临床研究 DOI：10.13406/j.cnki.cyxb.003707

直肠癌患者术后感染的病原菌分布和预测模型

陈博文[1]，赵　晋[1]，魏晓霞[1]，吕　鸣[2]，干晟俊[3]，袁玉华[1]
（1.浙江大学医学院附属邵逸夫医院感染管理科，杭州　310016；2.浙江大学医学院附属邵逸夫医院病案室，杭州　310016；
3.浙江大学医学院附属邵逸夫医院检验科，杭州　310016）

【摘　要】目的：探究直肠癌患者术后发生医院感染的病原菌分布，并构建发生医院感染的预测模型。**方法：**回顾性收集1 537例在2021年1月至2022年12月于浙江大学医学院附属邵逸夫医院进行直肠癌手术治疗的患者，并根据其是否发生医院感染，采用倾向性评分匹配法（propensity score matching，PSM）进行1∶1匹配，最终纳入感染组及对照组各83例。对发生医院感染的患者，进行菌种分布及耐药性分析。采用最小绝对收缩和选择算子（least absolute shrinkage and selection operator，LASSO）回归筛选直肠癌患者术后发生医院感染的危险因素，运用多因素logistics回归建立预测模型，构建Nomogram图，利用受试者工作特征（receiver operating characteristic，ROC）曲线、校准曲线和决策曲线分析评估模型的预测价值。**结果：**83例医院感染患者中，共分离病原菌93株，其中87株为细菌，包括革兰阴性菌62株（66.67%），以大肠埃希菌和铜绿假单胞菌为主；革兰阳性菌25株（26.88%），以粪肠球菌为主；真菌6株（6.45%），均为白假丝酵母菌。通过LASSO回归筛选变量并使用多因素logistics回归建立模型，结果显示吸烟史（*OR*=3.97，95%CI=1.27~12.43）、引流管置管时间（*OR*=1.19，95%CI=1.08~1.30）、手术前后中性粒细胞差值（*OR*=1.23，95%CI=1.01~1.49）、手术前后C反应蛋白差值（*OR*=1.05，95%CI=1.03~1.07）为直肠癌患者术后发生医院感染的独立危险因素。基于以上因素构建的列线图模型ROC曲线下面积为0.933（95%CI=0.896~0.969）。校准曲线分析显示，该模型的实际、校正曲线拟合好，且接近于理想曲线。决策曲线分析结果提示，该模型具有良好的临床效用和较高的净临床效益。**结论：**本研究构建的预测模型对直肠癌患者术后发生医院感染具有良好的预测价值。

【关键词】直肠癌；医院感染；病原菌；预测模型
【中图分类号】R639　　**【文献标志码】**A　　**【收稿日期】**2024-01-14

Pathogen distribution and predictive nomogram for postoperative nosocomial infection in rectal cancer

Chen Bowen[1]，*Zhao Jin*[1]，*Wei Xiaoxia*[1]，*Ming Lü*[2]，*Gan Shengjun*[3]，*Yuan Yuhua*[1]
（*1.Department of Healthcare-associated Infections，Sir Run Run Shaw Hospital，Zhejiang University School of Medicine；2.Medical Record Department，Sir Run Run Shaw Hospital，Zhejiang University School of Medicine；3.Department of Clinical Laboratory，Sir Run Run Shaw Hospital，Zhejiang University School of Medicine*）

【Abstract】*Objective*：To examine the distribution of pathogens that cause postoperative nosocomial infections in patients with rectal cancer（RC）and to construct a predictive nomogram for nosocomial infection. ***Methods*：**The clinical data of 1537 RC patients admitted to Sir Run Run Shaw Hospital between January 2021 and December 2022 were collected. Patients were assigned 1∶1 by propensity score matching（PSM）to the infection group（*n*=83）and control group（*n*=83）based on the occurrence of nosocomial infection. The distribution and drug resistance of bacteria in patients with nosocomial infection were analyzed. Risk factors for postoperative nosocomial infection were identified by least absolute shrinkage and selection operator（LASSO）regression，and a predictive nomogram was constructed using multivariate logistics regression. The predictive performance of the model was evaluated by receiver operating characteristic（ROC）curve，calibration curve，and decision curve analysis（DCA）. ***Results*：**A total of 93 strains of pathogens were isolated from the 83 infected patients，including 62 strains of Gram-negative bacteria（66.67%；predominantly *Escherichia coli* and *Pseudomonas aeruginosa*），25 strains of Gram-positive bacteria（26.88%；mainly *Enterococcus faecalis*），and 6 strains of fungi（6.45%；all *Candida albicans*）. LASSO and multivariate logistics regression showed that smoking（odds ratio［*OR*］=3.97，95%CI=1.27-12.43），the dwelling time of drainage tube（*OR*=1.19，95%CI=1.08-1.30），difference in preoperative and postoperative neutrophil counts（*OR*=1.23，95%CI=

作者介绍：陈博文，Email：13075840051@163.com，
研究方向：多重耐药菌研究。
通信作者：袁玉华，Email：yuanyh@zju.edu.cn。
基金项目：浙江省教育厅抗疫专项资助项目（编号：Y202043587）。
优先出版：https://link.cnki.net/urlid/50.1046.R.20250109.1033.008（2025-01-09）

1.01-1.49），and difference between preoperative and postoperative C-reactive protein levels（*OR*=1.05，95%CI=1.03-1.07）were independent risk factors for postoperative nosocomial infection in RC patients. The area under the ROC curve of the nomogram constructed based on the above factors was 0.933（95%CI=0.896-0.969）. The calibration curve showed that the predicted risk was in good agreement with the actual observed risk of infection. In addition，DCA demonstrated that the nomogram has good clinical utility and high net clinical benefits in predicting nosocomial infection. ***Conclusion***：The nomogram constructed in this study has a good predictive performance in postoperative nosocomial infection in RC patients.

【Key words】rectal cancer；nosocomial infection；pathogens；predictive model

结直肠癌为消化系统中常见的肿瘤疾病之一，根据世界卫生组织发布的GLOBOCAN 2018数据，其发病率在全球范围内稳定上升，是全球第三大常见的癌症类型，位居我国常见恶性肿瘤的第4位[1]。直肠癌占所有结直肠癌病例的30%~40%，其全球发病率在2000年至2016年高至1.24/10万人年[2]。直肠癌患者自身抵抗力低下，并且手术期间常需要进行气管插管、导尿管置入、引流管置入等侵入性操作，进而增加患者术后发生医院感染风险[3]。术后发生医院感染是较为严重的并发症，不仅会增加患者经济压力，还会降低手术的治疗效果和影响患者的预后情况[4]。

识别直肠癌术后医院感染的高危人群对早期预防、及时合理抗感染治疗具有重要意义。本研究基于直肠癌患者的临床特征和相关实验室检查，通过最小绝对收缩和选择算子（least absolute shrinkage and selection operator，LASSO）回归筛选变量，应用列线图构建风险预测模型评估直肠癌患者术后发生医院感染的概率，以期协助临床合理使用抗菌药物，指导临床防治措施，防控感染相关因素，为早期发现医院感染提供参考依据，从而降低医院感染发生率。

1 资料与方法

1.1 研究对象

回顾性收集2021年1月1日至2022年12月31日于浙江大学医学院附属邵逸夫医院进行直肠癌手术治疗的患者，并通过以下纳排标准对样本进行筛选。纳入标准：①符合《NCCN直肠癌诊治指南》[5]中直肠癌的诊断标准；②临床资料完整；③年龄>18岁；排除标准：①结肠癌患者；②住院期间未进行手术；③社区获得性感染；④术前发生医院感染。医院感染的诊断标准参照《医院感染诊断标准（试行）》[6]。最终共纳入1 537例直肠癌术后患者，其中83例发生医院感染，而1 454例未发生医院感染。由于两者例数差异悬殊，因此采用倾向性评分匹配法（propensity score matching，PSM）根据年龄、性别和入院时间进行1∶1匹配获得感染组及对照组各83例。具体研究流程如图1所示。

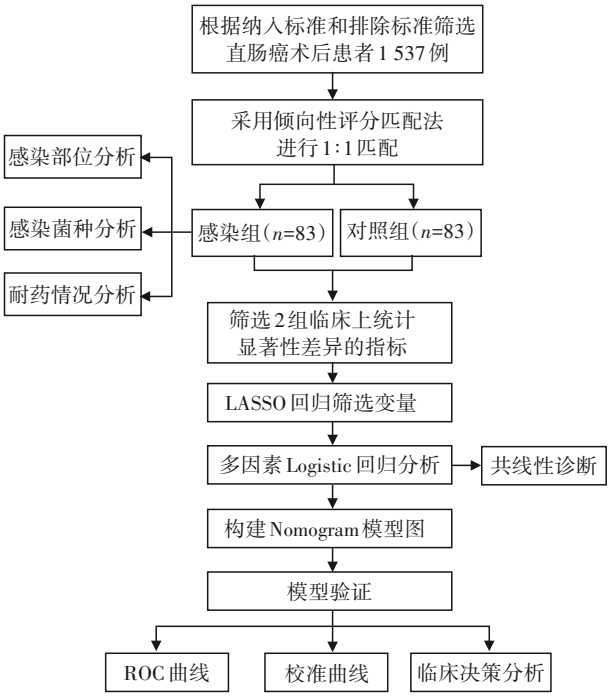


图1 研究流程图

1.2 方法

1.2.1 临床资料收集 收集患者基础临床资料，包括：性别、年龄、体质指数（body mass index，BMI）、吸烟史、青霉素过敏史、高血压、糖尿病、造瘘情况、引流管置管时间、术前抗生素使用天数等。

1.2.2 实验室检测 淋巴细胞、中性粒细胞等血常规指标采用迈瑞BC-6900全自动血液细胞分析仪进行检测，总蛋白、C反应蛋白等血生化指标采用贝克曼库尔特AU5800系列全自动生化分析仪进行检测。采用法国生物梅里埃VITEK® 2 Compact全自动微生物鉴定及药敏系统对病原菌进行鉴定和药敏试验。

1.3 统计学方法

采用SPSS 23.0和R v4.1.3对数据进行统计学分析。其中计量资料以均数±标准差（$\bar{x}\pm s$）表示，采用t检验分析2组之间的差异；计数资料以例数及百分比表示，采用χ^2检验或Fisher精确检验分析2组之间的差异，检验水准α=0.05。

采用R软件的“glmnet”及“palasso”程序包进行1∶1配对条件的LASSO回归分析，以降维处理变量，避免过拟合和多重共线性，筛选与直肠癌患者术后发生医院感染相关的影响因素。为防止纳入模型的变量之间存在共线性，血生化指标变量只纳入手术前和手术前后差值的数值，并且采用容差和方差膨胀因子（variance inflation factor，VIF）对预测模型进行共线性诊断。基于筛选得到的变量，采用1∶1配对条件的多因素logistic回归构建临床预测模型，运用R软件的“rms”包绘制Nomogram模型图，采用Hosmer-Lemeshow检验评价模型拟合优度，通过受试者工作特征（receiver operating characteristic，ROC）曲线和曲线下面积（area under the curve，AUC）评价模型的区分度；对模型进行1 000次的Bootstrap自抽样检验，运用R软件的“rms”包绘制校准曲线评估预测模型的校准度，运用R软件的“rmda”包绘制决策曲线分析图（decision curve analysis，DCA）评估模型的临床有效性。

2 结 果

2.1 发生医院感染部位情况

在1 537例直肠癌术后患者中，有83例发生医院感染，感染率为5.40%，主要感染部位为腹（盆）腔内组织感染，占51.81%，其次为表浅手术切口感染和深部手术切口感染，占14.46%和13.25%，见表1。

表1 感染部位情况及构成比（n;%）

感染部位	感染例数（n=83）	构成比（%）
腹（盆）腔内组织感染	43	51.81
表浅手术切口感染	12	14.46
深部手术切口感染	11	13.25
泌尿系统感染	4	4.82
败血症	4	4.82
下呼吸道感染	3	3.62
腹水感染	2	2.41
器官（或腔隙）感染	2	2.41
上呼吸道感染	1	1.20
血管导管相关性感染	1	1.20

2.2 病原菌分布情况

83例直肠癌术后感染患者检出病原菌93株，其中87株为细菌，占93.55%，包括革兰阴性菌62株，占66.67%，以及革兰阳性菌25株，占26.88%；6株为真菌，均为白假丝酵母菌，占6.45%。革兰阴性菌以大肠埃希菌和铜绿假单胞菌为主，分别占比25.81%和13.98%；革兰氏阳性菌以粪肠球菌为主，占比8.60%，见表2。

2.3 病原菌耐药情况

直肠癌患者术后发生医院感染的2种主要感染病原菌是大肠埃希菌和铜绿假单胞菌，其药敏报告结果显示，大肠埃希菌对庆大霉素、环丙沙星、左氧氟沙星、复方新诺明、头孢曲松、头孢唑啉的耐药率较高，均超过50%，而对阿米卡星、替加环素最为敏感，耐药率为0%，检出耐碳青霉烯类大肠埃希菌2株，对美洛培南、厄他培南和亚胺培南的耐药率均为8.33%。铜绿假单胞菌对美洛培南和亚胺培南的耐药率分别为7.69%和15.38%，对头孢唑啉的耐药率最高，达到100.00%。大肠埃希菌和铜绿假单胞菌对抗菌药物的耐药情况见表3。

表2 感染病原菌种类及构成比（n;%）

病原菌	分离株数（n=93）	构成比（%）
革兰阴性菌	62	66.67
大肠埃希菌	24	25.81
铜绿假单胞菌	13	13.98
肺炎克雷伯菌	5	5.38
鲍曼复合不动杆菌	4	4.30
嗜麦芽寡养单胞菌	3	3.23
洋葱伯克霍尔德菌	3	3.23
阴沟肠杆菌	2	2.15
其他	8	8.60
革兰阳性菌	25	26.88
粪肠球菌	8	8.60
金黄色葡萄球菌	4	4.30
屎肠球菌	4	4.30
表皮葡萄球菌	2	2.15
其他	7	7.52
真菌	6	6.45
白假丝酵母菌	6	6.45

表3 大肠埃希菌和铜绿假单胞菌对抗菌药物的耐药情况（n;%）

抗菌药物	大肠埃希菌（n=24）		铜绿假单胞菌（n=13）	
	分离株数	耐药率（%）	分离株数	耐药率（%）
氨苄西林	8	33.33		
哌拉西林	2	8.33	0	0.00
阿米卡星	0	0.00	0	0.00
庆大霉素	12	50.00	0	0.00
妥布霉素	3	12.50	0	0.00
氨曲南	8	33.33	0	0.00
环丙沙星	16	66.67	0	0.00
左氧氟沙星	14	58.33	0	0.00
复方新诺明	14	58.33		
替加环素	0	0.00		
美洛培南	2	8.33	1	7.69
厄他培南	2	8.33		
亚胺培南	2	8.33	2	15.38
舒普深	2	8.33	0	0.00
头孢吡肟	2	8.33	0	0.00
头孢他啶	3	12.50	0	0.00
头孢曲松	16	66.67		
头孢唑啉	17	70.83	13	100.00
头孢替坦	2	8.33		

2.4 患者基础临床资料

直肠癌患者基础临床资料的结果显示，感染组和对照组均有男性66例，女性17例，平均年龄为66.95岁和66.29岁。

2组在BMI、吸烟史、青霉素过敏史、高血压、糖尿病、造瘘、术前抗生素使用、术前淋巴细胞、术前中性粒细胞、术前总蛋白、术前C反应蛋白、总蛋白（差值）等方面差异均无统计学意义（P>0.05），而在引流管置管时间、淋巴细胞（差值）、中性粒细胞（差值）、C反应蛋白（差值）方面差异有统计学意义（P<0.05）（表4）。

2.5 LASSO回归筛选变量

为筛选出影响直肠癌术后患者发生医院感染的危险因素，以医院感染发生情况为因变量，将表4中的BMI、吸烟史、青霉素过敏史、高血压等16个变量作为自变量，进行LASSO回归分析。经10倍交叉验证计算最优λ值，当距离均方误差一倍标准误时（λ_{1se}），得到最优模型。最终LASSO回归模型筛选出4个影响因素：吸烟史、引流管置管时间、中性粒细胞（差值）、C反应蛋白（差值），见图2。

2.6 构建预测模型

对LASSO回归筛选所得的4个变量进行多因素logistics回归分析，结果显示，吸烟史（OR=3.97，95%CI=1.27~12.43）、引流管置管时间（OR=1.19，95%CI=1.08~1.30）、手术前后中性粒细胞变化量（OR=1.23，95%CI=1.01~1.49）、手术前后C反应蛋白变化量（OR=1.05，95%CI=1.03~1.07）为直肠癌患者术后发生医院感染的独立危险因素，见表5。吸烟史、引流管留置时间、手术前后中性粒细胞变化量和手术前后C反应蛋白变化量的容差均>0.1，VIF均<10，因此4个变量间无共线性。将logistics回归所分析的4个独立危险因素绘制成Nomogram模型图，构建预测模型，见图3。

表4 2组基础临床资料对比（n，%；$\bar{x}\pm s$）

指标	感染组（n=83）	对照组（n=83）	χ^2/t值	P值
性别			–	–
男性	66（79.52）	66（79.52）		
女性	17（20.48）	17（20.48）		
年龄（岁）	66.95 ± 11.36	66.29 ± 10.77	–	–
BMI（kg/m^2）	22.91 ± 3.27	23.39 ± 3.04	–0.964	0.337
吸烟史	23（27.71）	15（18.07）	2.184	0.139
青霉素过敏史	9（10.84）	3（3.61）	3.234	0.072
高血压	41（49.40）	35（42.17）	0.874	0.350
糖尿病	12（14.46）	9（10.84）	0.491	0.484
造瘘	13（15.66）	9（10.84）	0.838	0.360
引流管置管时间（d）	14.01 ± 9.01	7.06 ± 5.04	6.097	<0.001
术前抗生素使用（d）	1.67 ± 2.99	1.19 ± 1.09	1.371	0.172
淋巴细胞（术前，10^9/L）	1.36 ± 0.73	1.38 ± 0.48	–0.200	0.842
中性粒细胞（术前，10^9/L）	3.66 ± 1.73	4.08 ± 2.06	–1.420	0.158
总蛋白（术前，g/L）	67.44 ± 7.73	69.47 ± 6.61	–1.807	0.073
C反应蛋白（术前，mg/L）	7.29 ± 17.17	5.83 ± 18.57	0.523	0.601
淋巴细胞（差值，10^9/L）	–0.65 ± 0.63	–0.43 ± 0.38	–2.612	0.010
中性粒细胞（差值，10^9/L）	2.81 ± 3.20	0.81 ± 2.51	4.441	<0.001
总蛋白（差值，g/L）	–12.88 ± 9.28	–15.15 ± 13.93	1.225	0.223
C反应蛋白（差值，mg/L）	97.17 ± 61.86	22.13 ± 24.53	10.211	<0.001

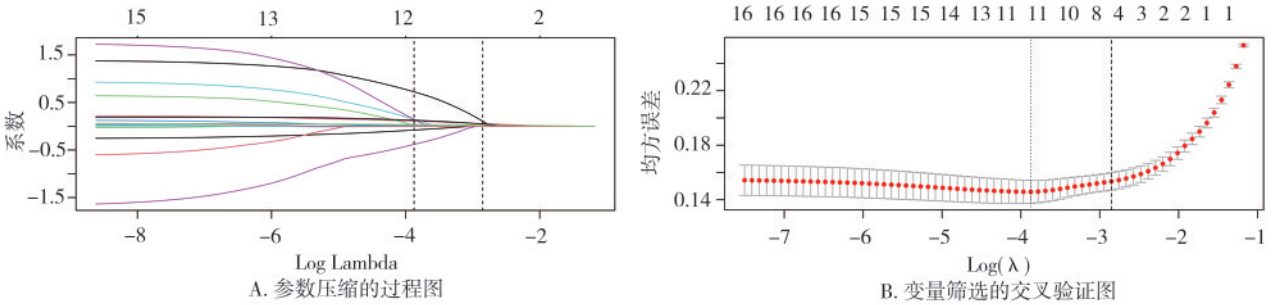


图2 LASSO回归交叉验证结果及系数路径

表5 直肠癌术后感染多因素logistic回归分析及共线性诊断

独立危险因素	β	SE	Wald χ^2	OR	95%CI	P	容差	VIF
吸烟史	1.38	0.58	5.61	3.97	1.27~12.43	0.018	0.886	1.129
引流管留置时间	0.17	0.05	12.63	1.19	1.08~1.30	<0.001	0.771	1.297
中性粒细胞（差值）	0.21	0.10	4.32	1.23	1.01~1.49	0.038	0.855	1.170
C反应蛋白（差值）	0.05	0.01	27.44	1.05	1.03~1.07	<0.001	0.988	1.012

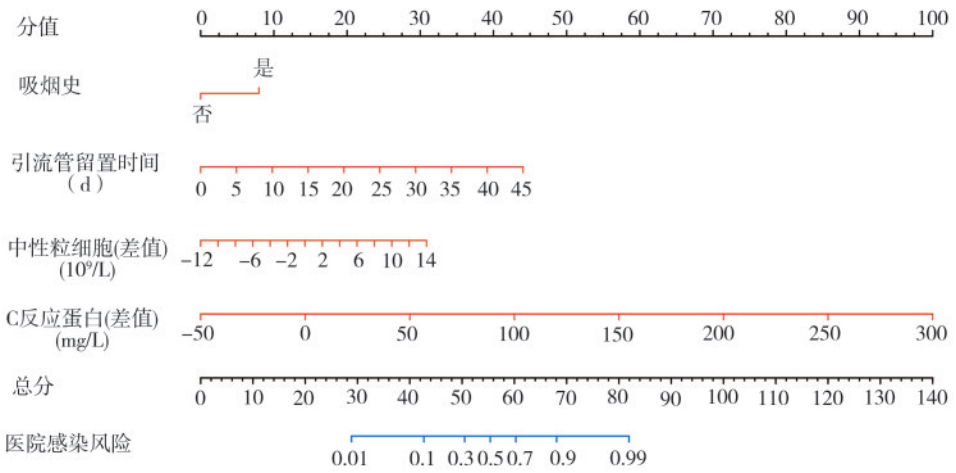


图3　直肠癌患者术后发生医院感染的Nomogram模型图

2.7　模型验证

2.7.1　区分度　ROC曲线分析显示，该模型ROC的AUC值为0.933（95%CI=0.896~0.969），证明此模型分类效能高，区分能力较好；ROC曲线最佳截点值为0.359，此时模型敏感性为0.916，特异性为0.807，进一步证实该模型可靠、有效（图4）。

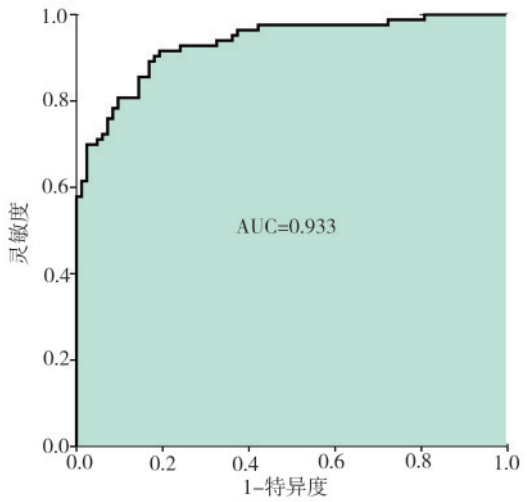


图4　预测模型的ROC曲线图

2.7.2　校准度　经过Bootstrap法重复抽样1 000次验证模型，结果显示，校准曲线与理想曲线之间具有良好的一致性，提示模型预测直肠癌患者术后发生医院感染的概率与实际概率基本吻合（图5）；与此一致，Hosmer−Lemeshow检验结果显示，χ^2=4.930，P=0.765，说明该预测模型具有较好的拟合度，预测价值高，有良好的校准度。

2.7.3　临床有效性　临床决策曲线分析结果显示，对模型预测的直肠癌术后发生医院感染的高危人群进行干预比对所有患者实施干预方案更有利，预测模型的净收益显著高于全干预或无干预方案，表明该模型具有较好的临床应用价值，临床净收益较高，见图6。

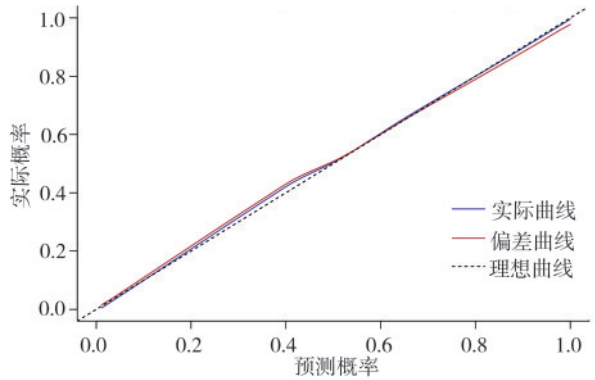


图5　预测模型的校准曲线

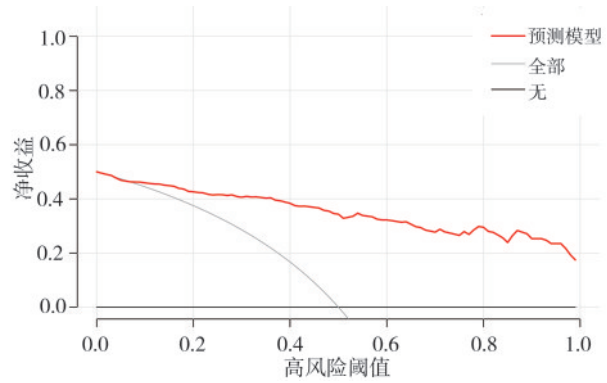


图6　预测模型的决策曲线分析图

3　讨　论

20世纪80年代针对医院感染的研究表明，接受癌症治疗的患者中有9%~12%会发生医院感染，平均每1 000个住院日发生6次感染[7]。癌症患者的医院感染推迟了化疗的开始时间，并且减少了常规剂量[8]。此外，医院感染延长了住院时间，增加了发病率和死亡率，并增加了患者及其家属的经济负

担[9]。癌症患者发生医院感染可能会导致感染性休克，并且是死亡的危险因素[10]。此外，医院病原菌不仅会存在从传染源到易感患者的传播链，而且先前研究表明发生医院感染的癌症患者的微生物分布和抗生素敏感性可能受到传染源的影响[11]。因此，预防和控制医院感染可以防止病原菌在患者和工作人员传播，这些保障措施在提高病患的舒适性，降低感染率、减少经济损失等方面具有重要意义。

直肠癌患者代表一类特定的人群，因为这些患者由于各种不同的机制容易产生免疫抑制[12]。直肠的免疫系统需要在维持对自身组织的耐受性和对潜在病原菌和癌细胞的免疫力之间进行微调与平衡[13]。同时，感染仍是直肠癌患者住院期间最常见的并发症之一[14]。因此，对直肠癌患者而言，临床医生充分了解医院感染的流行病学和微生物学特征，早期发现发生医院感染的高危人群并进行预防，在降低感染相关死亡率方面发挥着重要作用。

全球范围内的癌症患者发生医院感染的病原菌流行病学随着时间的推移发生了变化[15]。20 世纪 60 至 70 年代，革兰阴性菌是癌症患者最常见的病原菌[16]。在之后的 20 年里，由于化疗诱导致严重口腔粘膜炎的宿主原因、中心静脉导管的广泛使用和预防性抗菌用药的外界因素，革兰阳性菌逐渐取代革兰阴性菌成为最常见的病原菌[17]。然而，近年来，全球范围内癌症患者医院感染的常见病原菌又从革兰阳性球菌转变为革兰阴性细菌[18]。本研究结果显示，革兰阴性菌在直肠癌患者的医院感染中处于主要地位（66.7%），这与其他近几年的癌症患者医院感染研究的结果一致[19-22]。

本研究中的药敏实验结果显示大肠埃希菌对庆大霉素、环丙沙星、左氧氟沙星、复方新诺明、头孢曲松、头孢唑啉的耐药率均超过 50%，这可能与菌株携带产超广谱 β-内酰胺酶（extended spectrum beta-lactamases，ESBL）、AmpC 酶、氨基糖苷类钝化酶和喹诺酮类等药物耐药基因有关[23]。而直肠癌患者围手术期抗生素的滥用会让菌株产生选择性压力，增加菌株的耐药性[24]，这强调了合理使用抗生素的重要性。此外，本研究显示对哌拉西林耐药率仅为 8.3%，提示直肠癌患者术后发生大肠埃希菌感染时，哌拉西林可作为治疗产 ESBL 菌株的经验用药之一，具体用药仍需根据药敏结果进行药物选择。

目前列线图广泛应用于癌症、免疫、感染等医学领域的研究[25]。列线图可以将复杂的回归方程转化为直观的图形，使患者的预测风险量化[26]。本研究构建了一个预测直肠癌患者术后发生医院感染风险的列线图，同时还评估了在实践中用于支持决策制定时的预测能力和临床效用。本研究构建的预测模型所纳入的危险因素包括吸烟史、引流管留置时间、手术前后的中性粒细胞差值、手术前后的 C 反应蛋白差值。作为危险因素的其中之一，吸烟可以影响固有免疫和获得性免疫，并通过致病性免疫反应的恶化或防御免疫的减弱在调节免疫方面发挥双重作用，导致自我保护能力降低，使外界病原菌更容易定植[27]。此外，研究表明重症患者引流管导管的置入为细菌入侵创造了新的途径，破坏了身体原有的粘膜和血管屏障功能，从而增加了医院感染的可能性[28]。作为白细胞种类之一，中性粒细胞是固有免疫系统的重要组成部分，可以帮助机体抵抗感染和治愈受伤组织，在细菌感染、炎症、损伤等情况下大幅增高[29]。C 反应蛋白是一种急性炎症蛋白，在感染或炎症部位可增加 1 000 倍，在感染反应中发挥重要作用，其机制包括补体途径、细胞凋亡、吞噬作用、一氧化氮释放和细胞因子的产生，并且被推荐作为医院感染的随访指标[30]。C 反应蛋白在感染后 6~8 h 开始升高，24~48 h 达到峰值，但在其他的情况下如：创伤、恶性肿瘤、应激状态，也可导致 C 反应蛋白水平出现异常[31]，因此，单用 C 反应蛋白指标进行预测感染的发生可能出现特异度不高的问题。本研究显示吸烟史、引流管留置时间、中性粒细胞和 C 反应蛋白均能影响直肠癌患者术后医院感染的发生，协同 4 个指标合并构建的列线图模型在临床预警方面能更加有效地预测医院感染，并且具备更高的灵敏度和特异度。总而言之，本研究构建的列线图在预测直肠癌术后患者的医院感染风险方面具有良好的性能和临床效益，可利用本研究的临床模型预测直肠癌术后患者发生医院感染的风险，帮助直肠癌术后患者早期发现感染情况，以尽早采取治疗和控制措施，避免感染的进一步发展和加重。

尽管如此，本研究也存在一些难以避免的不足之处。首先，所纳入的样本量和观察指标比较有限，且为单中心研究，因此结果可能存在一定的局限性。其次，缺乏独立的外部验证样本集，后续还需在其他大型队列研究中进行验证。

综上所述，直肠癌患者术后发生医院感染的主要病原菌为革兰阴性菌，直肠癌术后感染的危险因素主要包括吸烟史、引流管留置时间、手术前后的中性粒细胞差值、手术前后的 C 反应蛋白差值，基于

此构建的预测模型对直肠癌术后感染患者具有较好的预测价值，临床上可根据此 Nomogram 模型对直肠癌术后发生医院感染的高危患者进行预测，降低患者发生医院感染的风险。

参 考 文 献

[1] Rawla P, Sunkara T, Barsouk A. Epidemiology of colorectal cancer: incidence, mortality, survival, and risk factors[J]. Prz Gastroenterol, 2019, 14(2): 89-103.

[2] Ramai D, Ofosu A, Solanki V, et al. Incidence rates, treatment, and survival of rectal cancer among young patients: a nationwide cohort study [J]. J Clin Gastroenterol, 2021, 55(6): 534-541.

[3] TorrijoI, BalciscuetaZ, TabetJ, et al. Prospective study of urinary function and analysis of risk factors after rectal cancer surgery[J]. Tech Coloproctol, 2021, 25(6): 727-737.

[4] Yao LL, Xiao MZ, Luo YT, et al. Research on the factors that influence patients with colorectal cancer participating in the prevention and control of surgical site infection: based on the extended theory of planned behaviour[J]. Health Expect, 2021, 24(6): 2087-2097.

[5] Benson AB, Venook AP, Al-Hawary MM, et al. Rectal cancer, version 2.2022, NCCN clinical practice guidelines in oncology[J]. J Natl Compr Canc Netw, 2022, 20(10): 1139-1167.

[6] 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.
Ministry of Health of the People's Republic of China. Diagnostic criteria for nosocomial infections(proposed)[J]. Natl Med J China, 2001, 81(5): 314-320.

[7] Rotstein C, Cummings KM, Nicolaou AL, et al. Nosocomial infection rates at an oncology center[J]. Infect Control, 1988, 9(1): 13-19.

[8] Gajdács M, Urbán E. Epidemiological trends and resistance associated with Stenotrophomonas maltophilia bacteremia: a 10-year retrospective cohort study in a tertiary-care hospital in Hungary[J]. Diseases, 2019, 7(2): 41-53.

[9] Kamboj M, Sepkowitz KA. Nosocomial infections in patients with cancer[J]. Lancet Oncol, 2009, 10(6): 589-597.

[10] Ha YE, Kang CI, Cha MK, et al. Epidemiology and clinical outcomes of bloodstream infections caused by extended-spectrum β-lactamase-producing *Escherichia coli* in patients with cancer[J]. Int J Antimicrob Agents, 2013, 42(5): 403-409.

[11] Fentie A, Wondimeneh Y, Balcha A, et al. Bacterial profile, antibiotic resistance pattern and associated factors among cancer patients at University of Gondar Hospital, Northwest Ethiopia[J]. Infect Drug Resist, 2018, 11: 2169-2178.

[12] Zhang Y, Rajput A, Jin N, et al. Mechanisms of immunosuppression in colorectal cancer[J]. Cancers(Basel), 2020, 12(12): 3850-3873.

[13] Brown H, Esterházy D. Intestinal immune compartmentalization: implications of tissue specific determinants in health and disease[J]. Mucosal Immunol, 2021, 14(6): 1259-1270.

[14] Huang W, Wei ZQ, Qiu YH, et al. Effects of wound infection on prognosis after laparoscopic abdominoperineal resection of rectal cancer [J]. Front Oncol, 2022, 12: 1036241.

[15] Gudiol C, Aguado JM, Carratalà J. Bloodstream infections in patients with solid tumors[J]. Virulence, 2016, 7(3): 298-308.

[16] Jiang AM, Liu N, Ali Said R, et al. Nosocomial infections in gastrointestinal cancer patients: bacterial profile, antibiotic resistance pattern, and prognostic factors[J]. Cancer Manag Res, 2020, 12: 4969-4979.

[17] Cordonnier C, Buzyn A, Leverger G, et al. Epidemiology and risk factors for gram-positive coccal infections in neutropenia: toward a more targeted antibiotic strategy[J]. Clin Infect Dis, 2003, 36(2): 149-158.

[18] Perdikouri EIA, Arvaniti K, Lathyris D, et al. Infections due to multidrug-resistant bacteria in oncological patients: insights from a five-year epidemiological and clinical analysis[J]. Microorganisms, 2019, 7(9): 277.

[19] Jiang AM, Shi X, Zheng HR, et al. Establishment and validation of a nomogram to predict the in-hospital death risk of nosocomial infections in cancer patients[J]. Antimicrob Resist Infect Control, 2022, 11(1): 29.

[20] Ashour HM, El-Sharif A. Species distribution and antimicrobial susceptibility of gram-negative aerobic bacteria in hospitalized cancer patients[J]. J Transl Med, 2009, 7: 14.

[21] Marín M, Gudiol C, Garcia-Vidal C, et al. Bloodstream infections in patients with solid tumors: epidemiology, antibiotic therapy, and outcomes in 528 episodes in a single cancer center[J]. Medicine, 2014, 93(3): 143-149.

[22] Antonio M, Gudiol C, Royo-Cebrecos C, et al. Current etiology, clinical features and outcomes of bacteremia in older patients with solid tumors[J]. J Geriatr Oncol, 2019, 10(2): 246-251.

[23] Poirel L, Madec JY, Lupo A, et al. Antimicrobial resistance in *Escherichia coli*[J]. Microbiol Spectr, 2018, 6(4): 1-27.

[24] Menz BD, Charani E, Gordon DL, et al. Surgical antibiotic prophylaxis in an era of antibiotic resistance: common resistant bacteria and wider considerations for practice[J]. Infect Drug Resist, 2021, 14: 5235-5252.

[25] Balachandran VP, Gonen M, Smith JJ, et al. Nomograms in oncology: more than meets the eye[J]. Lancet Oncol, 2015, 16(4): e173-e180.

[26] Grimes DA. The nomogram epidemic: resurgence of a medical relic[J]. Ann Intern Med, 2008, 149(4): 273-275.

[27] Zaborowski AM, Winter DC, Lynch L. The therapeutic and prognostic implications of immunobiology in colorectal cancer: a review[J]. Br J Cancer, 2021, 125(10): 1341-1349.

[28] Su LX, Wang XT, Pan P, et al. Infection management strategy based on prevention and control of nosocomial infections in intensive care units[J]. Chin Med J, 2019, 132(1): 115-119.

[29] Kobayashi SD, Malachowa N, DeLeo FR. Neutrophils and bacterial immune evasion[J]. J Innate Immun, 2018, 10(5/6): 432-441.

[30] Moreno MS, Nietmann H, Matias CM, et al. C-reactive protein: a tool in the follow-up of nosocomial pneumonia[J]. J Infect, 2010, 61(3): 205-211.

[31] Sproston NR, Ashworth JJ. Role of C-reactive protein at sites of inflammation and infection[J]. Front Immunol, 2018, 9: 754.

（责任编辑：李青颖）

本文引用格式：
陈博文，赵 晋，魏晓霞，等. 直肠癌患者术后感染的病原菌分布和预测模型[J]. 重庆医科大学学报，2025，50(3)：352-358.