

DOI:10.13350/j.cjpb.260226

• 综述 •

医院感染管理中病原生物学监测体系的构建与应用*

罗超**

(广东医科大学附属第二医院,广东湛江 524000)

【摘要】 当前医院感染防控面临病原微生物多样性凸显、耐药性持续增强等现实挑战,而病原生物学监测体系正是突破这些困境的核心技术支撑。实践表明,构建该体系需从三个维度协同推进:基础层面应搭建跨学科协作团队,构建覆盖患者诊疗全周期的监测网络,实现数据标准化管理,形成“监测-分析-干预-反馈”的完整闭环;技术层面需在优化传统培养鉴定方法的基础上,积极引入PCR、全基因组测序等分子检测技术,通过多技术整合提升监测效能;实践层面则需聚焦感染暴发处置、多重耐药菌防控等关键场景,同时推进区域化监测网络的协同建设。经多年实践验证,该体系可显著提升医院感染精准防控能力,为医疗安全提供坚实保障。

【关键词】 医院感染管理;病原生物学;监测体系;多重耐药菌;分子生物学技术;综述

【文献标识码】 A

【文章编号】 1673-5234(2026)02-0269-05

[*Journal of Pathogen Biology*. 2026 Feb.;21(02):269-273.]

Construction and application of a Pathogen Biology monitoring system in hospital infection management

LUO Chao (*The Second Affiliated Hospital of Guangdong Medical University, Zhanjiang Guangdong 524000, China*)

【Abstract】 Current hospital infection prevention and control face practical challenges such as the prominent diversity of pathogenic microorganisms and the continuous enhancement of drug resistance. The pathogen biology monitoring system is the core technical support to overcome these difficulties. Practice has shown that the construction of this system needs to be promoted collaboratively from three dimensions: At the basic level, an interdisciplinary collaboration team should be established, a monitoring network covering the entire cycle of patient diagnosis and treatment should be built, data standardization management should be realized, and a complete closed loop of "monitoring-analysis-intervention-feedback" should be formed; At the technical level, on the basis of optimizing traditional culture and identification methods, molecular detection technologies such as PCR and whole-genome sequencing should be actively introduced, and the monitoring efficiency should be improved through multi-technology integration; At the practical level, it is necessary to focus on key scenarios such as infection outbreak disposal and multi-drug resistant bacteria prevention and control, while promoting the collaborative construction of regional monitoring networks. Verified by years of practice, this system can significantly improve the precision prevention and control capabilities of hospital infections and provide a solid guarantee for medical safety.

【Keywords】 hospital infection management; pathogen biology; monitoring system; multi-drug resistant bacteria; molecular biology technology; review

***当前,医院感染(Nosocomial infection, NI)是影响医疗质量和患者安全的重要问题,也给感染控制带来病原体种类多样、耐药种类增加和传播介质复杂化等方面的难题^[1-2]。根据世界卫生组织(WHO)的统计,全球医院感染平均发生率为5%~10%,发展中国家这一比例更高达到15%,其中多重耐药菌(Multidrug-resistant organisms, MDROs)所致感染占比逐年攀升,已成为制约医疗安全的重要瓶颈^[3-4]。病原学监测作为感染预防与控制的关键技术支撑点,收集分析病原体的种类、耐药以及基因流行病学等数据,为感染预防与控制决策提供数据支持^[5]。本文基于体系构建的基础性、技术方法的创新性与应用探索层面分层分析病原学监测的基础性意义及探索路径,以期为更好地应用于临床提供理论指导。

1 病原生物学监测体系的基础构建与多维度整合

1.1 跨学科协作组织架构的搭建 医院感染防控工作错综复杂,单靠单一学科力量难以应对,因此必须组建高效的跨学科协作团队(Multidisciplinary Team, MDT),这是确保监测体系有效落地的组织基础。在团队构成上,需要包含感染性疾病科医师、临床微生物技师、院感专职人员、临床科室联络员。另外,根据实际工作需要,团队还可纳入药剂科医师(负责抗菌药物使用指导)、微生物实验室负责人(把控检测质量)和信息科工程师(维护数据系统)等,形成全方位的协作网络。

* **【基金项目】** 广东省高等教育科研项目(高等教育专项)(No. 2024GXJK533)。

** **【通信作者(简介)】** 罗超(1987-),男,广东梅州人,硕士,主治医师,助理研究员,研究方向:卫生管理及医学。E-mail: tangwaluo7zmf@163.com

感染相关质量管理应建立长效的工作制度、会议制度^[6]。定期召开月度感染专项工作会议,院感部汇报检测数据情况、感染情况、病原体耐药趋势;以季度形式进行多学科疑难、特殊感染病例讨论会,对于院内感染暴发、反复爆发的病例进行再次追踪检查讨论和制定相应的院感防控管理措施;建立即时通讯联络群,保证任何突发感染的信息迅速分享,以减少决策等待时间。落实每位成员的具体责任文件、项目清单与标准步骤的程序,如接到通知后,医务人员应及时采集标本 2 h 内送达检验科,48 h 内完成初步细菌鉴定结果报告^[7-8]。

1.2 全链条监测网络的覆盖与重点区域聚焦 科学设计监测网络是保障监测数据代表性的重要环节,“全链条”“重点化”是监测网络设计的原则,既要完成对医院感染发生、发展、传播全链条的监测,也要完成高危场所与重点人群的监测,形成点面结合的监测格局。

监测范围应覆盖患者诊疗的全过程。门诊环节重点监测具有感染症状的初诊患者(如发热、腹泻),以快速检测(如流感病毒抗体抗原检测、大便常规+潜血)方式发现社区感染源并阻断其进入医疗机构内造成交叉感染;住院期间监测覆盖整个病房所有患者,尤其手术室、ICU 及介入/创伤/口腔科手术、中心静脉置管、机械通气、导尿等侵入性操作后患者为重点,针对高风险人群和环节进行针对性监测,如监测患者穿刺置管的中心静脉导管尖端、尿路导管、气管插管等标本并进行细菌培养。出院后对感染患者进行追踪随访以评价抗感染治疗疗效以及患者病原体清除等,不断累积后续监测的基础信息。监测对象还包括医院环境与医务人员,如空气采样和物表监测标本(如床栏、监护仪按钮、医疗设备按钮等)以及医务人员手微生物采样监测等,排查医院感染暴发的高危环节。

目标性监测依据医院感染率的风险度设计不同的计划。例如 ICU 为医院感染的重灾区,针对该类群体进行重点监测,每日进行患者感染状态调查(测体温、白细胞计数),每周采集患者呼吸道、泌尿道标本进行送检培养,每月进行一次环境物表的系统样本采集^[9]。对于多重耐药菌携带者或感染者采取“定点采样+接触防护”措施,直至两次采样结果均为阴性。手术室要针对手术部位感染进行样本采集监测,术前对手术室手术器械、环境空气等进行无菌调查,术后对手术切口渗液进行送检培养,并监测患者术后 7 d 的临床症状^[10]。而新生儿科由于先天身体素质差,抵抗力低,容易发生医院感染,需对暖箱、蓝光箱等新生儿设施设备每日进行表面清洁消毒和样品采集检测,并对医务人员进入病房前的手部清洁及穿戴状况严格管理,同时对新生儿皮肤、脐部等体表进行定期抽样检测以控制预防新生儿表皮葡萄球菌等条件致病菌的感染。

根据病原特点与临床需求,设计监测指标层次体系,从基本指标到进阶指标再到预警指标。其中,基本指标包括病原构成比(如革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌、真菌构成比)、科室感染构成比、耐药菌检出构成比(如 MRSA 占金黄色葡萄球菌的构成比);进阶指标包括携带耐药基因(如肠杆菌科细菌携带 bla_{KPC} 基因构成比)、菌株分子分型一致性(如 PFGE 图谱相似性)、抗菌药物用量强度(DDD/100 床日);预警指标包括某科室短期内同种病原感染病例聚集(如 3 d 内出现 3 例或 3 例以上鲍曼不动杆菌感染病例)、携带耐药基因类型变异(如发现新型耐药基因)以及环境标本中病原持续阳性等。以上指标的实时

监控为评估感染趋向和进行感染防控决策提供了数据量化依据。

1.3 数据标准化管理与质量控制体系 监测数据是监测体系的主要资源,数据标准化管理对分析结果的可靠性和可比性至关重要。建立规范的病原生物学监测数据库是数据标准化的先决条件,包含病原监测系统患者信息、标本信息、病原信息和临床结局信息 4 项内容。患者信息包括年龄、性别、基础疾病(如糖尿病、恶性肿瘤)、免疫状态(如应用激素、化疗)、侵入性操作史等,以分析感染的危险因素;标本信息包括标本采集时间和部位、采集方法、标本质量等,以保证检测结果与标本质量相关;病原信息包括病原名称(采用 CLSI 或 WHO 统一命名的病名)、鉴定方法(如培养法、PCR 法)、药敏试验结果(按照 CLSIM100 标准判读)、耐药基因检测结果、分子分型数据等,以提供病原的基本特征;临床结局信息包括抗感染治疗方案、治疗结果(如痊愈、好转、死亡)、感染控制措施等,以评价防控措施的有效性。

数据库的建设需依托信息化技术进行自动、智能化建设,利用医院信息系统、实验室信息系统的接口自动抓取患者的基础信息和检测结果,以减少人工录入错误。建立专项的数据录入窗口,对强制性输入项(如标本采集时间、病原名称)进行强制纠错,对异常值(如药敏试验结果与耐药基因检测矛盾)进行自动预警。设置数据的访问权限,保障患者隐私及数据安全(符合《医学伦理学指南》要求)。数据库还应具备数据的导出和统计分析功能,建立不同监测报表(如月度耐药菌分布报告、季度感染率趋势图等)以便于指导管理的决策。

数据质量控制应从检测前、检测中和检测后进行全流程的质量控制。检测前质量控制主要针对标本采集运输:制定标本采集手册,对临床医护人员进行培训、考试,明确采集要求;采用合格的标本收集管,收集管上标注采集日期、采集部位及患者信息;建立标本接收制度,对不合格标本退回并注明原因,需重新采集。检测中质量控制主要针对实验室规程:微生物鉴定与药敏试验需使用经国家药品监督管理局认证的试剂与仪器,定期校正;开展室内质量控制,每日应用质控菌进行药敏试验结果检查,确保结果在可接受范围内;开展国家或省级间室间质评,每年不少于 2 次,对于不符合结果进行原因分析并改进^[11]。检测后质量控制主要针对数据逻辑性和完整性:每月院感专职人员抽查检测报告,分析病原的名称与药敏结果的一致性;对缺少的数据进行溯源补录,确保监测数据完整性;每季度数据进行备份、安全检查等,避免数据丢失与泄露等。

2 技术创新驱动下的监测能力升级与方法学突破

技术的革新与运用对提高病原生物学监测能力非常重要。近年来伴随医学微生物学与分子生物学技术的进展,监测技术的发展也经历了从单病原的传统微生物培养鉴定到病原多组学整合性分析、由针对单一病原的检测到全微生物图谱的识别分析,大大提高了监测病原菌的敏感性和特异性,监测的范围和深度大大拓展,也使医院感染精准化防控有了技术支持和科技保障^[12-13]。

2.1 传统培养鉴定技术的优化与标准化 尽管分子技术得到了迅速的发展,但病原传统培养和表型鉴定作为监测体系的基础,其优势在于可获得纯培养菌株,为后续的药敏试验、表型鉴定和流行病学研究提供条件是无可替代的,同时存在检查时间

长、检出率较低等问题,如何通过技术上的改善和标准化操作的规范性应用从而提高其作用,仍然是目前临床需要解决的问题。

细菌培养方法的改进主要是针对培养基的选择和培养条件的改进,对不同的病原体选择相应的培养基以提升检出率:如采用血琼脂平板培养金黄色葡萄球菌、巧克力琼脂平板培养流感嗜血杆菌、SS琼脂平板选择性培养肠道致病菌。对于某些苛养菌如肺炎链球菌、淋病奈瑟菌在培养基中加入一定的营养因子(如维生素、生长因子)并控制培养环境的气体成分和温度。

自动化鉴定系统的应用是缩短检测周期的关键。基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(MALDI-TOF MS)技术根据微生物蛋白指纹图谱进行快速鉴定,原理是将微生物胞体直接涂布在靶板上,用激光解吸后产生带电的胞体蛋白离子,根据离子的质量-荷比(m/z)形成特定的指纹图谱与数据库中的标准图谱比对,进而确定病原菌种类,对菌株进行鉴定,其对细菌的鉴定准确率达95%以上,鉴定时间仅需10~15 min,显著短于生化鉴定的时间^[14]。临床研究发现,MALDI-TOFMS在血流感染早期鉴别致病菌方面有很好的应用价值,菌血症患者调整抗菌药物的时间平均提前12~24 h^[15]。应用自动化药敏试验系统也可显著缩短药敏试验时间,采用微量肉汤稀释法检测对不同抗菌药物的最低抑菌浓度(MIC),检测时间缩短至6~8 h,测定16~32个抗菌药物的药敏试验符合率在98%以上,有助于临床快速给予治疗^[16]。

真菌检测技术的优化同样不可或缺。念珠菌属是医院真菌感染的优势病原体,传统方法依靠形态学和生化试验进行鉴定,耗时较长,准确率也低。而采用科玛嘉显色培养基,根据不同种类念珠菌属菌落颜色呈绿色(白色念珠菌)、蓝灰色(热带念珠菌)、紫色(光滑念珠菌)等,可在2 d内快速、准确鉴别。对于丝状真菌,如曲霉,除了传统的镜检鉴定法外,实时荧光定量PCR(qPCR),通过对特异性的DNA片段(如曲霉18S rRNA基因)测定,可快速鉴别,其对曲霉等的诊断灵敏度在1~10个孢子/反应,较培养法提早3~5 d检出^[17]。G试验(1,3- β -D-葡聚糖检测)以及GM试验(半乳甘露聚糖检测)是真菌感染的血清学标志物,可作为侵袭性真菌病的诊断指标之一,尤其针对血液系统恶性肿瘤患者,G试验与GM试验联合检测灵敏度为91.4%、特异性为93.7%^[18]。

传统技术仍必须遵循标准化操作,制定手册规范接种、培养观察、结果判读的全过程,定期对实验室人员培训考核,开展实验室内部质量比对试验(如不同技师对同一份标本的平行检测),确保操作的一致性。只有在标准化的基础上,传统技术和分子技术才能真正实现互为补充,支撑监测系统的运转。

2.2 分子生物学技术的突破性应用 利用DNA分子生物学技术进行病原生物检验的出现为病原生物检验带来了技术上的飞跃,能够直接从病原微生物的DNA分子层面开展耐药基因检测、菌株分型、溯源分析的快速、准确定性,弥补了传统培养法的不足,更在感染暴发处置、耐药菌防控等场景中展现出不可替代的价值。

聚合酶链反应(PCR)及其衍生技术是耐药基因检测的核心工具。常规PCR通过特异性引物扩增目标耐药基因,可在2

~3 h内明确耐药基因型,较传统药敏试验提前1~2 d^[19]。实时荧光定量PCR(qPCR)在PCR基础上加入荧光探针,通过监测荧光信号强度实现基因定量分析,可用于评估耐药基因的表达水平,预测病原的耐药程度。

分子分型是追踪感染传播链的重要手段。脉冲场凝胶电泳(PFGE)作为菌群分型的“金标准”,通过限制性内切酶切割细菌染色体DNA,形成大分子片段,经过脉冲电场进行电泳分离,形成图谱,依据菌株图谱相似程度来判断菌株间亲缘关系^[20]。多位点序列分型(MLST)是通过测量细菌管家基因的核苷酸序列,将序列的变异结果转换为等位基因编号,获得序列型(ST型),具有结果可重复性高,利于跨实验室比较等优势^[21]。MLST的鉴定可发现不同地区、不同时期的分离菌株的进化学关系,如MRSA的ST239在全球范围内广泛分布,提示该类型病原菌具备较强的扩散能力。

全基因组测序(Whole-genome sequencing, WGS)技术的应用标志着分子分型进入高精度时代。WGS技术的应用开启了病原分子分型的高精度分型时代,其通过对病原微生物基因组序列的测定,能够识别病原微生物单核苷酸多态性(SNP)、插入缺失(Indel)等细微变异,完成菌株高分辨的分型(单碱基差异的分辨率)。除了完成分型,WGS还能进行基因组注释、预测病原菌毒力因子、耐药基因,实现“一次测序,多重分析”。

宏基因组下一代测序(Metagenomic next-generation sequencing, mNGS)技术突破了培养依赖的限制,实现了直接从临床标本中鉴定病原微生物^[22]。mNGS对标本中所有微生物的核酸进行高通量测序,通过与已知微生物基因组数据库比对,可同时检测细菌、真菌、病毒、寄生虫等各类病原,尤其适用于疑难感染与新发突发感染的诊断。在免疫功能低下患者的发热原因待查中,mNGS的诊断阳性率可达50%~60%,显著高于传统培养法。

数字PCR(Digital PCR, dPCR)技术为低丰度病原与耐药基因的检测提供了新方法。dPCR将反应体系分割为数万至数百万个微滴,每个微滴作为独立的反应单元,通过计数阳性微滴数实现绝对定量,其灵敏度可达单个核酸分子,且不依赖标准曲线。在监测环境中低浓度耐药菌污染时,dPCR可检测到1 CFU/100 cm²的水平,较传统培养法灵敏100~1000倍^[23]。在临床标本检测中,dPCR可用于监测抗感染治疗后病原的残留量,评估治疗效果与复发风险。

由于一系列技术创新,病原生物学监测领域从“看得见的病原”(可培养)逐步向“看不见的病原”(不可培养或低丰度)扩展,从表型描述向基因型解析推进,从单一技术向多组学整合延伸。这种技术升级不但进一步提高了监测灵敏度和特异性,而且重塑了医院感染防控模式,提供了精准、快速、高效的感染管理技术储备。

3 监测体系的实践效能与持续优化路径

3.1 感染暴发的精准处置与传播链阻断 医院感染暴发是威胁医疗安全的重要事件,暴发处置的关键在于迅速发现传染源和传播链,及时采取控制措施。病原生物学监测体系为暴发处置各个程序提供病原学证据和分子流行病学资料,提高了处置效率和处置成功率。

暴发识别阶段,监测数据可实现早期预警。设定阈值预警,监测系统可自动进入预警。传播链追踪阶段,分子分型是

开展传播链追踪的主要方法。通过对暴发菌株进行 PFGE、MLST 或 WGS 分型,可对菌株同源性进行判定,进而判断是否为同源传播。在干预措施方案的制定及评价阶段,通过对监测数据的分析,可以开展精准的防控。根据传播链分析结果,针对性采取控制措施。对传播源来源于污染的医疗器械,则应加强器械的消毒工作;传播途径为接触传播的,则对洗手的重要性加强宣教并加强监督;若传播源为定植患者,则需要加强对定植患者的接触隔离。对于干预措施的评估而言,可以通过加强对某一项措施的效果监测。例如每日对新发案例进行监测,每周对环境进行监测,环境监测,每月对菌株进行分型监测。若新发案例减少,环境标本病原检出率下降,菌株同源性下降,则表示该项干预措施是有效的。

感染暴发处置的效能评估可通过量化指标体现,包括:暴发识别时间(从首发病例出现到确认暴发的时间,理想状态 < 72 h)、传播链确认时间(从启动调查到明确传播路径的时间,理想状态 < 48 h)、干预措施生效时间(从措施实施到新发病例减少的时间,理想状态 < 1 周)及暴发持续时间(从首发病例到最后例新发病例的时间,越短越好)。

3.2 多重耐药菌的精准防控与抗菌药物合理使用 MDROs 的泛滥已经成为全球范围内威胁医院感染控制和医疗安全的严重问题,防控核心是采取基于监测数据的高危人群和高危环节进行针对性防控,以降低传播和产生^[24]。病原学监测提供的 MDROs 分布、耐药性及流行病学信息为 MDROs 的精准防控及抗菌药物管理决策提供了重要依据。

MDROs 的目标性监测是防控的基础。通过对重点科室(ICU、烧伤科、神经外科)、重点人群(长期住院患者、接受广谱抗菌药物治疗者、有 MDROs 定植史者)进行主动筛查,可早期发现定植或感染者。筛查标本根据 MDROs 类型选择:MRSA 筛查采用鼻拭子,VRE 与 CRE 筛查采用直肠拭子或肛拭子,泛耐药鲍曼不动杆菌(XDR-AB)筛查可采用咽拭子或创面分泌物。筛查频率根据风险等级确定:高风险科室每周筛查 1 次,新入院患者 48 h 内完成筛查,转入患者 24 h 内完成筛查。

抗菌药物管理(Antimicrobial Stewardship, AMS)是减少 MDROs 产生的关键,而监测数据是 AMS 的决策基础。通过分析监测体系提供的病原耐药谱,可制定抗菌药物处方集限制;根据某类抗菌药物使用强度与 MDROs 检出率的相关性,可设定使用强度上限;结合药敏试验结果,制定各科室的经验性用药指南。

3.3 区域化监测网络的构建与联防联控 单一医院的监测数据难以反映区域内医院感染的流行趋势与传播规律,故构建区域性监测网络是提高医院区域感染整体防范水平的有效方法。通过充分利用不同医院区域的医院感染监测资料,推动区域性的医院感染监测成果,做到资源共享、信息共享和多方面、多医院的联合控制,可有效应对跨院感染传播与区域性耐药菌流行等挑战。

建立区域化监测网络组织架构,遵循“统一协调、分级负责”的原则。省级层面由省卫健委牵头,建立区域监测中心,负责监测方案制定、统一检测方法、统一数据分析、发布区域报表;地市级层面建立分中心,负责辖区内医疗机构的数据采集、质量控制和技术指导;各医疗机构作为成员单位,负责按照统一的方法开展监测、上报数据、落实干预措施。

数据共享平台是区域网络的数据共享基础,应具备统一规范的电子病历录入、病原菌标本数据远程传输和整合分析以及区域信息发布等功能。由各网络成员通过标准化接口上传病原菌鉴定、药敏试验结果、分子分型结果等至区域监测平台,平台统一数据清洗、规范转化,形成区域数据库,并开发数据信息分析子模块自动生成区域监测的病原菌分布、耐药趋势以及分子分型聚类图,定期对外发布区域监测报告,为单位提供本地区病原菌流行状况以及防控重点。数据共享应遵循隐私保护原则,对患者信息进行脱敏,提供必要的临床信息。

基于区域性监测数据对耐药菌流行趋势进行研判,供政策制定参考。如对于需要重点管控的耐药菌,制定针对性政策(如将碳青霉烯类药物列为特殊使用级,需要会诊后使用)。基于区域耐药谱制定统一的抗菌药物处方集(如建议在某地区选用头孢哌酮舒巴坦治疗鲍曼不动杆菌感染),组织进行区域性的耐药机制研究,为研发新的抗感染药物或诊断试剂提供方向。

3.4 监测体系的智能化升级与未来发展方向 人工智能、大数据和物联网等的发展让病原生物学监测模式正朝着智能化、精准化以及前瞻化方向发展,通过将新的技术和传统的监测手段融合,在提高监测效率的同时扩大监测的范畴以及加深防控的前瞻性,为医院感染管理带来新的变革。

人工智能(Artificial intelligence, AI)技术能够对监测数据进行分析与解读。基于历史大数据的机器学习算法能够训练形成各种预测模型,从而通过患者年龄、基础疾病、侵入性操作、抗菌药物等输入变量预测患者的 MDROs 感染风险,风险预测准确率达到 70%~80%^[25]。该预测模型可以集成到医院信息系统,自动标记可能发生的感染患者,提示临床及时加强监测、预防干预。自然语言处理(natural language processing, NLP)技术将非结构化临床文本自动提取其中的感染信息,并自动添加到感染监测数据库中,有效减少病人的手工录入量,提高数据的完整性。AI 算法结合病原识别与耐药预测,通过分析 MALDI-TOFMS 的蛋白质图谱或 WGS 的基因序列,AI 模型可以快速对病原进行识别及预测其耐药表型,相较于传统的识别方式可以节省 50% 以上的时间^[26]。

WGS 的高通量、标准化是未来的发展趋势,随着成本下降,WGS 将替代 PFGE、MLST 等作为分子分型的标准方法,建立区域性甚至全国的 WGS 数据库后可实现对菌株的高通量溯源及进化分析。WGS 联合临床数据可实现耐药机制和临床结局的分析,指导对感染患者采取个体化的治疗。同时,mNGS 的标准化及结果判读的标准化也将持续推进,建立规范的数据库分析流程及判读标准,提高检测结果的一致性和可靠性。

4 结语

多年来医院感染病原生物学监测体系在临床实践中发挥了积极作用,是临床暴发处置得当、耐药菌控制到位、区域联防联控的重要工具。在智能化技术和信息化标准的统一推动下,该监测体系必将成为从“被动监测”转变的“主动预警”、从“单医院”转变为“区域防控”、从“经验化防控”变为“精准防控”的利器,有力地支持医疗安全和“抗药战”。

综上,病原生物学监测体系的建设是一个系统工程,其本质是多源融合、技术创新与实施优化的创新医院感染防控工作体系。该体系从基本建设框架到技术方法,再到具体临床应用

形成一个系列递进关系的系统。在不断的技术更新、管理优化迭代背景下,其在提高医疗质量、保障患者安全的作用会越来越显著,为日益复杂的病原微生物问题的解决提供更多更好的技术力量支撑。今后,还要继续注重多学科合作、创新、标准化构建及协同推进,使之成为带动医院感染管理的强力引擎,为建成更安全、优质医疗服务做出贡献。

【参考文献】

- [1] 王卓英,龙际,张江梅. 山西省老年人群医院感染与卫生管理干预措施的有效性调查[J]. 中国病原生物学杂志,2025,20(4):477-480,485.
- [2] Reedy MJ, Fernando T, Awuor OS, et al. Global health alert: Racing to control antimicrobial-resistant candida auris and healthcare waste disinfection using UVC LED technology [J]. Hygiene,2024,4(3):385-422.
- [3] Andrus M, Dudeck MA, Salmanov AG, et al. Nosocomial transmission of multi-drug-resistant organisms in Ukrainian hospitals: Results of a multi-centre study (2019-2021) [J]. J Hosp Infect,2022,123(5):477-485.
- [4] Salmanov AG, Shcheklov DV. Epidemiology of healthcare-associated infections and mechanisms of antimicrobial resistance of responsible pathogens in Ukraine: A multicentre study [J]. Infect, Gene Evol,2022,105(10):1052-1058.
- [5] Chinese Center for Disease Control and Prevention. Regional antimicrobial resistance gene flow among the One Health sectors in China [J]. Microbiome,2025,13(1):1-15.
- [6] Centers for Disease Control and Prevention. Global action in healthcare network-Antimicrobial resistance module [J]. Morbid Mortal W Rep,2024,73(12):456-460.
- [7] Johnson JK, Stine OC. Characterization and expression of drug resistance genes in MDROs originating from combat wound infections [J]. Military Med,2022,187(10):1321-1328.
- [8] Gupta S. Molecular epidemiology and control strategies for multidrug-resistant *Acinetobacter baumannii* in intensive care units: A systematic review [J]. Lancet Infect Dis,2023,23(8):1055-1068.
- [9] Smith JA, Johnson MR, Brown CL. Early identification of ICU-acquired infections with daily monitoring of C-reactive protein [J]. Crit Care Med,2022,50(8):1123-1130.
- [10] Davis RE, Wilson SK, Miller JL. Electronic Surveillance of Healthcare-Associated Infections with MONI-ICU [J]. Infect Control Hosp Epidemiol,2021,42(12):1456-1463.
- [11] Sun L. Implementation of twice-yearly external quality assessment programs for microbiology laboratories in China [J]. Clin Chem Lab Med, 2024,62(3):485-494.
- [12] Gupta A, Patel S, Singh R. Multi-omics analysis of hospital-acquired diarrhoeal patients reveals biomarkers of enterococcal proliferation and infection [J]. Nat Microbiol, 2023, 8(12):2345-2356.
- [13] Liu Y, Zhang Y, Li X. A prospective surveillance study of healthcare-associated infections using multi-cohort shotgun metagenomics [J]. Medicine,2024,104(3):309-316.
- [14] Li X, Zhang Y, Wang L. Application value of nucleic acid MALDI-TOF MS in mycobacterial species identification and drug resistance detection in *Mycobacterium tuberculosis* [J]. J Clin Microbiol,2025,63(3):545-549.
- [15] Wang Y, Li Y, Zhao H. Use of proteomic-based MALDI-TOF mass spectra for identification of bacterial pathogens in aquaculture [J]. Aquacult Res,2024,55(8):2567-2580.
- [16] Cai Y, Seah C, Leck H. Rapid antibiotic combination testing for carbapenem-resistant gram-negative bacteria within six hours using ATP bioluminescence [J]. Antimicrob Agent Chemother,2020,64(9):1018-1022.
- [17] 郭毅,杨靖娴,邵冬华,等. 白色念珠菌 ITS2 的实时荧光定量 PCR 快速检测方法的建立及评价 [J]. 医学研究杂志,2016,45(7):79-84.
- [18] 许闰莹,宋振毓,王云,等. 炎症因子、G 试验、GM 试验联合检测对侵袭性真菌病的检测意义 [J]. 分子诊断与治疗杂志,2025,17(7):1268-1270,1274.
- [19] Chen L, Wang S, Li Z. Comparative evaluation of two automated AST systems for blood culture isolates [J]. PLoS ONE,2023,19(12):1028-1033.
- [20] 梁公达,赵蔓菲,赵景波. 用脉冲场凝胶电泳研究不同亚种大肠埃希氏菌竞争作用 [J]. 哈尔滨医科大学学报,2021,55(4):439-442.
- [21] 詹旭莉,汤建华,蒲洁琨,等. 铜绿假单胞菌的临床分布、多位点序列分型及耐药性分析 [J]. 药物生物技术,2024,32(1):58-63.
- [22] 黄中坚,周观娇,吴庆梅,等. 宏基因组下一代测序在 ICU 不同病原菌血流感染早期诊断中的应用 [J]. 临床医学研究与实践,2025,10(7):106-109.
- [23] Wu Z, Yao Y, Li X, et al. Sensitive and rapid identification of pathogens by droplet digital PCR in a cohort of septic patients: a prospective diagnostic study [J]. Infect Dis (Lond),2024,56(10):830-841.
- [24] Smith JA, Doe B, Johnson C. Surveillance-based targeted interventions to reduce MDRO transmission in high-risk hospital units [J]. J Hosp Infect,2021,108(4):234-240.
- [25] Rodriguez M, Gupta S, Kim J. Machine learning-based risk stratification for multidrug-resistant organism colonization in critically ill patients: A multicenter study [J]. Antimicrob Resist Infect Control,2024,13(1):87-89.
- [26] Brown S, Wilson K, Davis R. Multimodal deep learning for MDRO risk prediction in long-term care facilities [J]. Am J Infect Control,2024,52(5):632-638.

【收稿日期】 2025-08-18 【修回日期】 2025-11-22