

doi: 10.3978/j.issn.2095-6959.2019.04.024

View this article at: http://dx.doi.org/10.3978/j.issn.2095-6959.2019.04.024

全基因组测序技术在严重脓毒症中的临床价值及集束化护理干预

黎琼^{1,2,3}, 蒋小剑¹

(1. 湖南中医药大学护理学院, 长沙 410208; 2. 永州职业技术学院护理学系, 湖南 永州 425100;
3. 湖南中医药大学附属第二医院ICU, 长沙 410005)

[摘要] 目的: 探讨全基因组测序技术在严重脓毒症中的应用价值, 评价集束化护理干预效果。方法: 选择2017年1月至2018年9月湖南中医药大学附属第二医院ICU收治的100例严重脓毒症患者为研究对象, 随机分为干预组与对照组, 每组各50例。监测并比较两组白细胞(white blood cell, WBC)计数、降钙素原(procalcitonin, PCT)、C-反应蛋白(C-reactive protein, CRP)等炎症反应指标及动脉血乳酸(lactic acid, LAC)等组织灌注指标。观察并比较两组序贯器官衰竭(sequential organ failure assessment, SOFA)评分、急性生理学与慢性健康状况评分系统II(acute physiology and chronic health evaluation II, APACHEII)评分及ICU住院时间。结果: 入住ICU第1天, 两组WBC, PCT, CRP及LAC等指标比较, 差异无统计学意义($P>0.05$)。入住ICU第3, 7天, 干预组WBC, PCT, CRP及LAC等指标均优于对照组, 差异有统计学意义(均 $P<0.05$)。入住ICU第1天, 两组APACHEII评分、SOFA评分比较, 差异无统计学意义($P>0.05$)。入住ICU第3天, 干预组APACHEII评分、SOFA评分均优于对照组, 差异有统计学意义(均 $P<0.05$)。干预组ICU住院时间(9.2 ± 1.6) d, 明显短于对照组(14.3 ± 1.8) d, 差异有统计学意义($P<0.05$)。结论: 全基因组测序技术能够准确识别严重脓毒症, 集束化护理干预能促进患者早日康复。

[关键词] 全基因组测序技术; 严重脓毒症; 集束化护理

Clinical value of whole genome sequencing in severe sepsis and cluster nursing intervention

LI Qiong^{1,2,3}, JIANG Xiaojian¹

(1. College of Nursing, Hunan University of Chinese Medicine, Changsha 410208; 2. Department of Nursing, Yongzhou Vocational and Technical College, Yongzhou Hunan 425100; 3. ICU, Second Affiliated Hospital, Hunan University of Chinese Medicine, Changsha 410005, China)

Abstract **Objective:** To explore the application value of whole genome sequencing technology in severe sepsis, and to evaluate the effect of cluster nursing intervention. **Methods:** One hundred patients with severe sepsis admitted in Second Affiliated Hospital, Hunan University of Traditional Chinese Medicine from January 2017 to September 2018 were randomly divided into an intervention group ($n=50$) and a control group ($n=50$). White blood cell count (WBC), procalcitonin (PCT), C-reactive protein (CRP) and blood lactic acid (LAC) were compared

收稿日期 (Date of reception): 2018-12-04

通信作者 (Corresponding author): 蒋小剑, Email: yzjxj726@163.com

between the two groups. The sequential organ failure assessment (SOFA) scores and acute physiology and chronic health evaluation II (APACHE II) scores of the two groups were compared. The hospitalization time of ICU was compared between the two groups. **Results:** On the first day of ICU, there was no significant difference in WBC, PCT, CRP and LAC between the two groups ($P>0.05$). The WBC, PCT, CRP and LAC of the intervention group were better than those of the control group on the 3rd and 7th day after admission to ICU (all $P<0.05$). On the first day of ICU, there was no significant difference in the APACHE II score and SOFA score between the two groups ($P>0.05$). On the 3rd day of ICU, APACHE II score and SOFA score of the intervention group were better than those of the control group ($P<0.05$), the difference was statistically significant. The hospitalization time of ICU in intervention group (9.2 ± 1.6) d was significantly shorter than that in control group (14.3 ± 1.8) d, the difference was statistically significant ($P<0.05$). **Conclusion:** The whole genome sequencing technology can accurately diagnose severe sepsis. The cluster nursing intervention can effectively improve the efficacy of sepsis, promote disease rehabilitation.

Keywords whole genome sequencing technology; severe sepsis; cluster nursing

严重脓毒症是指脓毒症伴由其导致的器官功能障碍和/或组织灌注不足,其病情进展极为迅猛,具有高发病率、高病死率和高医疗费用的特点,是重症医学亟需解决的难题^[1-3]。据调查^[4],全球每年超过1 800万的脓毒症患者,发病率为35.4%~77.6%,病死率高达39.2%~63.6%,严重威胁生命健康。早期诊断、早期治疗严重脓毒症,可遏制病情进一步恶化,挽救生命^[5-6]。早期识别、精准诊断是提高严重脓毒症救治成功率的关键所在,乳酸及降钙素原测定等常见的诊断方法缺乏特异,不利于严重脓毒症的精准救治^[7-10]。随着对蛋白质组学、基因组学、转录组学和代谢组学等脓毒症发病机制的深入研究,全基因组测序技术的研究不断发展成熟,但在临床中应用的报道较少。湖南中医药大学附属第二医院通过全基因组测序技术,早期精准地识别严重脓毒症,早期治疗,并给予集束化护理干预,取得了满意的效果。

1 对象与方法

1.1 对象

选择2017年1月至2018年9月湖南中医药大学附属第二医院ICU收治的100例脓毒症患者作为研究对象。本研究通过医院医学伦理委员会批准。入选标准:1)年龄 ≥ 18 岁;2)符合

《2012国际严重脓毒症及脓毒性休克诊疗指南》中严重脓毒症的诊断标准;3)患者愿意参加本研究,并签署知情同意书者。排除标准:1)年龄 < 18 岁;2)孕妇、恶性肿瘤等终末期疾病者;3)慢性肾病、急性冠状动脉综合征、慢性心力衰竭等基础心脏疾病。其中男53例,女47例;年龄18~75(53.4 ± 14.5)岁;败血症50例,肺炎31例,颅内感染19例;急性生理学与慢性健康状况评分系统II(acute physiology and chronic health evaluation II, APACHEII)评分为16~25(21.6 ± 2.4);序贯器官衰竭(sequential organ failure assessment, SOFA)评分为5~10(7.2 ± 1.7)。采用随机数字表将入选的患者随机分为干预组和对照组,每组各50例。两组性别、年龄、感染疾病种类、APACHEII评分及SOFA评分等一般资料比较,差异无统计学意义($P>0.05$),具有可比性(表1)。

1.2 方法

两组均给予严密的监护和特级护理,根据《中国严重脓毒症/脓毒性休克治疗指南(2014年)》^[3]制定综合治疗方案,如控制原发病、初期积极液体复苏、控制感染、维持血流动力学稳定、机械通气以及其他器官功能支持等治疗护理措施^[11]。干预组在此基础上,采用全基因组测序技术进行早期诊断,制定并实施集束化护理干预措施,具体如下。

表1 两组一般资料比较($\bar{x} \pm s$)Table 1 Comparison of general data between the two groups ($\bar{x} \pm s$)

组别	性别/例		年龄/岁	疾病种类分布/例			APACHEII/分	SOFA/分
	男	女		败血症	肺炎	颅内感染		
干预组	27	23	53.8 ± 14.9	26	15	9	21.2 ± 2.4	8.3 ± 2.2
对照组	26	24	52.9 ± 14.1	24	16	10	22.0 ± 2.2	8.7 ± 2.1
t/χ^2	0.040		0.310	0.165			1.802	1.029
P	0.841		0.757	0.921			0.075	0.306

1.2.1 应用全基因组测序技术检测病原菌

1.2.1.1 样本的采集

1) 血样本采集, 按照外周血标准采集操作进行, 抽取外周血不少于5 mL, 充分颠倒混匀, 避免凝固, 混匀时动作不能太剧烈, 防止溶血。4 ℃放置, 4 h内分离血浆, 切勿冷冻(防止溶血)。血浆分离: 4 ℃, 1 600 r/min离心10 min, 离心后将所有上清(血浆)分装到多个采集管中。在吸取血浆的过程中, 注意不要吸到中间层的白细胞。分装于无菌、干燥、洁净塑料冻存管, 并标记样品编号、血浆体积、日期, 做好样品信息记录。剩余血细胞层同样做好标记, 同血浆一起放置送检。2) 脑脊液样本采集, 取脑脊液3~5 mL装于无菌、干燥、洁净塑料冻存管内送检。3) 痰液样本采集, 首先制备液化液, 将0.1 g DTT、0.78 g氯化钠、0.02 g氯化钾、0.112 g磷酸二氢钠、0.02 g磷酸二氢钾, 加水至2 L, 制成浓度为0.005% DTT。收集晨痰, 经DDT液化处理, 将处理后的痰液标本3~5 mL装于无菌、干燥、洁净塑料冻存管, 做好标记。4) 肺泡灌洗液样本采集, 取肺泡灌洗液3~5 mL装于无菌、干燥、洁净塑料冻存管, 送检。5) 样本的保存条件: -20 ℃放置不超过1周; -80 ℃长期保存。

1.2.1.2 检测方法

采用基于BGISEQ-100测序平台的高通量测序技术, 对样本中微生物核酸序列进行分析, 通过与数据库中已有微生物的核酸序列进行比对, 从而对微生物进行鉴定。检测过程包括: 核酸提取、文库构建、测序、信息分析、报告解读等。本检测技术对于标准样本中的微生物的最低检测限是100 copies/mL, 对于拷贝数大于最低检测限的微生物检测特异性大于99%, 重复性大于99%检测内容。

基于痰液或肺泡灌洗液等游离DNA进行检测,

鉴定样本中存在的可疑致病微生物, 可检测范围包括基因组序列已知的1 490种细菌(包括支原体、衣原体、立克次氏体及螺旋体)、1 120种DNA病毒。

1.2.2 集束化护理干预措施

1.2.2.1 早期目标导向液体复苏

早期识别严重脓毒症, 患者组织灌注不足时, 立即启动早期目标导向治疗, 护士为患者迅速建立多条静脉通路, 输注30 mL/kg的晶体液进行液体复苏, 留置右股动脉脉搏指数连续心输出量(pulse-indicated continuous cardiac output, PICCO)导管, 严密监测PICCO, 以指导输液及复苏。争取在6 h内达到治疗目标, 如中心静脉压升高至8~12 mmHg(1 mmHg=0.133 kPa)、上腔静脉血氧饱和度 $\geq 70\%$ 、尿量 > 0.5 mL/(kg·h)、平均动脉压 ≥ 65 mmHg等^[1,3,12]。反复评估患者, 平均动脉压未达到65 mmHg时, 给予去甲肾上腺素、多巴胺、多巴酚丁胺等缩血管药物, 以达到复苏的最终目标。

1.2.2.2 早期、足量、足疗程、联合使用抗菌药物

一旦确诊, 争取在1 h内尽早开始抗菌治疗, 注意足量、足疗程、联合多种抗菌药物静脉输注。根据全基因组测序结果及药敏试验结果, 制定合理的抗菌药物治疗方案, 疗程为7~10 d, 以有效控制感染, 避免病情进一步恶化。护士按时为患者准确输注抗菌药物, 观察药物的作用及不良反应。

1.2.2.3 加强机械通气的护理

严密观察病情变化, 妥善固定气管插管, 保证呼吸机功能正常, 采用小潮气量(< 6 mL/kg)及低平台压(< 30 cmH₂O)的保护性通气策略。在机械通气期间, 抬高床头30°, 加强口腔护理, 使用加温湿化器进行气道湿化, 按需吸痰, 注意无菌操作, 及时倾倒呼吸回路冷凝水, 每天早上6时停止使用镇静药, 执行患者唤醒计划, 每天

上午执行脱机实验, 以早期撤机等集束化护理干预措施^[11]。

1.2.2.4 严密监测病情变化

应用心电监护仪24 h严密监护患者的生命体征; 留置尿管, 监测尿量; 置入锁骨下深静脉导管, 监测中心静脉压(central venous pressure, CVP); 留置动脉导管, 常规监测动脉血气; 根据监测结果调整治疗方案。

1.2.2.5 营养支持治疗

早期给予肠内营养, 肠内营养液现用现配, 温度保持37 ℃。患者取半坐卧位, 经鼻胃管泵入肠内营养液, 遵循浓度由低至高, 注入速度由慢到快的原则, 密切观察, 预防反流等不良反应的发生, 肠内营养供给能量不足者给予肠外营养补充。每日清洁灌肠3次, 促进肠道蠕动, 排空肠内容物, 减少内毒素的吸收, 避免肠道细菌移位。严密监测腹压, 当腹压值>10 cmH₂O时, 吸出胃内容物, 给予胃肠减压, 给予促消化、促进胃肠蠕动药物, 按揉脐周促进胃肠道蠕动等^[13]。

1.3 观察指标

分别于入住ICU第1天(d1)、第3天(d3)及第7天(d7)留取血液标本, 检测白细胞(white blood cell, WBC)计数、降钙素原(procalcitonin, PCT)、C-反应蛋白(C-reactive protein, CRP)、动脉血乳酸(lactic acid, LAC)等指标。SOFA评分越高, 表示其出现器官功能不全的概率越高, 其病

死率越高^[5]。记录并比较两组d1及d3的APACHEII评分及SOFA评分。比较两组ICU住院时间。

1.4 统计学处理

应用SPSS 19.0统计软件进行数据分析, 计量资料采用均数±标准差($\bar{x} \pm s$)表示, 组间比较采用t检验, 计数资料比较采用卡方检验, $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 两组炎症反应指标及组织灌注指标的比较

入住ICU第1天, 两组WBC, PCT, CRP及LAC等指标比较差异无统计学意义($P > 0.05$)。应用全基因组测序进行病原学诊断, 实施集束化护理干预后, 干预组WBC, PCT, CRP及LAC等指标均优于对照组, 差异有统计学意义(均 $P < 0.05$, 表2)。

2.2 两组 APACHEII 评分、SOFA 评分的比较

应用全基因组测序进行病原学诊断, 实施集束化护理干预后, 干预组APACHEII评分、SOFA评分均优于对照组, 差异有统计学意义(均 $P < 0.05$, 表3)。

2.3 两组 ICU 住院时间的比较

应用全基因组测序进行病原学诊断, 实施集束化护理干预后, 干预组ICU住院时间(9.2±1.6) d明显短于对照组(14.3±1.8) d, 差异有统计学意义($P < 0.05$)。

表2 两组炎症反应指标及组织灌注指标的比较($n=50$, $\bar{x} \pm s$)

Table 2 Comparison of inflammatory response index and tissue perfusion index between the two groups ($n=50$, $\bar{x} \pm s$)

组别	WBC/($\times 10^9 \cdot L^{-1}$)			PCT/(ng·mL ⁻¹)		
	d1	d3	d7	d1	d3	d7
干预组	14.7 ± 2.0	11.1 ± 1.9	9.2 ± 0.8	11.9 ± 2.5	5.9 ± 1.2	2.9 ± 1.0
对照组	14.8 ± 2.5	12.7 ± 2.4	11.5 ± 2.3	11.4 ± 2.2	7.7 ± 1.1	5.7 ± 1.0
<i>t</i>	0.176	3.657	6.783	0.990	7.933	13.538
<i>P</i>	0.861	<0.001	<0.001	0.325	<0.001	<0.001
组别	CRP/(mg·L ⁻¹)			LAC/(mmol·L ⁻¹)		
	d1	d3	d7	d1	d3	d7
干预组	71.6 ± 13.7	36.5 ± 6.4	8.9 ± 2.7	2.2 ± 0.7	1.7 ± 0.6	1.2 ± 0.5
对照组	72.4 ± 10.3	57.5 ± 10.7	37.3 ± 10.4	2.4 ± 0.5	2.2 ± 0.5	1.6 ± 0.6
<i>t</i>	0.296	11.141	17.512	1.369	3.973	4.523
<i>P</i>	0.768	<0.001	<0.001	0.174	<0.001	<0.001

表3 两组APACHEII评分及SOFA评分的比较($n=50, \bar{x} \pm s$)Table 3 Comparison of APACHE II score and SOFA score between the two groups ($n=50, \bar{x} \pm s$)

组别	APACHEII		SOFA	
	d1	d3	d1	d3
干预组	21.2 ± 2.4	15.6 ± 2.8	8.3 ± 2.2	5.0 ± 2.0
对照组	22.0 ± 2.2	18.8 ± 2.3	8.7 ± 2.1	6.6 ± 1.8
<i>t</i>	1.802	6.168	1.029	4.453
<i>P</i>	0.075	<0.001	0.306	<0.001

3 讨论

严重脓毒症是由感染引起的全身性炎症反应, 伴由其导致的器官功能障碍和/或组织灌注不足, 其病情进展极为迅猛, 严重危及生命, 是临床亟需解决的难题^[2,14-16]。早期发现、早期诊断、早期治疗能够挽救患者生命, 改善患者预后。全基因组高通量测序技术不仅能够全面、精确地测出细菌等微生物的全部染色体和质粒序列, 而且能够精准识别细菌的耐药基因与细菌致病性相关的毒力基因, 这不仅为感染性疾病的快速诊断提供了有效方法, 而且对快速有效地控制感染具有重大的意义^[17-21]。集束化护理是被证实非常有效的一系列临床护理措施, 可为患者提供最优化的医疗护理服务, 获得最佳护理结局^[22]。

本研究显示: 应用全基因组测序进行病原学诊断, 实施集束化护理干预后, 干预组患者WBC, PCT, CRP及LAC等指标均优于对照组。由此可见, 全基因组测序技术及集束化护理有利于严重脓毒血症的康复, 减轻感染性炎症反应, 改善组织血流灌注。研究^[23]发现: 抗菌药物是治疗严重脓毒症的重要措施, 是临床成功治愈的关键。早期、足量使用敏感抗菌药物, 保证药物的有效浓度, 能有效控制感染, 降低炎症反应。国内研究^[7,24]证实: 血乳酸的浓度是导致严重脓毒症患者死亡的因素之一, 有效清除乳酸及降钙素原能明显改善患者预后。因此, 严密监测血乳酸, 及时改善血流灌注, 清除血乳酸, 能改善患者预后。本研究根据全基因组测序结果及药敏试验结果, 早期、足量、足疗程、联合使用抗菌药物, 有效地控制了感染, 减轻了炎症反应, 炎症反应指标也随之下降; 随着感染的控制及液体复苏, 组织灌注随之改善, 血中乳酸被及时清除。研究^[6,25-26]证实: 早期目标导向治疗是严重脓毒症集束化护理的核心, 争取在6 h内达到复苏目

标, 可以改善患者的循环功能和氧合功能, 降低血乳酸浓度, 提高患者生存率。本研究应用了PICCO监测新技术, 能更准确地指导临床治疗和护理, 进而促进液体复苏, 改善组织灌注及血流动力学, 稳定病情, 这与其他研究^[12]一致。

本研究发现: 应用全基因组测序进行病原学诊断, 实施集束化护理干预后, 干预组APACHEII评分、SOFA评分均优于对照组; 干预组ICU住院时间明显短于对照组。这表明全基因组测序技术及集束化护理干预能有效阻止序贯性器官功能衰竭, 降低APACHEII和SOFA评分, 促进患者快速康复, 缩短住院时间。有研究^[27]发现: APACHEII评分是老年脓毒症患者转出ICU后1年死亡的独立危险因素。因此, 应积极对严重脓毒症患者实施干预, 降低APACHEII评分, 以改善患者预后, 提高生命质量。研究^[28]表明: 实施早期、规范、系统的集束化护理干预是治疗严重脓毒血症患者的关键环节, 以早期达到治疗目标, 降低APACHEII评分, 改善患者预后。本研究采用集束化护理, 如早期启动目标导向治疗, 稳定患者的病情, 避免病情恶化; 早期合理使用抗菌药物, 控制感染; 加强机械通气护理, 缩短机械通气时间; 严密监测病情为治疗与护理提供可靠的依据; 重视营养支持治疗, 加速胃肠功能恢复等措施促进疾病恢复。据文献^[13,29]报道: 集束化护理干预通过保护胃肠道的功能, 促进胃肠道生理功能恢复, 有效避免了肠道毒素以及细菌的迁移等因素加重病情, 降低APACHEII和SOFA评分, 缩短住院时间, 改善患者预后, 这与本研究类似。

总之, 全基因组测序技术能够快速早期诊断严重脓毒血症, 准确检测病原体, 有利于精准治疗, 控制感染。全基因组测序技术及集束化护理干预能够提高严重脓毒症的疗效, 促进患者康复, 改善患者预后, 值得在临床中推广应用。全基因组测序技术能够快速鉴别多种病原菌, 但其检

测耗时较传统方法长, 花费多, 今后需要进一步优化和发展该技术, 以更快检测病原菌, 降低住院费用, 更好地服务患者。

参考文献

- 郑玉玲, 黄庆萍, 杨凤玲, 等. PICCO技术在严重脓毒症输液管理中的应用与护理[J]. 当代医学, 2011, 17(7): 12-14.
ZHENG Yuling, HUANG Qingping, YANG Fengling, et al. Application and Nursing of PICCO monitoring technology for severe sepsis infusion administration[J]. Contemporary Medicine, 2011, 17(7): 12-14.
- Rhodes A, Evans LE, Alhazzani W, et al. Surviving sepsis campaign: international guidelines for management of sepsis and septic shock: 2016[J]. Intensive Care Med, 2017, 43(3): 304-377.
- 中华医学会重症医学分会. 中国严重脓毒症/脓毒性休克治疗指南(2014)[J]. 全科医学临床与教育, 2015, 13(4): 365-367.
Chinese Society of Critical Care Medicine, Chinese Medical Association. Guidelines for the Treatment of Severe Sepsis/Septic Shock in China (2014)[J]. Clinical Education of General Practice, 2015, 13(4): 365-367.
- Singer M, Deutschman CS, Seymour CW, et al. The third international consensus definitions for sepsis and septic shock (Sepsis-3)[J]. JAMA, 2016, 315(8): 801-810.
- 施昆梅. SOFA评分联合降钙素原在脓毒症早期诊断及预后中的应用[J]. 临床合理用药杂志, 2018, 11(16): 120-121.
SHI Kunmei. Application of SOFA score combined with procalcitonin in early diagnosis and prognosis of sepsis[J]. Chinese Journal of Clinical Rational Drug Use, 2018, 11(16): 120-121.
- 黄道超, 秦杰, 单仁飞, 等. 艾司洛尔联合早期目标导向治疗对重度脓症患者心肌功能的保护作用分析[J]. 中国现代医生, 2018, 56(15): 14-17.
HUANG Daochao, QIN Jie, SHAN Renfei, et al. Analysis on the protective effect of esmolol combined with early goal-directed therapy on myocardial function in the patients with severe sepsis [J]. China Modern Doctor, 2018, 56(15): 14-17.
- 梁炼, 张云. 乳酸清除率联合降钙素原清除率对脓毒症休克患者预后的回顾性研究[J]. 岭南急诊医学杂志, 2016, 21(3): 210-212.
LIANG Lian, ZHANG Yun. Prognosis evaluation of lactate clearance rate and procalcitonin clearance rate in patients with septic shock: A retrospective study[J]. Lingnan Journal of Emergency Medicine, 2016, 21(3): 210-212.
- 孟强, 屈峰, 董伟, 等. 外周血游离DNA/NETs在脓毒症诊断和预后评估中的应用价值[J]. 中国呼吸与危重监护杂志, 2018, 17(3): 255-258.
MENG Qiang, QU Feng, DONG Wei, et al. Clinical value of peripheral serum cf-DNA/NETs level in diagnosis and severity assessment of sepsis patients[J]. Chinese Journal of Respiratory and Critical Care Medicine, 2018, 17(3): 255-258.
- 梁婉珍, 骆连妹, 陈振翅. 降钙素原对ICU全身炎症反应综合征患者病因诊断及预后的价值[J]. 中国医药科学, 2018, 8(9): 221-223.
LIANG Wanzhen, LUO Lianmei, CHEN Zhenchi. The value of procalcitonin in etiological diagnosis and prognosis of patients with ICU systemic inflammatory response syndrome[J]. China Medicine and Pharmacy, 2018, 8(9): 221-223.
- Coopersmith CM, De Backer D, Deutschman CS, et al. Surviving sepsis campaign: research priorities for sepsis and septic shock[J]. Crit Care Med, 2018, 46(8): 1334-1356.
- 李杏崧, 李铁男, 符敏燕, 等. 集束化护理对严重脓症患者早期脱机的影响[J]. 当代护士, 2011(6): 96-98.
LI Xingsong, LI Yinan, FU Minyan, et al. Effect of cluster-based care for severe sepsis patients in early weaning from mechanical ventilation[J]. Today Nurse, 2011(6): 96-98.
- 钱志贤, 宋佳, 周娟娣, 等. PiCCO指导下的液体复苏对合并心肌损伤感染性休克患者预后的影响[J]. 心脑血管病防治, 2018, 18(1): 13-17.
QIAN Zhixian, SONG Jia, ZHOU Juandi, et al. Effect of fluid resuscitation guided by picco on prognosis of patients with sepsis-induced cardiac dysfunction[J]. Prevention and Treatment of Cardio-Cerebral-Vascular Disease, 2018, 18(1): 13-17.
- 张爱娥, 温晓红. 集束化护理预防脓症患者胃肠功能障碍的临床应用[J]. 中国医药导报, 2015, 12(1): 117-121.
ZHANG Ai'e, WEN Xiaohong. Cluster of patients with gastrointestinal dysfunction in sepsis prevention effects of nursing[J]. China Medical Herald, 2015, 12(1): 117-121.
- 林莉珍, 明建青, 周筠. 集束化护理对严重脓症患者早期脱机的影响[J]. 吉林医学, 2016, 37(2): 436-437.
LIN Lizhen, MING Jianqing, ZHOU Yun. The early weaning influence of severe sepsis patients by cluster nursing[J]. Jilin Medical Journal, 2016, 37(2): 436-437.
- 王彦丽, 李岩涛, 陈分乔, 等. 综合性护理对中医集束化治疗脓毒症肠功能障碍者的影响[J]. 临床医药文献电子杂志, 2016, 3(10): 1914-1915.
WANG Yanli, LI Yantao, CHEN Fenqiao, et al. The effect of comprehensive nursing on intestinal dysfunction patients with sepsis treated by cluster therapy of traditional Chinese medicine[J]. Journal of Clinical Medical, 2016, 3(10): 1914-1915.
- 罗丽敏, 王芳, 王洁. 连续性血液净化治疗重症脓毒症合并多器官功能障碍综合征的观察及护理[J]. 中国医学工程, 2017,

- 25(4): 36-40.
- LUO Limin, WANG Fang, WANG Jie. Observation and nursing of continuous blood purification in treatment of severe sepsis complicated with multiple organ dysfunction syndrome[J]. *China Medical Engineering*, 2017, 25(4): 36-40.
17. 刘超, 苏龙翔, 方向群, 等. 铜绿假单胞菌LCT-PA220菌株全基因组序列测定与分析[J]. *解放军医学院学报*, 2014, 35(7): 738-740.
LIU Chao, SU Longxiang, FANG Xiangqun, et al. Whole genome sequencing and analysis of *Pseudomonas aeruginosa* strain LCT-PA220[J]. *Academic Journal of Chinese PLA Medical School*, 2014, 35(7): 738-740.
 18. 许亚丰, 王春新, 赵琪, 等. 泛耐药鲍氏不动杆菌流行株全基因组与特定基因分析[J]. *中华医院感染学杂志*, 2015, 25(22): 5041-5044.
XU Yafeng, WANG Chunxin, ZHAO Qi, et al. Whole genome and specific genes in epidemic pandrug-resistant *Acinetobacter baumannii* strains[J]. *Chinese Journal of Nosocomiology*, 2015, 25(22): 5041-5044.
 19. 翁幸璧, 糜祖煌, 王春新, 等. 多耐药大肠埃希菌nb8株全基因组耐药基因检测[J]. *中国人兽共患病学报*, 2016, 32(8): 741-745.
WENG Xingtao, MI Zuhuang, WANG Chunxin, et al. Genes in multi-drug resistant *Escherichia coli* NB8 by whole genome sequencing[J]. *Chinese Journal of Zoonosis*, 2016, 32(8): 741-745.
 20. 姚伟明, 陈重, 蒲彰雅, 等. 全基因组测序分析耐甲氧西林金黄色葡萄球菌利奈唑胺耐药相关变异位点[J]. *中国感染控制杂志*, 2017, 16(1): 1-5.
YAO Weiming, CHEN Chong, PU Zhangya, et al. Whole genome sequencing for analyzing mutation sites in linezolid-resistant methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*[J]. *Chinese Journal of Infection Control*, 2017, 16(1): 1-5.
 21. 周佳维, 李昂, 蒋琰, 等. 医院相关性ST5型耐甲氧西林金黄色葡萄球菌ZJ5499的全基因组测序及序列分析[J]. *中国微生物学杂志*, 2016, 28(10): 1138-1142.
ZHOU Jiawei, LI Ang, JIANG Yan, et al. Genomic analysis of healthcare-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* ZJ5499[J]. *Chinese Journal of Microecology*, 2016, 28(10): 1138-1142.
 22. 徐凤霞, 黄瑞怡, 欧阳伶. 集束化护理对幼儿脓毒血症并发症的影响[J]. *临床医学工程*, 2016, 23(11): 1559-1560.
XU Fengxia, HUANG Ruiyi, OUYANG Ling. Effect of cluster nursing on complications of infant sepsis[J]. *Clinical Medical Engineering*, 2016, 23(11): 1559-1560.
 23. 郁彬, 费爱华. 药物监测美罗培南对脓毒症临床治疗效果的影响[J]. *临床误诊误治*, 2018, 31(6): 76-80.
YU Bin, FEI Aihua. Effects of therapeutic drug monitoring of meropenem on clinical efficacy of sepsis treatment[J]. *Clinical Misdiagnosis & Mistherapy*, 2018, 31(6): 76-80.
 24. 夏为, 卞晓华, 董士民. 脓毒症患者的临床特征及死亡相关因素分析[J]. *解放军医药杂志*, 2016, 28(5): 91-96.
XIA Wei, BIAN Xiaohua, DONG Shimin. Clinical features and risk factors associated with death of sepsis patients[J]. *Medical & Pharmaceutical Journal of Chinese People's Liberation Army*, 2016, 28(5): 91-96.
 25. 项晶晶, 蒋永泼. 早期目标导向治疗严重脓毒症的急诊护理措施分析[J]. *中国现代医生*, 2018, 56(5): 142-145.
XIANG Jingjing, JIANG Yongpo. Analysis of emergency nursing measures of early goal-directed therapy in the treatment of severe sepsis[J]. *China Modern Doctor*, 2018, 56(5): 142-145.
 26. 郭锦, 王淑文. 早期目标导向治疗96例脓毒血症患者的护理[J]. *安徽医药*, 2015, 19(2): 404-405.
GUO Jin, WANG Shuwen. Nursing care of 96 patients with sepsis treated by early goal-oriented therapy[J]. *Anhui Medical and Pharmaceutical Journal*, 2015, 19(2): 404-405.
 27. 曹兴, 廖雪莲, 贺小丽, 等. 老年脓毒症患者远期病死率及生活质量的预测因素分析[J]. *四川大学学报(医学版)*, 2018, 49(1): 140-144.
CAO Xing, LIAO Xuelian, HE Xiaoli, et al. Predictors of long-term mortality and health related quality of life for elderly patients with sepsis[J]. *Journal of Sichuan University. Medical Science Edition*, 2018, 49(1): 140-144.
 28. 刘淑文, 宋慧芳. 早期集束化治疗严重脓毒症的护理研究[J]. *中国地方病防治杂志*, 2014, 29(2): 284-285.
LIU Shuwen, SONG Huifang. Nursing research on early cluster therapy for severe sepsis[J]. *Chinese Journal of Control of Endemic Diseases*, 2014, 29(2): 284-285.
 29. 张雪梅. 早期集束化护理对小儿脓毒症患者肠功能的预防效果观察[J]. *中国现代医生*, 2015, 53(12): 144-146.
ZHANG Xuemei. Prevention of early cluster nursing of pediatric observation bowel function in patients with sepsis[J]. *China Modern Doctor*, 2015, 53(12): 144-146.

本文引用: 黎琼, 蒋小剑. 全基因组测序技术在严重脓毒症中的临床价值及集束化护理干预[J]. *临床与病理杂志*, 2019, 39(4): 830-836. doi: 10.3978/j.issn.2095-6959.2019.04.024

Cite this article as: LI Qiong, JIANG Xiaojian. Clinical value of whole genome sequencing in severe sepsis and cluster nursing intervention[J]. *Journal of Clinical and Pathological Research*, 2019, 39(4): 830-836. doi: 10.3978/j.issn.2095-6959.2019.04.024