·调查报告与分析·

潍坊市农村居民碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌肠道定植情况及相关因素：一项横断面调查

吴绍帅[1]，寇增强[2]，邢薇佳[1]，王爽[2]，张华宁[2]，刘子卿[2]，于晓琳[2]，陈玉贞[2]，房明[2]，吕健[2]，程立肖[2]，张芸[1]

1. 山东第一医科大学(山东省医学科学院)，济南 250117；
2. 山东省疾病预防控制中心传染病防制所 山东省预防医学研究院 山东省传染病智慧化监测预警和防控重点实验室(筹)，济南 250014

通信作者：寇增强，E-mail：jack-cou@163.com

【摘　要】目的　了解山东省潍坊市农村居民碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌(CRE)肠道定植情况及其相关因素，为基层社区耐药菌的防控提供依据。**方法**　于 2023 年 11 月采用多阶段分层随机抽样方法在潍坊市抽取 12 个村的 833 名农村居民进行问卷调查和粪便样本 CRE 检测，分析 CRE 肠道定植情况及相关因素。**结果**　潍坊市最终纳入分析的 767 名农村居民中，粪便样本检测出 CRE 者 59 人，CRE 肠道定植率为 7.69%；检出的 59 份 CRE 菌株样本中，大肠埃希菌 38 份(64.41%)，人型埃希氏菌 5 份(8.47%)，霍氏肠杆菌 5 份(8.47%)，肺炎克雷伯氏菌 4 份(6.78%)，奇异变形杆菌 4 份(6.78%)，弗氏柠檬酸杆菌 2 份(3.39%)，变栖克雷伯菌 1 份(1.69%)；多因素非条件 logistic 回归分析结果显示，饮用未煮沸的井水/自来水(*OR*=3.36, 95%*CI*=1.16～9.71)和使用动物粪便施肥(*OR*=2.10, 95%*CI*=1.05～4.24)潍坊市农村居民的 CRE 肠道定植率较高，如厕后洗手(*OR*=0.32, 95%*CI*=0.15～0.70)和使用室内厕所(*OR*=0.18, 95%*CI*=0.05～0.73)潍坊市农村居民的 CRE 肠道定植率较低。**结论**　山东省潍坊市农村居民 CRE 肠道定植率处于较高水平，主要菌种为大肠埃希菌，饮用未煮沸的井水或自来水、使用动物粪便施肥、如厕后洗手和使用室内厕所与当地农村居民 CRE 定植显著相关。

【关键词】 碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌(CRE)；肠道定植情况；农村居民；潍坊市

Intestinal colonization of carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* and associated factors in rural residents in Weifang: a cross-sectional survey

WU Shaoshuai[1], KOU Zengqiang[2], XING Weijia[1], WANG Shuang[2], ZHANG Huaning[2], LIU Ziqing[2], YU Xiaolin[2], CHEN Yuzhen[2], FANG Ming[2], LÜ Jian[2], CHENG Lixiao[2], ZHANG Yun[1] (*1. Shandong First Medical University & Shandong Academy of Medical Sciences, Jinan* 250117, *China*; *2. Infectious Disease Prevention and Control Institute of Shandong Center for Disease Control and Prevention/Shandong Institute of Preventive Medicine/Shandong Provincial Key Laboratory of Intelligent Monitoring, Early Warning, and Prevention of Infectious Diseases, Jinan* 250014, *China*)

Corresponding author: KOU Zengqiang, E-mail: jack-cou@163.com

【Abstract】 **Objective** To investigate the intestinal colonization rate of carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* (CRE) among rural residents in Weifang city, Shandong province and identify the associated factors, thereby providing evidence for the prevention and control of drug-resistant bacteria at the community level. **Methods** In November 2023, a multi-stage stratified random sampling method was employed to select 833 rural residents from 12 villages in Weifang city, Shandong province. Questionnaire surveys and fecal sample CRE detection were conducted. The colonization rate of CRE in the intestine and the associated factors were analyzed. **Results** Among the 767 rural residents ultimately included in the analysis, 59 individuals had fecal samples that tested positive for CRE, resulting in an intestinal colonization rate of CRE being 7.69%. Among the 59 samples that tested positive for CRE strains, 38, 5, 5, 4, 4, 2, and 1 samples were positive for *Escherichia coli* (64.41%), *Escherichia albertii* (8.47%), *Enterobacter hormaechei* (8.47%), *Klebsiella pneumoniae* (6.78%), *Proteus mirabilis* (6.78%), *Citrobacter freundii* (3.39%), and *Klebsiella variicola* (1.69%), respectively. Multivariate unconditional logistic regression analysis revealed that drinking unboiled well water or tap water (*OR* = 3.36, 95%*CI*: 1.16–9.71) and using animal manure as fertilizer (*OR* = 2.10, 95%*CI*: 1.05–4.24) were positively correlated with the intestinal colonization rate of CRE among rural residents in Weifang city. In contrast, handwashing after using the toilet (*OR* = 0.32, 95%*CI*: 0.15–0.70) and using an indoor toilet (*OR* = 0.18, 95%*CI*: 0.05–0.73) were negatively correlated with the intestinal colonization rate. **Conclusions** The intestinal colonization rate of CRE is high among rural residents in Weifang city, Shandong province, with *E. coli* being the predominant species. Drinking unboiled well water or tap water, using animal manure as fertilizer, handwashing habits after using the toilet,

开放获取：CC BY-NC-ND 4.0 DOI：10.11847/zgggws1147607
基金项目：山东省自然科学基金(ZR2024MH289)
第一作者：吴绍帅(2001—)，硕士在读，研究方向：传染病预防与控制。
收稿日期：2025-04-03　修回日期：2025-06-12　录用日期：2025-08-28
利益冲突：不存在　伦理审查：已获取　出版授权：全体作者已与编辑部签署作者贡献声明及版权转让协议

and using an indoor toilet are significantly associated with CRE colonization in the local rural population.
【**Keywords**】 carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* (CRE); intestinal colonization status; rural residents; Weifang city

耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌（carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae*, CRE）因其多重耐药特性和高致死率，已成为全球公共卫生领域的重大威胁[1−3]。世界卫生组织（World Health Organization, WHO）将其列为“紧急优先病原体”，并警示其蔓延可能使现代医学倒退至“前抗生素时代”[4]。研究表明，CRE 主要引发医院获得性感染（如血流感染、肺炎及手术部位感染），死亡率高达 37.2%[1]。然而，近年来其传播途径已突破传统医院感染的边界，在健康人群和社区环境中形成复杂传播链[5]。越南的一项关于农村社区的研究显示，健康居民中 CRE 肠道定植率为 0.6%，而近期使用抗生素的个体定植风险骤升至 4.2%，其全基因组单核苷酸多态性（single nucleotide polymorphism, SNP）聚类分析进一步揭示医疗机构与社区间存在耐药菌传播链[6]。在农村地区，对耐药菌的关注度相对较低。有研究表明，山东省潍坊市农村社区居民中已检出多重耐药的碳青霉烯类阴沟肠杆菌（carbapenem-resistant enterobacter cloacae, CR-ECL），且该菌株的耐药基因具有较高的传播潜力[7]。本课题组前期研究亦表明，山东省潍坊市农村居民 CRE 携带率快速上升，从 2015 年的 2.4% 上升至 2017 年的 13.4%[8]，但影响该地区农村居民 CRE 定植的相关因素尚不明确。为了解潍坊市农村居民 CRE 肠道定植情况及其相关因素，为基层耐药菌的防控提供线索，本研究于 2023 年 11 月采用多阶段分层随机抽样方法在潍坊市抽取 12 个村的 833 名农村居民进行问卷调查和粪便样本 CRE 检测，分析其 CRE 肠道定植情况及其相关因素。结果报告如下。

1 对象与方法

1.1 对象　采用多阶段分层随机抽样。首先，在山东省潍坊市某县级市根据东、南、西、北 4 个地理位置各随机抽取村庄规模>100 户数的 3 个村，共 12 个村作为样本村；其次，在抽中的 12 个村采用随机数字表法分别抽取 60～75 户作为样本户；最后，从抽中的样本户中分别随机抽取 1 名在该地区居住≥6 个月、具有正常理解与交流能力、2 周内无抗生素使用史且未患肠道相关疾病、≥18 岁非抗生素相关行业从业的居民作为调查对象，进行问卷调查和粪便样本 CRE 检测。本研究经山东省疾病预防控制中心预防医学伦理委员会审查批准 [批号：SDJK（K）2024–039–01]。所有调查对象均签署了知情同意书。本次应调查 833 人，实际有效调查 767 人，有效应答率为 92.08%。

1.2 方法　（1）问卷调查：采用自行设计的调查问卷，由经过统一培训的调查员进行面访调查，内容包括：性别、年龄、文化程度、是否为养殖户、平时是否常接触动物、是否饮用未煮沸的井水/自来水、如厕后是否洗手、是否知晓抗生素、是否知晓耐药菌、使用粪便施肥情况和使用厕所类型等。（2）粪便样本采集：由经过统一培训的调查员在调查前 1 天将 eSwab 粪便采样管（意大利 COPAN 公司）送至调查对象家中对调查对象进行样本采集操作的培训，第 2 天回收粪便样本后，参照危地马拉抗菌药物耐药性研究项目（Antimicrobial Resistance in Communities and Hospitals, ARCH）的标准化方案[9]，将采样管低温保存并转运至山东省疾病预防控制中心生物安全Ⅱ级实验室，−80 ℃冰箱保存待检。（3）CRE 检测：首先使用无菌取菌环将新鲜粪便样本分区划线于 CRE 显色培养基，37 ℃过夜培养进行初筛；随后用无菌取菌环挑选不同形态、颜色的单菌落于脑心浸出液琼脂培养基，分离纯化后采用 MALDI Biotyper sirius 基质辅助激光解吸/电离飞行时间质谱仪（德国 BRUKER 公司）进行菌种鉴定；纯化鉴定后的菌株保存于 30% 甘油肉汤，−80 ℃冻存备用[10]；最后进行改良碳青霉烯灭活试验（modified carbapenem inactivation method, mCIM）[11] 确认表型。将待测菌株制成 0.5 麦氏浊度菌悬液，取 10 μL 加入 2 mL 胰蛋白胨肉汤中，混匀后浸入 1 片美罗培南药敏片，35 ℃孵育 4 h；离心后取药敏片贴于穆勒–辛顿琼脂平板（Mueller-Hinton Agar, MHA），均匀涂布大肠埃希菌 ATCC 25922，35 ℃孵育 18 h。若抑菌圈直径≤15 mm 为阳性，提示产碳青霉烯酶[12]。

1.3 统计分析　采用 Excel 2024 建立数据库双录入数据，应用 SPSS 26.0 统计软件进行一般描述性分析、χ^2 检验和多因素非条件 logistic 回归分析。检验水准为双侧检验 α=0.05。

2 结　果

2.1 一般情况　山东省潍坊市最终纳入分析的 767 名农村居民中，男性 514 人（67.0%），女性 253 人（33.0%）；年龄<60 岁 214 人（27.9%），60～69 岁 289 人（37.7%），≥70 岁 264 人（34.4%）；文化程度文盲/半文盲 287 人（37.4%），小学 293 人（38.2%），初中及以上 187 人（24.4%）；非养殖户 562 人（73.3%），养殖户 205 人（26.7%）；平时不常接触动物 554 人（72.2%），常接触动物 213 人（27.8%）；不饮用未

煮沸的井水/自来水 620 人(80.8%),饮用未煮沸的井水/自来水 147 人(19.2%);如厕后不洗手 99 人(12.9%),洗手 668 人(87.1%);不知晓抗生素 660 人(86.0%),知晓抗生素 107 人(14.0%);不知晓耐药菌 708 人(92.3%),知晓耐药菌 59 人(7.7%);不使用粪便施肥 543 人(70.8%),使用人粪便施肥 67 人(8.7%),使用动物粪便施肥 94 人(12.3%),使用人和动物粪便混合施肥 63 人(8.2%);使用户外公用厕所 67 人(8.7%),院内独立厕所 607 人(79.1%),室内厕所 93 人(12.1%)。

2.2 山东省潍坊市农村居民 CRE 肠道定植情况(表 1) 山东省潍坊市最终纳入分析的 767 名农村居民中,粪便样本检测出 CRE 者 59 人,CRE 肠道定植率为 7.69%;检出的 59 份 CRE 菌株样本中,大肠埃希菌 38 份(64.41%),人型埃希氏菌 5 份(8.47%),霍氏肠杆菌 5 份(8.47%),肺炎克雷伯氏菌 4 份(6.78%),奇异变形杆菌 4 份(6.78%),弗氏柠檬酸杆菌 2 份(3.39%),变栖克雷伯菌 1 份(1.69%)。潍坊市不同特征农村居民比较,不同粪便施肥情况、使用厕所类型以及是否饮用未煮沸的井水/自来水的农村居民 CRE 肠道定植率不同,差异均有统计学意义(均 $P<0.05$)。

表 1 山东省潍坊市不同特征农村居民 CRE 肠道定植情况比较

Table 1 Comparison of intestinal colonization of CRE among rural residents with different characteristics in Weifang city, Shandong province

特征	项目	调查人数	CRE定植例数	CRE定植率/%	χ^2值	*P*值
性别	男性	514	45	8.75	2.48	0.12
	女性	253	14	5.53		
年龄/岁	<60	214	16	7.48	2.11	0.35
	60～69	289	27	9.34		
	≥70	264	16	6.06		
文化程度	文盲/半文盲	287	18	6.27	1.42	0.49
	小学	293	26	8.87		
	初中及以上	187	15	8.02		
养殖户	否	562	37	6.58	3.64	0.06
	是	205	22	10.73		
平时常接触动物	否	554	39	7.04	1.20	0.27
	是	213	20	9.39		
饮用未煮沸的井水/自来水	否	147	4	2.72	6.33	<0.01
	是	620	55	8.87		
如厕后洗手	否	99	12	12.12	3.14	0.08
	是	668	47	7.04		
知晓抗生素	否	660	52	7.88	0.23	0.63
	是	107	7	6.54		
知晓耐药菌	否	708	49	6.92	4.52	0.10
	是	59	10	16.95		
粪便施肥情况	不使用粪便施肥	543	36	6.63	12.30	<0.01
	使用人粪便施肥	67	2	2.99		
	使用动物粪便施肥	94	15	15.96		
	使用人和动物粪便混合施肥	63	6	9.52		
使用厕所类型	户外公用厕所	67	10	14.93	6.50	0.04
	院内独立厕所	607	45	7.41		
	室内厕所	93	4	4.30		

2.3 山东省潍坊市农村居民 CRE 肠道定植情况多因素非条件 logistic 回归分析 以山东省潍坊市农村居民是否 CRE 肠道定植为因变量(0=否,1 =是),以性别、年龄、文化程度、是否为养殖户、平时是否常接触动物、是否饮用未煮沸的井水/自来水、如厕后是否洗手、是否知晓抗生素、是否知晓耐药菌、使用粪便施肥情况和使用厕所类型共 11 个因素为自变量进行多因素非条件 logistic 回归分析。结果显示,饮用未煮沸的井水/自来水(*OR*=3.36,95%*CI*=1.16～9.71)和使用动物粪便施肥(*OR*=2.10,95%*CI*=1.05～4.24)潍坊市农村居民 CRE 定植率较高($P<0.05$);如厕后洗手(*OR*=0.32,

95%*CI*=0.15～0.70）和使用室内厕所（*OR*=0.18，95%*CI*=0.05～0.73）潍坊市农村居民 CRE 定植率较低（$P<0.05$）。

3 讨　论

本次调查结果显示，山东省潍坊市农村居民的 CRE 肠道定植率为 7.69%，明显高于 2017 年潍坊农村居民 CRE 肠道定植率的 0.96%[7]、越南农村社区健康居民的 0.6%[6] 以及非洲系统性综述报道中的 2.6%[1]。然而，与国内其他人群相比，该定植率与中国血液病患者的 CRE 肠道定植率 8.1%[4] 较为接近，但显著低于刘银梅等[13]meta 分析中重症监护病房、造血干细胞移植和肿瘤等高危患者 23.0%～28.0% 的 CRE 肠道定植率。提示潍坊市农村居民的 CRE 肠道定植率虽处于较高水平，但尚未达到国内临床高危人群的定植率水平。

本研究中，潍坊市农村居民的抗生素知晓率仅 14.0%，远低于杜思娴等[14] 在中国 21 个省份开展的研究中 62.3% 的抗生素知晓率，提示农村地区需加强抗生素相关知识的普及和开展相关健康教育工作。本研究发现，是否为养殖户与 CRE 定植的关联差异无统计学意义（*P*=0.06）。此前已有研究表明，山东省农村养殖地区的超广谱 β–内酰胺酶肠杆菌科细菌耐药情况严重，其携带率高达 82.5%[15]。提示需持续关注农村地区养殖户耐药菌定植情况。此外，CRE 已在全球范围内广泛流行，我国也属于 CRE 高流行国家之一[16]。而我国农村社区的老龄化程度远超全国[17]。虽然本研究未观察到年龄与 CRE 定植率的显著关联（*P*=0.35），但考虑到纳入人群以老年人为主，且高龄是 CRE 定植的潜在风险因素[18]。因此，持续关注该人群肠道耐药菌定植情况仍有重要意义。

本研究多因素非条件 logistic 回归分析结果显示，饮用未煮沸的井水/自来水（*OR*=3.36，95%*CI*=1.16～9.71）和使用动物粪便施肥（*OR*=2.10，95%*CI*=1.05～4.24）潍坊市农村居民的 CRE 肠道定植率较高；而如厕后洗手（*OR*=0.32，95%*CI*=0.15～0.70）和使用室内厕所（*OR*=0.18，95%*CI*=0.05～0.73）潍坊市农村居民的 CRE 肠道定植率则较低，这与马拉维[19]、伊朗[20] 和加纳[21] 等国家的研究具有高度一致性，共同支持了卫生设施不足和卫生习惯欠缺是社区耐药菌传播的重要关联因素。这些发现不仅为医疗机构耐药菌感染防控研究[22–23] 提供了社区层面的科学依据，也间接佐证了世界卫生组织提倡的水、卫生和清洁策略（Water, Sanitation and Hygiene, WASH）在社区与医疗环境中的普适价值[24–25]，凸显了全球范围内通过改善 WASH 条件来防控耐药菌传播策略的重要性。

同时，耐药基因可以借助基因水平转移等方式在人、动物和环境中循环传播，增加人类摄入耐药基因的风险[26]。提示农村地区 CRE 定植可能涉及个人卫生行为、动物宿主暴露与环境因素等多个相互关联的层面。首先，在农村生产环境中，未经处理的动物粪便作为肥料使用可能通过环境介质（如土壤和水体）形成潜在的传播链。研究表明，动物粪便中的抗生素抗性细菌所携带的抗性基因（antibiotic resistant genes, ARGs）是土壤中 ARGs 的重要来源，未处理的粪肥肥料的施用会导致抗性细菌和潜在的人类病原菌进入土壤[27]，进而增加环境中耐药菌的定植风险。其次，在宿主层面，家畜家禽作为耐药菌的潜在储存库，其粪便中含有大量耐药抗性基因，这些基因不仅污染了养殖环境，还通过粪肥施用进入农田土壤，进一步扩大了耐药菌的传播范围，对整体环境和人类健康构成潜在威胁[28]。这一现象与山东省农村地区人类与家禽及家畜之间 CRE 传播的研究结论一致[29]；而 Kedišaletše M 等[1] 的系统综述则提供了更广泛的跨地域证据支持，证实了人兽共患病传播风险管控的紧迫性，提示需关注人群—环境—动物传播链[8,26,29]。最后，在个体卫生行为层面，提高手卫生依从性可显著降低多重耐药菌的感染和定植率[13]，支持了本研究中如厕后规范洗手农村居民 CRE 定植率较低的结论，表明如厕后未规范洗手或接触污染环境后清洁不彻底可能与耐药菌人际传播途径相关。

此外，本研究的一个重要发现体现在病原体的谱系特征方面，分离的 59 株 CRE 中大肠埃希菌占 64.41%，明显高于医院环境中常以肺炎克雷伯菌为主的报道[21,30–32]，这一差异可能反映大肠埃希菌在农村社区生态中的适应性优势，提示社区 CRE 定植可能存在区别于医院获得性感染的宿主–环境传播机制。

综上所述，本研究通过多因素分析明确识别了饮用未处理水、使用动物粪便施肥、如厕后不洗手和使用非室内厕所为潍坊市农村居民 CRE 肠道定植的显著相关因素。这些发现为该地区 CRE 在社区层面的传播机制提供了具体的、基于证据的线索，为防控策略的制定提供了直接的本地化依据。未来建议基于 One Health 框架，从卫生设施改善、抗生素使用管理和粪污资源化安全利用 3 个关键环节入手，构建综合防控体系。重点强化卫生基础设施，推行集中式净水系统与家庭水处理技术[33]，并开展社区示范性洗手干预；替代露天排便与简陋厕所，建设双坑式旱厕等无害化设施[34]，推进粪便无害化处理，并配套建立粪便清运与处理规范，形成“厕所改造—粪便处理—有机肥返田”的链条式管理体系[35]。

但本研究仍存在一定的局限性，如本研究采用的横断面设计难以确定年龄等变量与 CRE 定植的因果关系、未量化抗生素使用对耐药基因选择压力的影响以及研究人群以老年人居多等。此外，本研究多因素分析中“是否为养殖户”与 CRE 定植的关联性未达到统计学显著性水平，可能与样本中养殖户比例较低或未区分不同动物种类粪便的微生物负荷差异有关。因此，建议在今后的研究中开展纵向研究，整合 One Health 框架监测人群—环境—动物传播链，并结合宏基因组学在微观层面上进一步解析 CRE 传播路径。

数据可用性声明：本研究的数据来源于对人类受试者的研究，涉及个人敏感信息。在进行研究之前，研究团队已按照国际伦理准则和国家相关法律法规的要求，向山东省疾病预防控制中心预防医学伦理委员会提交了详细的研究方案并获批准。由于数据的敏感性以及保护参与者隐私的需要，无法公开提供原始数据。

参考文献

[1] Kedišaletše M, Phumuzile D, Angela D, et al. Epidemiology, risk factors, and clinical outcomes of carbapenem-resistant *Enterobacterales* in Africa: a systematic review[J]. Journal of Global Antimicrobial Resistance, 2023, 35: 297-306.

[2] 肖晓, 杭修兵, 王梦, 等. 耐碳青霉烯类肠杆菌目细菌耐药性、临床感染特征及 MCR 基因分析 [J]. 中国感染控制杂志, 2023, 22(1): 31-37.

[3] 中国碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌感染诊治与防控专家共识编写组, 中国医药教育协会感染疾病专业委员会, 中华医学会细菌感染与耐药防控专业委员会. 中国碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌感染诊治与防控专家共识 [J]. 中华医学杂志, 2021, 101(36): 2850-2860.

[4] Hu H D, Wang Y P, Sun J, et al. Risk factors and molecular epidemiology of intestinal colonization by carbapenem-resistant gram-negative bacteria in patients with hematological diseases: a multicenter case–control study[J]. Microbiology Spectrum, 2024, 12(7): e0429923.

[5] Roberts L W, Hoi L T, Khokhar F A, et al. Genomic characterisation of multidrug-resistant *Escherichia coli*, Klebsiella pneumoniae, and *Acinetobacter baumannii* in two intensive care units in Hanoi, Viet Nam: a prospective observational cohort study[J]. The Lancet Microbe, 2022, 3(11): e857-e866.

[6] Yen N T P, Nhung N T, Phu D H, et al. Prevalence of carbapenem resistance and its potential association with antimicrobial use in humans and animals in rural communities in Vietnam[J]. JAC-Antimicrobial Resistance, 2022, 4(2): dlac038.

[7] 王安阁, 王爽, 刘璐, 等. 山东省潍坊市农村居民耐碳青霉烯类阴沟肠杆菌耐药基因特征及核心基因组特征分析 [J]. 中华预防医学杂志, 2024, 58(1): 48-55.

[8] Chen B L, Berglund B, Wang S, et al. Rapid increase in occurrence of carbapenem-resistant Enterobacteriaceae in healthy rural residents in Shandong Province, China, from 2015 to 2017[J]. Journal of Global Antimicrobial Resistance, 2022, 28: 38-42.

[9] Caudell M A, Ayodo C, Ita T, et al. Risk factors for colonization with multidrug-resistant bacteria in urban and Rural Communities in Kenya: an Antimicrobial Resistance in Communities and Hospitals (ARCH) study[J]. Clinical Infectious Diseases, 2023, 77(S1): S104-S110.

[10] GBD 2021 Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance 1990–2021: a systematic analysis with forecasts to 2050[J]. The Lancet, 2024, 404(10459): 1199-1226.

[11] 胡祎明, 李静. mCIM 和 eCIM 联合检测产碳青霉烯酶肠杆菌科细菌的应用 [J]. 中华预防医学杂志, 2021, 55(4): 506-511.

[12] Clinical and Laboratory Standards Institute. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing: CLSI M100[S]. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute, 2021.

[13] 刘银梅, 王欣, 杨惠英, 等. 成人肠道 CRE 定植病例医院感染发病率的 Meta 分析 [J]. 中国感染控制杂志, 2024, 23(5): 592-599.

[14] 杜思娴, 刘亚清, 殷晓旭, 等. 我国居民抗生素知识掌握情况及影响因素分析 [J]. 中国公共卫生, 2024, 40(11): 1318-1325.

[15] 王苗苗, 陈保立, 孙成云, 等. 山东某生猪养殖县农村居民产 ESBLs 肠杆菌科细菌流行现状及耐药情况分析 [J]. 中国公共卫生, 2017, 33(3): 486-489.

[16] 王丽红, 董泽华, 何宏, 等. 重症监护病房患者碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌肠道定植和感染的情况调查及影响因素分析 [J]. 临床医学进展, 2024, 14(5): 315-326.

[17] 魏后凯, 苑鹏, 王术坤. 中国乡村振兴综合调查研究报告 2021[M]. 北京: 中国社会科学出版社, 2022.

[18] 蔡慧君, 汤正好. 耐碳青霉烯类肠杆菌的流行病学特点与治疗现状 [J]. 微生物与感染, 2022, 17(2): 110-117.

[19] Cocker D, Chidziwisano K, Mphasa M, et al. Investigating One Health risks for human colonisation with extended spectrum β-lactamase-producing *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* in Malawian households: a longitudinal cohort study[J]. The Lancet Microbe, 2023, 4(7): e534-e543.

[20] Habibzadeh N, Peeri Doghaheh H, Manouchehri Far M, et al. Fecal carriage of extended-spectrum β-lactamases and pAmpC producing *Enterobacterales* in an Iranian community: prevalence, risk factors, molecular epidemiology, and antibiotic resistance[J]. Microbial Drug Resistance, 2022, 28(9): 921-934.

[21] Calland J K, Haukka K, Kpordze S W, et al. Population structure and antimicrobial resistance among *Klebsiella* isolates sampled from human, animal, and environmental sources in Ghana: a cross-sectional genomic One Health study[J]. The Lancet Microbe, 2023, 4(11): e943-e952.

[22] Liang Y J, Zhao C F, Lu Y H, et al. Microbiological characteristics, risk factors, and short-term mortality of carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* bloodstream infections in pediatric patients in China: a 10-year longitudinal study[J]. Infection and Drug Resistance, 2024, 17: 4815-4823.

[23] Zhang Y, Zou C, Qin J, et al. Predictors of mortality, drug resistance, and determinants among carbapenem-resistant *Enterobacteriales* infections in Chinese elderly patients[J]. Canadian Journal of Infectious Diseases and Medical Microbiology, 2024, 2024: 5459549.

[24] van Wijk M, Tran H H, Vu B N T, et al. Prevalence and determinants of faecal carriage of carbapenem- and third-generation cephalosporin-resistant Enterobacterales: a cross-sectional household survey in northern Vietnam[J]. The Lancet Regional Health-Western Pacific, 2025, 54: 101281.

[25] Sharma A, Luvsansharav U O, Paul P, et al. Multi-country cross-sectional study of colonization with multidrug-resistant organisms: protocol and methods for the Antibiotic Resistance in Communities and Hospitals (ARCH) studies[J]. BMC Public Health, 2021, 21(1): 1412.

[26] 迟小惠, 冯友军, 郑焙文. 耐药菌在人—动物—环境中的传播和遗传机制 [J]. 微生物学通报, 2019, 46(2): 311-318.

[27] 苑学霞, 梁京芸, 范丽霞, 等. 粪肥施用土壤抗生素抗性基因来源、转移及影响因素 [J]. 土壤学报, 2020, 57(1): 36-47.

[28] 王文洁, 于丽明, 邵梦莹, 等. 畜禽养殖环境中抗生素抗性基因污染的研究进展 [J]. 应用生态学报, 2023, 34(5): 1415-1429.

[29] Li J Y, Bi Z W, Ma S Z, et al. Inter-host transmission of carbapenemase-producing *Escherichia coli* among humans and backyard animals[J]. Environmental Health Perspectives, 2019, 127(10): 107009.

[30] Kyung S M, Lee J, Lee E S, et al. Genomic molecular epidemiology of carbapenemase-producing *Escherichia coli* ST410 isolates by complete genome analysis[J]. Veterinary Research, 2023, 54(1): 72.

[31] De Pascale G, Cortegiani A, Rinaldi M, et al. Incidence of hospital-acquired infections due to carbapenem-resistant *Enterobacterales* and *Pseudomonas* aeruginosa in critically ill patients in Italy: a multicentre prospective cohort study[J]. Critical Care, 2025, 29(1): 32.

[32] Palacios-Baena Z R, Giannella M, Manissero D, et al. Risk factors for carbapenem-resistant Gram-negative bacterial infections: a systematic review[J]. Clinical Microbiology and Infection, 2021, 27(2): 228-235.

[33] Prüss-Ustün A, Wolf J, Bartram J, et al. Burden of disease from inadequate water, sanitation and hygiene for selected adverse health outcomes: an updated analysis with a focus on low- and middle-income countries[J]. International Journal of Hygiene and Environmental Health, 2019, 222(5): 765-777.

[34] Tacconelli E, Carrara E, Savoldi A, et al. Discovery, research, and development of new antibiotics: the WHO priority list of antibiotic-resistant bacteria and tuberculosis[J]. The Lancet Infectious Diseases, 2018, 18(3): 318-327.

[35] Llor C, Bjerrum L. Antimicrobial resistance: risk associated with antibiotic overuse and initiatives to reduce the problem[J]. Therapeutic Advances in Drug Safety, 2014, 5(6): 229-241.