雷伯菌等,近年来多项研究报告指出上述菌株对多种常用抗菌药物呈现出不同程度的耐药性,尤其是对 $\beta$ -内酰胺类和氟喹诺酮类药物的敏感性下降,已成为影响经验性抗感染治疗选择的重要因素<sup>[9-10]</sup>。尽管已有研究尝试分析CRS患者病原菌构成及耐药性变化,但多数为单中心、样本量有限,尚缺乏系统性、多病原、多因素联合分析的研究。尤其是在多重耐药菌(multidrug-resistant, MDR)感染的风险评估方面,仍缺乏针对性的临床数据支持。因此,本研究拟通过对本院近三年

CRS患者鼻腔分泌物进行病原学培养与耐药谱检测,系统分析其主要病原体构成及MDR菌的分布特征,进一步探讨其与临床人口学特征、基础疾病及抗生素使用等因素之间的相关性,旨在为CRS的个体化抗感染治疗策略制定及区域性耐药监测提供循证依据。

## 对象与方法

### 1 研究对象

本研究采用回顾性研究设计,收集2021年1月至2023年12月期间在本院耳鼻喉科门诊及住院部就诊,并经内镜检查明确诊断为CRS的患者病例资料。纳入标准包括:(1)符合EPOS 2020诊断标准,病程持续12周以上;(2)在无抗菌药物干预的情况下采集到完整鼻腔分泌物样本并完成病原学检测;(3)临床资料完整可查。排除标准为:(1)近4周内接受全身性抗生素治疗;(2)合并急性上呼吸道感染或术后感染;(3)存在先天性鼻部畸形或肿瘤性病变;(4)免疫缺陷状态或接受免疫抑制治疗。最终共纳入符合条件的CRS患者312例。所有患者均签署知情同意书,研究方案经医院伦理委员会审批通过。

### 2 鼻腔分泌物采集与处理

鼻腔分泌物由经培训的专科医师在无菌条件下于鼻内镜下采集中鼻道脓性分泌物,采用一次性无菌吸引器收集后立即置于转运管中,30 min内送达医院微生物实验室。样本在血琼脂、巧克力琼脂、麦康凯琼脂等培养基上于35℃恒温培养24~48 h,并根据菌落形态初步筛选后,转入自动化微生物鉴定系统进行菌种鉴定。真菌样本同时置于萨氏培养基中37℃恒温培养5~7 d,观察真菌生长情况并进一步鉴定。所有标本处理流程均遵循实验室标准操作规范(SOP),并设置阴性对照以验证操作准确性。

### 3 病原菌鉴定与耐药性试验

所有分离到的可疑致病菌株采用 VITEK 2 Compact 自动化细菌鉴定系统进行鉴定,菌种归属参照系统数据库及人工校核双重确认。耐药性检测采用纸片扩散法(Kirby-Bauer)与微量肉汤稀释法联合进行,操作和结果判定依据美国临床实验室标准化委员会(CLSI)2023年抗菌药物敏感性试验标准。抗菌药物种类包括β-内酰胺类、氨基糖苷类、氟喹诺酮类、大环内酯类、头孢菌素类、碳青霉烯类等20余种常规抗菌药物。多重耐药(MDR)定义为对≥3类抗菌药物同时表现出耐药的菌株。每批检测中均设置金黄色葡萄球菌 ATCC 25923、大肠埃希菌 ATCC 25922 及铜绿假单胞菌 ATCC 27853 作为质控菌株。

### 4 临床资料收集与变量定义

通过电子病历系统提取患者性别、年龄、就诊类型(门诊或住院)、既往是否使用广谱抗生素(使用≥3类抗菌药物持续≥5 d)、是否合并糖尿病、是否行手术治疗等临床特征。将是否检出MDR菌作为主要结局变量,其余为自变量。若患者同时分离出≥2株不同病原体,仅记录最具临床致病意义的1株(依据培养定量、分泌物特点、临床表现综合判定),避免重复计入。

### 5 统计学方法

数据分析采用 SPSS 26.0 统计软件完成。计量资料以均数±标准差( $\bar{x} \pm s$ )表示,组间比较采用独立样本 t 检验;计数资料以例数和百分比表示,组间比较采用  $\chi^2$  检验或 Fisher 确切概率法。采用多因素 Logistic 回归模型分析 MDR 菌感染的独立危险因素,变量进入标准设为  $P < 0.10$ ,剔除标准为  $P > 0.15$ ,最终保留有统计学意义的变量进行模型拟合,结果以比值比(OR)及其95%置信区间(CI)表示。所有检验均为双侧检验, $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

## 结 果

#### 1 患者基本特征

本研究共纳入符合诊断标准的 CRS 患者 312 例,其中男性 174 例(55.77%),女性 138 例(44.23%),中位年龄为 45 岁(IQR:33~59 岁)。年龄≤40 岁者 122 例(39.10%),41~60 岁者 137 例(43.91%),>60 岁者 53 例(16.99%)。患者合并至少一项基础疾病者共 98 例(31.41%),其中糖尿病 56 例(17.95%)、高血压 37 例(11.86%)、支气管哮喘 22 例(7.05%)。157 例患者(50.32%)报告有明确过敏史,47 例(15.06%)曾接受鼻部手术治疗。就诊类型方面,门诊 162 例(51.92%),住院 150 例(48.08%)。115 例患者(36.86%)于入院前 6 个月内使用过广谱抗菌药物,其中 88 例(76.52%)联合使用 2 类及以上抗生素。

### 2 鼻腔分泌物病原菌构成

312 份鼻腔分泌物中共检出有效病原菌 274 株,阳性率为 87.82%。从构成比看,金黄色葡萄球菌(28.47%)为最常见致病菌,其次依次为肺炎链球菌(19.34%)、表皮葡萄球菌(11.31%)、流感嗜血杆菌(9.49%)、肺炎克雷伯菌(9.12%)与铜绿假单胞菌(7.66%)。此外,检出率较低的 G<sup>-</sup> 菌尚包括摩根菌属(3.28%)与阴沟肠杆菌(1.82%),少数标本中分离出产气荚膜梭菌(1.09%)。真菌中以白色念珠菌(4.38%)与热带念珠菌(4.01%)为主。部分标本存在多种病原体共感染,其中以金黄色葡萄球菌联合表皮葡萄球菌、流感嗜血杆菌联合念珠菌的组合最为常见。见表 1。

表 1 CRS 患者鼻腔分泌物病原菌构成情况  
Table 1 Composition of pathogenic bacteria in nasal secretions of CRS patients

序号	病原菌	类别	检出株数(n)	构成比(%)
1	金黄色葡萄球菌	G <sup>+</sup> 菌	78	28.47
2	肺炎链球菌	G <sup>+</sup> 菌	53	19.34
3	表皮葡萄球菌	G <sup>+</sup> 菌	31	11.31
4	流感嗜血杆菌	G <sup>+</sup> 菌	26	9.49
5	肺炎克雷伯菌	G <sup>+</sup> 菌	25	9.12
6	铜绿假单胞菌	G <sup>+</sup> 菌	21	7.66
7	摩根菌属	G <sup>+</sup> 菌	9	3.28
8	阴沟肠杆菌	G <sup>+</sup> 菌	5	1.82
9	产气荚膜梭菌	厌氧菌	3	1.09
10	白色念珠菌	真菌	12	4.38
11	热带念珠菌	真菌	11	4.01
合计			274	100

### 3 主要病原菌耐药谱分析

对主要分离菌株的药敏分析显示,金黄色葡萄球菌对红霉素、克林霉素、氧氟沙星与左氧氟沙星的耐药率分别为 64.10%、42.31%、38.46%、32.05%,MRSA 检出率为 38.46%。肺炎链球菌对红霉素和头孢噻肟的耐药率为 54.72%和 18.87%。肺炎克雷伯菌对头孢他啶、头孢曲松、左氧氟沙星和阿米卡星的耐药率分别为 48.00%、40.00%、32.00%和 20.00%,其中 ESBLs 阳性率为 44.00%。铜绿假单胞菌在所检测药物中表现出一定程度的耐药性,其中对头孢他啶、哌拉西林/他唑巴坦、亚胺培南和环丙沙星的耐药率分别为 33.33%、28.57%、14.29%和 19.05%。念珠菌属未开展系统药敏分析,临床未见相关侵袭表现。

### 4 多重耐药菌感染的单因素分析

在 274 株分离菌中共检出多重耐药菌(MDR)92 株,检出率为 33.58%。单因素分析显示,MDR 菌感染的发生率在既往 6 个月内使用广谱抗生素的患者中显著升高(47.37% vs. 28.40%, $P = 0.001$ );住院患者(41.33% vs. 26.54%, $P = 0.014$ )、合并糖尿病患者(55.36% vs. 29.41%, $P = 0.015$ )及年龄>60 岁患

者(46.48% vs. 28.92%,  $P = 0.026$ )亦存在更高的MDR检出率。性别、过敏史、鼻部手术史等因素与MDR感染无显著统计学关联。见表2。

表2 MDR菌感染的单因素分析  
Table 2 Univariate analysis of infection with MDR bacteria

变量	分组	MDR 阳性例数 (n=92)	MDR 阴性例数 (n=182)	$\chi^2$ 值	P 值
性别	男	51	96	0.177	0.674
	女	41	86		
年龄(岁)	≤60	59	145	7.759	0.005
	>60	33	37		
住院	是	62	88	8.942	0.003
	否	30	94		
糖尿病	有	31	25	14.971	<0.01
	无	61	157		
广谱抗生素使用	有	52	63	12.041	<0.01
	无	40	119		
过敏史	有	48	109	1.487	0.223
	无	44	73		

## 5 MDR感染的多因素 Logistic 回归分析

将单因素分析中  $P < 0.05$  的变量纳入 Logistic 回归模型进行多因素分析,结果显示,既往使用广谱抗生素、住院治疗、合并糖尿病及年龄 > 60 岁为 CRS 患者发生 MDR 感染的独立危险因素。年龄虽在单因素中有差异,但进入回归模型后未达到统计学显著性( $P = 0.101$ )。见表3。

表3 MDR感染的多因素 Logistic 回归分析结果  
Table 3 Results of multivariate Logistic regression analysis of MDR infection

变量	$\beta$	SE	Wald $\chi^2$	P 值	OR	95%CI
广谱抗生素使用	0.753	0.278	7.363	0.007	2.124	1.233-3.660
住院治疗	0.775	0.282	7.567	0.006	2.171	1.250-3.773
合并糖尿病	0.93	0.328	8.023	0.005	2.535	1.332-4.827
年龄 > 60 岁	0.753	0.305	6.092	0.014	2.124	1.168-3.862
常量	-5.103	0.835	37.332	<0.01	-	-

## 讨论

本研究共检出病原菌 274 株,阳性率达 87.82%,显示细菌感染在慢性鼻窦炎的发病机制中发挥着重要作用。从构成上看,以革兰阳性球菌为主,尤以金黄色葡萄球菌(28.47%)和肺炎链球菌(19.34%)最为常见;其次为部分革兰阴性杆菌,如流感嗜血杆菌、肺炎克雷伯菌和铜绿假单胞菌;此外,真菌(主要为念珠菌属)也占一定比例(8.39%)。这种病原谱构成提示 CRS 并非单一病原所致,而是多种条件致病菌协同参与的复杂感染过程。从临床角度看,金黄色葡萄球菌常作为鼻黏膜的定植菌,在局部慢性炎症状态下可通过形成生物膜、释放毒素等机制诱导黏膜持续损伤,并逃避宿主免疫清除,是 CRS 反复发作的重要因素之

一<sup>[11]</sup>。肺炎链球菌和流感嗜血杆菌则多见于免疫功能较弱人群,反映了上呼吸道与下呼吸道菌群间可能存在功能重叠或相互影响<sup>[12-13]</sup>。研究中检出的部分厌氧菌如产气荚膜梭菌,进一步揭示在鼻腔引流不畅、局部缺氧等条件下,某些通常非主流致病菌亦可能获得感染优势<sup>[14]</sup>。在黏膜微环境层面,CRS 患者常存在纤毛功能障碍、黏液粘稠、腺体分泌紊乱等生理异常,这些变化为多种细菌的附着、繁殖及生物膜构建提供了良好“生态位”<sup>[15]</sup>。鼻腔结构狭窄、慢性肥厚或鼻窦开口阻塞等因素亦可能加剧这种局部微生态失衡,最终导致持续性细菌感染的建立与维持。就耐药性而言,金黄色葡萄球菌对红霉素、克林霉素及喹诺酮类抗菌药物表现出明显耐药趋势(耐药率分别为 38.46%、55.13%、64.10%),MRSA 的检出率接近 40%,提示其已不仅局限于住院人群,也呈现出向社区扩散的趋势。肺炎克雷伯菌表现出广谱耐药特征,ESBLs 阳性率为 44.00%,对头孢三代及氟喹诺酮类的耐药率分别为 36.00%、30.00%,可能与其携带 blaCTX-M、blaTEM 等耐药基因有关<sup>[16-17]</sup>。铜绿假单胞菌虽然整体敏感性尚可,但对某些抗假单胞菌药物如替加环素、头孢他啶的耐药仍需警惕。这一结果强调在经验性治疗前进行耐药监测的重要性,亦对抗菌药物使用策略提出了警示。与国内外已有研究结果基本一致。张健等(2021)报道,在海安市三甲医院收治的 CRS 患者中,革兰阳性菌比例为 57.1%,与本研究数据高度吻合,说明即使存在地域差异,MRSA 和 ESBLs 产生菌在 CRS 中的流行已具普遍性,亟需引起一线临床医生的重视<sup>[18]</sup>。

本研究共发现 MDR 菌 92 株,占全部病原菌阳性样本的 33.58%。单因素分析显示,年龄 > 60 岁、住院治疗史、糖尿病、既往使用广谱抗生素等因素与 MDR 感染存在显著统计学关联;Logistic 回归分析进一步确认:广谱抗生素使用、住院治疗、糖尿病和年龄 > 60 岁为 MDR 感染的独立危险因素。这一发现对于临床实践具有重要意义。老年人群免疫功能下降、黏膜屏障脆弱,更易发生慢性感染与耐药菌定植;住院患者由于接受侵入性操作频繁、接触多种抗菌药物,其微生态环境更易被破坏,增加交叉感染概率;而糖尿病患者因高血糖所致的免疫抑制、微血管病变等因素,可进一步促进细菌定植及耐药菌株生长<sup>[19-21]</sup>。尤其需警惕在该类人群中形成的“抗生素滥用—菌群失衡—耐药菌扩张”的恶性循环。从机制上解释,广谱抗生素具有较强的菌群杀伤效应,破坏原有共生微生物的生态平衡,为耐药菌扩展提供生态位空间;住院环境中高频抗菌药物使用、器械污染及患者间传播均可能是耐药菌繁殖的重要背景;糖尿病患者鼻腔黏膜结构上常表现为

纤毛紊乱、屏障破坏及局部炎症环境,构成耐药菌易于定植的条件<sup>[22-23]</sup>。本研究结果与其他相关研究具有一致性。李圆圆等<sup>[24]</sup>研究发现,广谱抗生素使用(OR=2.19)、住院治疗(OR=1.72)和糖尿病(OR=1.96)同样为MDR感染的显著危险因素。国外研究也证实,糖尿病患者呼吸道耐药菌定植率显著高于非糖尿病群体<sup>[25]</sup>。这些证据共同支持了通过风险分层实现精准抗菌策略的必要性。

综上所述,本研究系统分析了312例CRS患者鼻腔分泌物的病原菌谱及耐药性特征,发现该疾病具有典型的“高阳性率+高耐药率”双重特征。其中,MDR菌检出率高达三分之一以上,且多集中于特定高危人群。通过识别其独立危险因素,可为临床个体化治疗策略的制定提供参考。当然,本研究也存在一定局限性。首先,数据来自单中心且采用回顾性分析设计,样本虽较充分,但代表性略有不足;其次,未开展耐药相关基因检测、生物膜形成能力评估等深入机制探讨,无法揭示耐药背景的分子基础;最后,未能纳入患者治疗响应及预后数据,限制了病原谱与疾病转归的关联分析。未来研究建议可从以下方向深入:一是推动多中心联合研究,构建区域性病原谱与耐药监测数据库;二是结合分子生物学与多组学技术,探索CRS患者感染机制、菌群演替与宿主免疫应答的复杂关系;三是开发适应不同人群特征的风险预测工具,指导个体化抗感染策略实施。通过强化病原学研究及临床实践的联动,有望在提升CRS诊治水平与抗生素合理使用方面取得突破。

#### 【参考文献】

- [1] Khan SN, Majeethia H, Provasek V, et al. Viral infection as an inciting event for development of chronic rhinosinusitis: A population-based study[J]. *Internat Forum Aller Rhinol*, 2024, 15(3):336-339.
- [2] Joel B, Mogens B, Anders A, et al. Chronic rhinosinusitis associated with chronic bronchitis in a five-year follow-up: The telemark study[J]. *BMC Pulm Med*, 2022, 22(1):406.
- [3] Fuquan C, Liting W, Li Q, et al. Impact of allergy and eosinophils on the morbidity of chronic rhinosinusitis with nasal polyps in Northwest China[J]. *Internat Arch Aller Immunol*, 2019, 179(3):209-214.
- [4] 中国鼻病研究协作组, 国家儿童健康与疾病临床医学研究中心. 儿童慢性鼻窦炎的诊断和治疗中国专家共识(杭州, 2024)[J]. *临床耳鼻咽喉头颈外科杂志*, 2024, 38(12):1091-1099.
- [5] Peter WH, Isam A, Wilma TAL, et al. EUFOREA/EPOS2020 statement on the clinical considerations for CRSwNP care[J]. *Allergy*, 2023, 79(5):1123-1133.
- [6] Liu X, Wang QQ, Qiao YS, et al. Analysis of nasal secretion culture results in diabetic patients with chronic rhinosinusitis and factors influencing postoperative recurrence[J]. *World J Diab*, 2025, 16(7):104970.
- [7] Chambi BF, Bernal CF, Coila ZF, et al. Induced chronic rhinosinusitis in rats leads to secondary changes in *Sinonasal microbiota*[J]. *Laryngoscope Invest Otolaryngol*, 2025, 10(4):e70187.
- [8] Roberto JG, Karina B, Claudia G. Iron reducing sludge as a source of electroactive bacteria: assessing iron reduction in biofilm bacteria, planktonic cells and isolates from a microbial fuel cell[J]. *Arch Microbiol*, 2022, 204(10):632.
- [9] Shim H. Self-assembling T7 phage syringes with modular genomes for targeted delivery of penicillin against  $\beta$ -lactam-resistant *Escherichia coli*[J]. *BMC Biotechnol*, 2025, 25(1):63.
- [10] Wang AC, Love JW, Jara M, et al. Risk factors for fluoroquinolone- and macrolide-resistance among swine *Campylobacter coli* using multi-layered chain graphs[J]. *PLoS Comput Biol*, 2025, 21(8):e1012797.
- [11] Hao M, Wang J. Molecular epidemiology, antimicrobial resistance, and virulence characteristics of predominant methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* clones with strong biofilm-producing capability from a tertiary teaching hospital in China[J]. *BMC Microbiology*, 2025, 25(1):510.
- [12] Sara EO, Amy BR, Heidi MS, et al. Epidemiology of invasive nontypeable haemophilus influenzae disease-United States, 2008-2019[J]. *Clin Infect Dis*, 2023, 76(11):1889-1895.
- [13] Maha NS, Carleigh K, Jennifer MM, et al. Risk Factors of pneumonia in primary antibody deficiency patients receiving immunoglobulin therapy: Data from the US immunodeficiency network (USIDNET)[J]. *J Clin Immunol*, 2022, 42(7):1545-1552.
- [14] Elkenany R, Elsayed M, Zakaria A, et al. Epidemiology of potential source, risk attribution of *Clostridium perfringens* from Egyptian broiler farms and genetic diversity of multidrug resistance strains[J]. *Sci Rep*, 2025, 15(1):28638.
- [15] Cenk RAC, Ozlem CO. The effect of topical ocular moxifloxacin on conjunctival and nasal mucosal flora[J]. *Sci Rep*, 2021, 11(1):13782.
- [16] Cui J, Dong Y, Chen Q, et al. Horizontal transfer characterization of ColV plasmids in blaCTX-M-bearing avian *Escherichia coli*[J]. *Poultry Sci*, 2024, 103(5):103631.
- [17] Kumar MC, Indrani J, Raj MB. Molecular detection of plasmid mediated blaTEM, blaCTX-M, and blaSHV genes in extended spectrum  $\beta$ -Lactamase (ESBL) *Escherichia coli* from clinical samples[J]. *An Clin Microbiol Antimicrob*, 2023, 22(1):33.
- [18] 张健, 黄怡颖. 难治性鼻窦炎的病原菌分布特征、炎症介质及IgE水平分析[J]. *中国病原生物学杂志*, 2021, 16(2):213-217.
- [19] Bitew G, Dagne M, Dereje M, et al. Burden of multi-drug resistant bacterial isolates and its associated risk factors among UTI-confirmed geriatrics in Gondar town[J]. *Sci Rep*, 2025, 15(1):14270.
- [20] Khatib S, Askar MA, Abdellatif AAH, et al. Synergistic combination of ceftazidime and avibactam with Aztreonam against MDR *Klebsiella pneumoniae* in ICU patients[J]. *Sci Rep*, 2025, 15(1):5102.

肺轴抑制炎症反应。丁酸可通过循环到达肺部,调节肺组织免疫细胞的炎症反应,减少 IL-6 等炎性因子的释放,降低术后感染发生<sup>[15]</sup>。拟杆菌属丰度与 PCT 水平呈强负相关,说明拟杆菌属可通过肠-肺轴影响肺部感染相关指标。拟杆菌属可通过抗菌物质的产生、与营养的竞争等方式抑制致病菌在肠道的定植,减少致病菌移位至肺部,同时代谢产物可调节全身免疫应答降低术后感染的发生,使 PCT 水平降低<sup>[16]</sup>。

综上所述,基于菌群调控的精细化护理通过改善肠道菌群结构,增加拟杆菌属丰度和丁酸浓度,降低厚壁菌门/拟杆菌门比值和 TUDCA 水平,经肠-肺轴抑制炎症反应、增强免疫功能,从而有效降低颅内动脉支架术后感染发生率。

#### 【参考文献】

[1] 吴建明,马斌武,吴艳蓉,等. 颈动脉支架置入术后脑灌注综合征的危险因素分析及预防措施[J]. 临床放射学杂志, 2023, 42(5):831-836.

[2] Abruzzo TA, Tong FC, Waldrop ASM, et al. Basilar artery stent angioplasty for symptomatic intracranial athero-occlusive disease: Complications and late midterm clinical outcomes [J]. Am J Neuroradiol 2021, 28(5):808-815.

[3] Nahab F, Lynn MJ, Kasner SE, et al. Risk factors associated with major cerebrovascular complications after intracranial stenting [J]. Am J Neuroradiol, 2022, 30(4):840-844.

[4] 牛明慧,后叶虎,杨开燕. 基于肠-肺轴理论探讨肠道菌群与慢性阻塞性肺疾病关系研究进展[J]. 中国微生态学杂志, 2025, 37(1):112-115.

[5] Yuksel N, Gelmez B, Yildiz-Pekoz A. Lung microbiota: Its relationship to respiratory system diseases and approaches for lung-targeted probiotic bacteria delivery[J]. Mol Pharm, 2023, 20(7):3320-3337.

[6] Liu CL, Makrinioti H, Saglani S, et al. Microbial Dysbiosis and

childhood asthma development: Integrated role of the airway and gut microbiome, environmental exposures, and host metabolic and immune response[J]. Front Immunol, 2022, 13(12):1028-1032.

[7] Marrella V, Nicchiotti F, Cassani B. Microbiota and immunity during respiratory infections: lung and gut affair[J]. Int J Mol Sci, 2024, 25(7):751-759.

[8] 陈惠刚,李桂艳,马微. 老年下呼吸道感染铜绿假单胞菌的病原学特征分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2024, 19(1):74-78.

[9] Kusakabe T, Tsuchiya T, Kato T, et al. Time-dependent changes in the intestinal microbiota composition during allogeneic hematopoietic cell transplantation[J]. Brit J Haematol, 2019, 188(3):351-353.

[10] Verma A, Bhagchandani T, Rai A, et al. Short-chain fatty acid (SCFA) as a connecting link between microbiota and gut-lung axis-A potential therapeutic intervention to improve lung health [J]. ACS Omega, 2024, 9(13):4648-4671.

[11] Li Y, Liu X, Chen C, et al. *Bacteroides fragilis* regulates intestinal epithelial cell proliferation via the Wnt/ $\beta$ -catenin pathway[J]. Gut Microb, 2021, 13(1):194-202.

[12] 武莹,梁云泰,武岳,等. 妊娠期高血压患者肠道菌群特征及对妊娠结局影响分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2023, 18(6):667-671.

[13] Zhang D, Chen G, Manwani D, et al. Neutrophil ageing is regulated by the microbiome[J]. Nature, 2023, 12(5):528-532.

[14] Park DW, Jiang SN, Tadie JM, et al. Activation of AMPK enhances neutrophil chemotaxis and bacterial killing[J]. Mol Med, 2023, 19(3):387-398.

[15] Giam YH, Shoemark A, Chalmers JD. Neutrophil dysfunction in bronchiectasis: an emerging role for immunometabolism [J]. Eurn Resp J, 2021, 58(2):200-203.

[16] Song Y, Zhang Y, Zhang P, et al. Effects of fluorine on neutrophil extracellular trap formation through regulating AMPK/p38 signaling pathway [J]. Oxid Med Cell Longev, 2021, 21(6):655-659.

【收稿日期】 2025-08-19 【修回日期】 2025-11-11

(上接 240 页)

[21] Humaidan AHA, Alajlouni YY, Alajlouni YA, et al. Antimicrobial resistance of uropathogens in diabetic patients [J]. BMC Infect Dis, 2025, 25(1):945.

[22] Gao Y, Chen X, Zou Z, et al. Tissue-adhesive and antibacterial hydrogel promotes MDR bacteria-infected diabetic wound healing via disrupting bacterial biofilm, scavenging ROS and promoting angiogenesis [J]. Adv Healthc Mater, 2025, 14(10):e2404889.

[23] Saleem M, Moursi AS, Altamimi ANT, et al. Prevalence and molecular characterization of carbapenemase-producing

multidrug-resistant bacteria in diabetic foot ulcer infections [J]. Diagnostics, 2025, 15(2):141.

[24] 李圆圆,田慧,和振坤. 肝硬化患者中多重耐药革兰阴性菌感染的病原菌分布特征及危险因素分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2025, 20(3):347-351, 356.

[25] Mousa N, Aiesh MB, Jomaa R, et al. Antibiotic resistance profiles and risk factors of multidrug-resistant *Escherichia coli* in a large tertiary care hospital in a low- and middle-income country[J]. Sci Rep, 2025, 15(1):26667.

【收稿日期】 2025-09-12 【修回日期】 2025-11-21