

北京市平谷区医院的感染性疾病病原菌分布及耐药性

张鑫, 陈华伟, 徐云雷, 王慧敏, 李伟健, 熊凤国, 刘玉英

[摘要] **目的** 分析北京市平谷区医院近3年收治的感染性疾病患者的病原菌分布及耐药性, 以指导临床抗生素使用。**方法** 收集2016年1月—2018年12月在北京市平谷区医院就诊的感染性疾病患者的血液、痰液、尿液等标本共24 283例, 均行病原菌培养和药物敏感(药敏)试验, 分析感染病原菌构成、耐药菌情况及药敏试验结果。**结果** 2016年、2017年、2018年感染性疾病患者感染革兰阴性菌、革兰阳性菌、真菌的构成比例差异无统计学意义($P > 0.05$)。2016年、2017年、2018年分离的产超广谱 β -内酰胺酶(extended spectrum β -lactamase, ESBLs)大肠埃希菌分别占大肠埃希菌的40.85%、39.93%、37.41%, 分离的产ESBLs肺炎克雷伯菌分别占肺炎克雷伯菌的23.70%、23.53%、25.93%, 差异均无统计学意义($P > 0.05$)。2016年、2017年、2018年分离的耐甲氧西林金黄色葡萄球菌占金黄色葡萄球菌的54.35%、46.64%、31.27%, 耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌占凝固酶阴性葡萄球菌的62.00%、54.66%、48.51%, 差异均有统计学意义($P < 0.05$)。革兰阴性菌中大肠埃希菌对氨曲南、头孢吡肟、头孢哌酮、美罗培南、亚胺培南高度敏感; 铜绿假单胞菌对头孢吡肟、头孢哌酮、美罗培南、亚胺培南高度敏感; 肺炎克雷伯菌对头孢哌酮、美罗培南、阿米卡星高度敏感; 鲍曼不动杆菌对头孢吡肟、头孢哌酮、阿米卡星高度敏感。主要革兰阳性菌中金黄色葡萄球菌、表皮葡萄球菌均对万古霉素、替考拉宁、利奈唑胺高度敏感, 耐药率均为0。**结论** 北京市平谷区医院近3年感染性疾病病原菌构成无明显变化。革兰阴性菌耐药率稳中有降, 革兰阳性菌耐药率下降显著, 说明抗生素滥用在一定程度上得到控制, 但病原菌耐药表型检出率仍较高。

[关键词] 感染性疾病; 病原菌; 耐药性

[中国图书资料分类号] R446.5

[文献标志码] A

[文章编号] 1007-8134(2020)06-0562-05

DOI: 10.3969/j.issn.1007-8134.2020.06.017

Distribution and drug resistance of infectious disease pathogens in Beijing Pinggu Hospital

ZHANG Xin, CHEN Hua-wei, XU Yun-lei, WANG Hui-min, LI Wei-jian, XIONG Feng-guo, LIU Yu-ying*

Department of Infectious Diseases, Beijing Pinggu Hospital, 101200, China

*Corresponding author, E-mail: lyy5967@126.com

[Abstract] **Objective** To analyze the distribution and drug resistance of pathogenic bacteria of infectious diseases in Beijing Pinggu Hospital in recent 3 years, so as to guide the clinical use of antibiotics. **Methods** A total of 24 283 samples of blood, sputum and urine from patients with infectious diseases in Beijing Pinggu Hospital from January 2016 to December 2018 were collected. All samples were cultured for pathogenic bacteria and tested for drug sensitivity. The composition of pathogenic bacteria, drug resistance and drug sensitivity test results were analyzed. **Results** There was no statistically significant difference in the proportions of Gram-negative bacteria, Gram-positive bacteria and fungi in infectious disease patients in 2016, 2017, and 2018 ($P > 0.05$). The extended-spectrum β -lactamase (ESBLs)-producing *Escherichia coli* isolated in 2016, 2017, and 2018 accounted for 40.85%, 39.93% and 37.41% of *Escherichia coli*, respectively. The isolated ESBLs-producing *Klebsiella pneumoniae* accounted for 23.70%, 23.53%, 25.93% of *Klebsiella pneumoniae*, respectively, and the difference was not statistically significant ($P > 0.05$). Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolated in 2016, 2017, and 2018 accounted for 54.35%, 46.64% and 31.27% of *Staphylococcus aureus*, and methicillin-resistant coagulase-negative *Staphylococci* accounted for 62.00%, 54.66% and 48.51% of coagulase-negative *Staphylococci*, with statistically significant difference ($P < 0.05$). Among the Gram-negative bacteria, *Escherichia coli* were highly sensitive to aztreonam, cefepime, cefoperazone, meropenem and imipenem. *Pseudomonas aeruginosa* were highly sensitive to cefepime, cefoperazone, meropenem and imipenem. *Klebsiella pneumoniae* were highly sensitive to cefoperazone, meropenem and amikacin. *Acinetobacter baumannii* were highly sensitive to cefepime, cefoperazone and amikacin. Among the main Gram-positive bacteria, *Staphylococcus aureus* and *Staphylococcus epidermidis* were highly sensitive to vancomycin, teicoplanin and linezolid, and the resistance rates were all 0. **Conclusions** The composition of pathogenic bacteria of infectious diseases in Beijing Pinggu Hospital is not changed significantly in the past 3 years. The drug resistance of Gram-negative bacteria is stable and decreased, while that of Gram-positive bacteria is significantly decreased, indicating that the abuse of antibiotics is controlled to a certain extent, but the detection rate of drug-resistant phenotypes of pathogenic bacteria is still high.

[Key words] infectious disease; pathogenic bacteria; drug resistance

感染性疾病是指细菌、病毒、真菌、寄生虫等病原体侵入人体所引起的局部组织和全身性炎症反应^[1-3]。抗感染是治疗该病最主要且有效的手段, 包括针对细菌的抗生素治疗、针对病毒的抗病毒治疗等。其中导致感染的致病微生物中, 90%

以上为细菌感染。抗生素可治疗细菌感染性疾病, 但不同的病原菌对各种类型的抗生素敏感性存在差异, 掌握本地病原菌分布特点, 选择能覆盖大多数病原菌的抗生素对前期经验性用药, 尽快控制感染有重要的指导意义^[4]。由于不同地区、不同时间、不同医院的病原菌分布存在差异, 经验性治疗效果常不明显。另外随着抗生素的滥用, 近年来血液、痰液等标本中分离的菌株耐药性日

[作者单位] 101200, 北京市平谷区医院感染疾病科(张鑫、王慧敏、李伟健、熊凤国、刘玉英), 检验科(陈华伟、徐云雷)

[通信作者] 刘玉英, E-mail: lyy5967@126.com

益增强，多重耐药菌的问题日益突出。因此，对本地区病原菌分布特点及耐药性的研究可为选择治疗感染性疾病的抗生素起到重要的指导作用。本研究对我院2016—2018年感染性疾病病原菌分布特点及耐药性进行分析，以指导临床抗生素使用，提高经验性用药的治疗效果，改善感染性疾病患者的预后，现报道如下。

1 材料与方法

1.1 标本来源 收集2016年1月—2018年12月北京市平谷区医院就诊的感染性疾病患者标本共24 283例。其中2016年8110例，2017年8071例，2018年8102例。

1.2 方法

1.2.1 病原菌培养和鉴定 病原菌培养按照《全国临床检验操作规程（第3版）》^[5]进行分离培养。对出现菌落生长的样本应用 phoenix 100 全自动细菌分析仪（美国BD公司）进行鉴定。

1.2.2 药物敏感试验 采用 Kirby-Bauer 纸片扩散法（纸片购自美国BD公司），按美国临床和实验室标准协会2010年版标准进行体外药物敏感（药敏）试验。质控菌株：金黄色葡萄球菌 ATCC25923、大肠埃希菌 ATCC25922、粪肠球菌 ATCC29212、铜绿假单胞菌 ATCC27853。病原菌耐药性根据相关标准进行判定^[6]。产超广谱β-内酰胺酶（extended spectrum β-lactamase, ESBLs）检测采用纸片法，采用美国临床和实验室标准协会推荐标准，当任何一种药物加或不加克拉维酸的抑菌环直径差值≥5 mm时，可判定为产ESBLs；耐甲氧西林葡萄球菌采用 mecA+femB 双重PCR法鉴定；采用PCR法检测耐氨基糖苷类肠球菌（HLAR）耐药基因^[5]。

1.3 统计学处理 应用 SPSS 19.0 统计软件对数据进行处理，计数资料用频数、率、构成比（%）表示，不同年份病原菌构成的比较采用χ²检验，以P<0.05为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 标本来源与类型构成 24 283例标本分别来源于呼吸科10 197例（41.99%），泌尿科4826例（19.87%），内科3704例（15.23%），感染科3628例（14.94%），其他科室1928例（7.94%）。标本类型包括血液、痰液、尿液、分泌物、肺部灌洗液、拭子和脑脊液等。见表1。

2.2 病原菌构成 2016年、2017年、2018年从各种标本中共检出革兰阴性菌、革兰阳性菌和真菌8110株、8071株、8102株，2016年、2017年、

2018年检出的革兰阴性菌、革兰阳性菌、真菌的构成比差异均无统计学意义（χ²=0.972, 0.964, 0.406, P=0.128, 0.136, 0.681）。见表2。

表1 标本类型构成 (n=24 283)

标本类型	标本例数	构成比 (%)
血液	5402	22.25
痰液	8327	34.29
尿液	3904	16.08
分泌物	3301	13.59
肺部灌洗液	1076	4.43
拭子和脑脊液等	2273	9.36

表2 2016—2018年主要病原菌构成及分布情况 [株 (%)]
Table 2 Composition and distribution of main pathogens from 2016 to 2018[strains(%)]

病原菌	2016年	2017年	2018年
革兰阴性菌	5619(69.28)	5427(67.24)	5637(69.58)
大肠埃希菌	1547(19.08)	1455(18.03)	1593(19.66)
鲍曼不动杆菌	1362(16.79)	1376(17.05)	1384(17.08)
铜绿假单胞菌	1055(13.01)	862(10.68)	976(12.05)
阴沟肠杆菌	326(4.02)	307(3.80)	338(4.17)
肺炎克雷伯菌	173(2.13)	153(1.90)	162(2.00)
嗜麦芽窄食单胞菌	108(1.33)	92(1.14)	117(1.44)
洋葱伯克霍尔德菌	131(1.62)	127(1.57)	142(1.75)
其他	917(11.31)	1055(13.07)	925(11.42)
革兰阳性菌	2112(26.04)	2324(28.79)	2123(26.20)
金黄色葡萄球菌	771(9.51)	819(10.15)	790(9.75)
表皮葡萄球菌	416(5.13)	407(5.04)	394(4.86)
溶血葡萄球菌	217(2.68)	234(2.90)	235(2.90)
粪肠球菌	328(4.04)	310(3.84)	307(3.79)
其他	380(4.69)	554(6.86)	397(4.90)
真菌	379(4.67)	320(3.96)	342(4.22)
白色念珠菌	207(2.55)	152(1.88)	193(2.38)
假丝酵母菌	71(0.88)	68(0.84)	85(1.05)
其他	101(1.25)	100(1.24)	64(0.79)
合计	8110(100)	8071(100)	8102(100)

2.3 耐药菌分离情况 2016年、2017年、2018年产ESBLs大肠埃希菌、产ESBLs肺炎克雷伯菌的构成比差异均无统计学意义（P均>0.05）。2017年耐甲氧西林金黄色葡萄球菌、耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌的构成比低于2016年，2018年耐甲氧西林金黄色葡萄球菌、耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌构成比低于2016年和2017年，差异均有统计学意义（P均<0.05）。详见表3~4。

表3 2016—2018年耐药菌分离情况

Table 3 Isolation of drug-resistant bacteria from 2016 to 2018

时间	大肠埃希菌 (株)	产ESBLs大肠埃希菌[株(%)]	肺炎克雷伯菌 (株)	产ESBLs肺炎克雷伯菌 [株(%)]
2016年	1547	632(40.85)	173	41(23.70)
2017年	1455	581(39.93)	153	36(23.53)
2018年	1593	596(37.41)	162	42(25.93)
χ ² 值		0.783		0.517
P值		0.316		0.582

表4 2016—2018年耐药菌分离情况

Table 4 Isolation of drug-resistant bacteria from 2016 to 2018

时间	金黄色葡萄球菌(株)	耐甲氧西林金黄色葡萄球菌[株(%)]	凝固酶阴性葡萄球菌(株)	耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌[株(%)]
2016年	771	419(54.35)	821	509(62.00)
2017年	819	382(46.64) ^a	847	463(54.66) ^a
2018年	790	247(31.27) ^{ab}	870	422(48.51) ^{ab}
χ ² 值		7.294		8.036
P值		0.001		0.001

注: a. 与2016年比较, P < 0.05; b. 与2017年比较, P < 0.05

2.4 药敏试验结果 主要革兰阴性菌中, 大肠埃希菌对氨曲南、头孢吡肟、头孢哌酮、美罗培南、亚胺培南高度敏感, 耐药率均在10%以下; 铜绿假单胞菌对头孢吡肟、头孢哌酮、美罗培南、亚胺培南高度敏感, 耐药率均在10%以下; 肺炎克雷伯菌对头孢哌酮、美罗培南、阿米卡星

高度敏感, 耐药率均在10%以下; 鲍曼不动杆菌对头孢吡肟、头孢哌酮、阿米卡星高度敏感, 耐药率均在10%以下。主要革兰阳性菌中, 金黄色葡萄球菌、表皮葡萄球菌均对万古霉素、替考拉宁、利奈唑胺高度敏感, 耐药率均为0。详见表5~6。

表5 主要革兰阴性菌药敏试验结果

Table 5 Results of major Gram-negative drug sensitivity test

抗生素类型	大肠埃希菌 (n=4595)		铜绿假单胞菌 (n=2893)		肺炎克雷伯菌 (n=488)		鲍曼不动杆菌 (n=4122)	
	耐药株数	耐药率 (%)	耐药株数	耐药率 (%)	耐药株数	耐药率 (%)	耐药株数	耐药率 (%)
氨曲南	91	1.98	1739	60.11	307	62.91	2397	58.15
哌拉西林	2803	61.00	2025	70.00	142	29.10	1825	44.27
头孢噻肟	3081	67.05	1726	59.66	302	61.89	1792	43.47
头孢他啶	2370	51.58	1517	52.54	354	72.54	972	23.58
头孢吡肟	37	0.81	35	1.21	157	32.17	80	1.94
头孢哌酮	271	5.90	57	1.97	5	1.02	274	6.65
美罗培南	47	1.02	21	0.73	5	1.02	513	12.45
庆大霉素	2429	52.86	1637	56.66	271	55.53	2216	53.76
亚胺培南	59	1.28	33	1.14	52	10.66	840	20.38
左氧氟沙星	2019	43.94	1227	42.42	151	30.94	3516	85.30
阿米卡星	1463	31.84	307	10.61	3	0.61	346	8.39

表6 主要革兰阳性菌药敏试验结果

Table 6 Results of major Gram-positive drug sensitivity test

抗生素类型	金黄色葡萄球菌 (n=2380)		表皮葡萄球菌 (n=1217)	
	耐药株数	耐药率 (%)	耐药株数	耐药率 (%)
万古霉素	0	0	0	0
替考拉宁	0	0	0	0
庆大霉素	704	29.58	318	26.13
左氧氟沙星	471	19.79	270	22.19
环丙沙星	296	12.44	293	24.07
利奈唑胺	0	0	0	0

3 讨论

3.1 北京市平谷区医院的感染性疾病的病原菌分布 北京市平谷区医院的感染性疾病中以呼吸道感染最多, 占41.99%, 其次是泌尿系统感染和内科各系统感染, 分别占19.87%、15.23%。引起感染的微生物主要是细菌。代利利等^[7]对北京市69家医院感染性疾病的病原菌分布进行了调查, 结果显示, 2016—2017年感染细菌中以革兰阴性菌为主, 占69.9%, 革兰阳性菌占30.1%。张晓兰等^[8]报道北京潞河医院2016年感染性疾病的病原菌构成比分别为革兰阴性菌64.4%, 革兰阳性菌

35.6%, 革兰阴性菌中居前3位分别为肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌、大肠埃希菌; 革兰阳性菌中居首位的是金黄色葡萄球菌。孙宁等^[9]报道潍坊某医院感染性疾病的病原菌构成包括革兰阴性菌、革兰阳性菌和真菌, 分别占57.89%、28.93%和13.18%。居革兰阴性菌前3位分别为大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌; 居革兰阳性菌之首的是金黄色葡萄球菌。本研究中北京市平谷区医院2016年、2017年、2018年感染性疾病的病原菌包括革兰阴性菌、革兰阳性菌和真菌, 革兰阴性菌分别占69.28%、67.24%、69.58%; 革兰阳性菌分别占26.04%、28.79%、26.20%; 真菌分别占4.67%、3.96%、4.22%。革兰阴性菌中居前3位的分别为大肠埃希菌、鲍曼不动杆菌和铜绿假单胞菌; 居革兰阳性菌之首的是金黄色葡萄球菌。本研究中革兰阳性菌的构成与上述报道基本一致, 但革兰阴性菌的构成存在差异。说明在病原菌的构成上不能参照相邻地区的结果, 须定期对本地区病原菌进行监测才能对临床治疗用药起到指导作用。北京市平谷区医院2016—2018年3年感染病原菌构成比差异无统计学意义, 说明本院近3年

感染性疾病的病原菌无明显变化。

3.2 病原菌耐药性分析 近年来, 抗生素的滥用加快了病原菌耐药的进程, 病原菌耐药问题已成为全球医疗工作者研究的热点^[10]。据统计, 美国每年用于耐药菌控制的支出超过40亿美元^[11]。我国虽未对此进行统计, 但在住院患者的药物费用中抗生素所占的比例高达20%~50%^[12-14], 其中不乏耐药菌感染者。本研究中耐药菌分离结果显示, 耐甲氧西林金黄色葡萄球菌、耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌的构成比呈逐年下降趋势, 差异有统计学意义(P 均 < 0.05)。说明通过加强抗生素合理性使用的宣传和培训, 抗生素滥用在一定程度上得到控制。2016年、2017年、2018年产ESBLs大肠埃希菌分别占大肠埃希菌的40.85%、39.93%、37.41%, 也呈下降趋势, 但差异无统计学意义($P > 0.05$)。2016年、2017年、2018年分离的产ESBLs肺炎克雷伯菌分别占肺炎克雷伯菌的23.70%、23.53%、25.93%, 2018年略有上升, 但差异无统计学意义($P > 0.05$)。耐药菌产生的机制主要是细菌产生灭活酶, 细菌细胞外膜通透性改变及抗生素靶位作用改变。ESBLs属质粒介导酶, 耐药性可在不同菌株中扩散, 所以大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌中产ESBLs菌占比较高, 耐药菌株的控制难度也高于耐甲氧西林菌。但总体来看耐药菌表型构成稳中有降, 得益于我院对合理使用抗生素的重视。

3.3 病原菌药敏情况分析 在抗感染治疗中, 由于不能正确判定患者的感染源及对病原菌的耐药情况不了解, 经验性使用抗生素的偏差较大, 所以药敏检查对指导用药十分重要。本研究药敏试验结果显示, 大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌对哌拉西林、头孢噻肟、头孢他啶等耐药率较高, 对头孢吡肟、头孢哌酮、美罗培南、亚胺培南、阿米卡星高度敏感, 耐药率均在10%以下, 与相关报道存在一定差异^[15-16]。说明我院的肠杆菌属感染者对四代头孢或碳青霉烯类仍有较高的敏感性, 四代头孢或碳青霉烯类仍是治疗此类病原菌感染的最有效药物。同时由于阿米卡星有较强肾毒性和耳毒性, 临床较少应用, 因此治疗产ESBLs肺炎克雷伯菌敏感性较高。

鲍曼不动杆菌与铜绿假单胞菌均属非发酵菌, 是呼吸道感染最常见的病原菌之一。鲍曼不动杆菌耐药机制主要是产生 β -内酰胺酶。铜绿假单胞菌的耐药机制, 除靶位移位、孔蛋白改变、外排系统等, 还可能是产生碳青霉烯酶, 但具体耐药机制异常复杂^[17]。本研究中鲍曼不动杆菌除对头孢吡肟、头孢哌酮、阿米卡星高度敏感, 铜绿假单

胞菌对头孢吡肟、头孢哌酮、美罗培南、亚胺培南高度敏感, 耐药率均在10%以下外, 对其他抗生素均存在不同程度耐药。主要革兰阳性菌中金黄色葡萄球菌、表皮葡萄球菌均对万古霉素、替考拉宁、利奈唑胺高度敏感, 耐药率均为0, 与国内相关报道一致^[18-19]。鉴于细菌耐药性的增加, 对于多重耐药菌感染可尝试两种或多种敏感抗生素联合运用。同时提示临床的抗感染治疗不能完全依靠抗生素的更新换代, 在抗感染治疗的同时要积极寻找感染源, 并重视无菌观念, 避免发生交叉感染, 增加治疗难度。

综上所述, 本研究通过对感染性疾病患者的血液、痰液等标本培养, 结果显示, 近3年病原菌构成无明显变化。革兰阳性菌耐药菌株的构成比明显下降, 革兰阴性菌耐药菌株的构成比略有下降。说明本院医务人员抗生素使用逐渐规范化, 抗生素滥用在一定程度上得到控制, 但病原菌耐药表型检出率仍较高, 提示在今后仍要坚持和重视对病原菌耐药性的监测, 更有效地控制耐药菌的传播。同时, 严格掌握抗生素的应用指征和剂量, 减少或延缓耐药菌株产生及多药耐药菌的传播。

【参考文献】

- [1] 陈晨. 儿童医院ICU感染性疾病病原菌分布及耐药分析[J]. 医药论坛杂志, 2018, 39(1):96-97.
- [2] 王咏红, 郭雅洁, 陈玉莹, 等. 恒温扩增芯片法在儿童下呼吸道感染性疾病中的应用价值评估[J]. 中国循证儿科杂志, 2018, 13(3):176-179.
- [3] 张盼, 谢守军, 温海楠. 1113株血流感染分离病原菌状况及耐药性特征[J]. 临床荟萃, 2019, 34(2):148-153.
- [4] 段红茹, 柳静文. 急性心肌梗死患者合并医院感染病原菌检测及预后研究[J]. 陕西医学杂志, 2018, 47(5):616-618.
- [5] 卫生部临床检验中心. 全国临床检验操作规程(第3版)[M]. 南京: 东南大学出版社, 2006:1007-1014.
- [6] 朱德林. 2008年CLSI药敏试验标准的主要改变[J]. 中国感染与化疗杂志, 2008, 8(6):479-480.
- [7] 代利利, 张晓兰, 成华, 等. 北京市69家医院常见病原菌分布及耐药性分析[J]. 河北医药, 2019, 41(18):2870-2873.
- [8] 张晓兰, 李晓辉, 陈世财, 等. 北京潞河医院2016年主要病原菌分布及耐药性分析[J]. 临床药物治疗杂志, 2018, 16(1):52-54, 83.
- [9] 孙宁, 郑晓雪, 王星玥, 等. 潍坊市某医院临床分离病原菌的分布与耐药分析[J]. 中国抗生素杂志, 2020, 45(5):471-476.
- [10] 蔡心安, 蔡龙啸, 闫敏, 等. 碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌临床分布及耐药基因检测[J]. 检验医学与临床, 2020, 17(12):1662-1665.
- [11] 王川林, 刘娇, 古雪, 等. 血清炎症因子水平在血流感染性疾病中的表达及与病原菌、病情程度及预后的相关性研究[J]. 中国现代医学杂志, 2017, 27(21):61-65.
- [12] 潘宏伟, 孙恩华. MALDI-TOF MS直接鉴定阳性血培养病原菌的前处理方法选择[J]. 中华检验医学杂志, 2018, 41(8):563-566.
- [13] 张海霞, 何莉梅, 彭翠英, 等. 湖南省儿童医院儿童感染病原菌分布及耐药性分析[J]. 医学临床研究, 2017, 34(3):529-532.

(下转第576页)

2019年3月12日收集的污水样本中也检出了新冠病毒。现在越来越多的证据表明,在全球首例病例被发现之前,该病毒已在欧洲某些地区传播数月。

研究发现了越来越多新冠病毒的动物宿主。伦敦大学最新研究发现,26种动物因常与人类接触易感染新冠病毒,包括猫、狗、猪、马、兔子、水貂、雪貂、猕猴、狮子和老虎等。近期,我国农业科学院哈尔滨兽医研究所步志高团队研究发现,分离自人的新冠病毒株,鼻腔感染水貂后,病毒可在水貂的鼻腔和肺部高水平复制,并在水貂的上、下呼吸道引起与人类新冠病毒感染发病者极为相似的病理损伤,包括肺部的血栓形成。而且新冠病毒在水貂之间可通过呼吸道飞沫高效传播。该研究还证明,重组 SARS-CoV-2 S 蛋白疫苗接种水貂可成功预防肺部损伤。该研究认为水貂是最能模拟人感染新冠病毒的动物模型。

目前尚无针对新冠肺炎的特效抗病毒药物,但全球新冠疫苗成功研制并投入使用给全人类带来了希望。多国的新冠疫苗研发已经取得初步成果,并逐渐开始大规模接种。今年8月,俄罗斯疫苗“卫星-V”(Sputnik V)成为全球首款正式注册的新冠肺炎疫苗,10月该国第2款新冠疫苗“EpiVacCorona”获得本国注册并投入使用。12月,英国、加拿大、沙特、巴林、美国等多国已经批准了两款 mRNA 新冠疫苗紧急使用,分别是辉瑞(Pfizer)和德国 BioNTech 合作研发的新冠疫苗及美国 Moderna 公司旗下的新冠疫苗。12月19日,我国宣布开始对重点人群注射国产灭活新冠疫苗。另外,我国国产灭活新冠疫苗已在巴西、阿拉伯联合酋长国、土耳其等国获批并使用。

2 欧洲、亚洲出现禽间高致病性 H5N8 禽流感疫情

2020年10月以来,欧洲、亚洲多国禽养殖场出现禽间高致病性 H5N8 禽流感疫情。德国、法国、瑞典、英国、比利时、波兰家禽养殖场的家禽出现高致病性 H5N8 禽流感,数百万只鸡、鸭已经被扑杀。

11月下旬以来,韩国多地发生禽流感疫情,该国多个家禽养殖场陆续发现高致病性禽流感病

毒阳性样本。韩国农林畜产食品部称,此次禽流感暴发是大批候鸟迁徙,将 H5N8 禽流感病毒带入韩国境内,而后病毒在禽类之间传播,疫情迅速蔓延至全国。截至12月14日,该国共有13个农场出现疫情。为了防止禽流感疫情进一步扩散,韩国政府下令大规模扑杀活鸡、活鸭等家禽。除此之外,政府还要求对家禽养殖场周边的野鸟栖息地消毒,争取从源头控制疫情。

11月上旬,日本西部的香川县首次报告了禽流感疫情,此后疫情迅速蔓延,截至12月25日,日本境内47个都道府县中,已有12个县发生31起 H5N8 禽流感疫情,其中13起集中在香川县。该国已扑杀家禽超过300万只。本次禽流感疫情是该国有记录以来禽流感疫情扩散范围最广的一次。

联合国粮农组织表示,近期日本和韩国暴发的禽流感疫情是由高致病性 H5N8 禽流感病毒所引起的,鉴于该病毒起源于野生鸟类,已向各国卫生部门发出警告,要求对禽类养殖场周围的鸟类加强监视,防止疫情扩大化。

H5N8 禽流感病毒是一种禽类之间传播的高度传染性病毒。全球2014年首次发现 H5N8 禽流感病毒以来,尚未发现人感染该病毒。

3 刚果(金)第11次埃博拉疫情结束

基于2020年10月6日起,刚果(金)经过为期42d的2个最长潜伏期无新增确诊病例,11月18日刚果(金)卫生部宣布,始于今年6月的第11轮埃博拉疫情结束。本轮疫情中,累计报告130例埃博拉病毒病病例(确诊119例,临床诊断病例11例),死亡55例,治愈75例。

WHO 非洲区域办事处表示,虽然刚果(金)本轮埃博拉疫情已经结束,但未来数月仍存在新疫情暴发风险,须继续保持警惕,持续进行监测。

(源自:WHO、美国 CDC、Outbreak News Today、世卫组织美洲区域办事处、国家卫生健康委员会、国家质量监督检验检疫总局、环球网、医学论坛网、新华网、参考消息网、中国新闻网、人民网)

(2020-12-25 收稿 2020-12-25 修回)

(本文编辑 张云辉)

(上接第565页)

- [14] 陈凤萍,李孟,李正峰. 新生儿外科感染性疾病病原菌分布与耐药性[J]. 中国消毒学杂志, 2017, 34(8):771-773.
- [15] 冯亚红,刘顺智,张蕾. 2016年陕西省某三甲医院临床感染性病原菌调查分析[J]. 陕西医学杂志, 2017, 46(6):813-815.
- [16] 李娜,韩悦,王凡. 2015-2017年天津医科大学第二医院感染性疾病病原菌分布及耐药性分析[J]. 现代药物与临床, 2018, 33(10):2735-2738.
- [17] 朱雯,沈方方,侯秋英,等. 新生儿细菌性感染病原菌分布

与耐药性分析[J]. 中华医院感染学杂志, 2018, 28(2):265-268.

- [18] 李丽荣,姜皓,李岩,等. 泌尿系感染患者病原菌分布及耐药现状分析[J]. 中国实验诊断学, 2018, 22(9):1572-1574.
- [19] Bai N, Sun CG, Wang J, et al. Ertapenem versus ceftriaxone for the treatment of complicated infections: a meta-analysis of randomized controlled trials [J]. Chin Med(Engl), 2014, 127(6):1118-1125.

(2020-08-10 收稿 2020-12-01 修回)

(本文编辑 闫晶晶)