

DOI: 10. 12138/j. issn. 1671-9638. 20246253

· 论 著 ·

新型冠状病毒感染大流行前后 ICU 环境中鲍曼不动杆菌同源性分析

王 筱¹, 梁艳茹¹, 张 悦¹, 陆湘华², 丰 俊³, 王远萍², 赵 冰¹

(1. 上海市浦东新区疾病预防控制中心微生物检测实验室, 上海 200136; 2. 上海市浦东新区疾病预防控制中心消毒与感染控制科, 上海 200136; 3. 上海市疾病预防控制中心病原生物检定所, 上海 200336)

[摘要] **目的** 探究新型冠状病毒感染大流行前后上海市部分医疗机构重症监护病房(ICU)环境中病原菌的分布及鲍曼不动杆菌同源性变化情况。**方法** 采用基质辅助激光解析电离飞行时间质谱(MALDI-TOF MS)法分离鉴定病原菌,通过 Illumina Miseq 测序平台对鲍曼不动杆菌进行全基因组测序,基于多位点序列分型(MLST)和核心基因组 MLST(cgMLST)探讨其亲缘关系。**结果** 大流行后 ICU 环境中病原菌总检出率(6.10%, 101/1 656)低于大流行前(10.77%, 181/1 680; $P < 0.05$)。大流行前后, ICU 环境中检出的鲍曼不动杆菌在被褥表面占比均维持在最高水平,但大流行后 ST 型呈多样性分布。MLST_Pasteur 结果显示, 162 株鲍曼不动杆菌分为 20 种 ST 型,以 ST2(80.25%, 130 株)为主; MLST_Oxford 结果显示, 162 株菌株共有 19 种 ST 型,以 ST208(37.04%, 60 株)为主;基于 cgMLST 的聚类分析结果显示,大流行后 ST208_Oxford 与 ST540_Oxford 和 ST369_Oxford 的亲缘关系更接近, ST164_Pasteur 克隆由大流行前的 ST234_Oxford 转变为大流行后的 ST1418_Oxford, 新发现 2 种新型 ST_Pasteur 和 11 种新型 ST_Oxford。**结论** 大流行后 ICU 环境中病原菌检出率低于大流行前,大流行前后相同分离位点 ST 型分布略有不同,大流行前后的流行克隆仍以 ST2_Pasteur/ST208_Oxford 为主,但部分等位基因发生了改变, cgMLST 在同源性分析、进化与传播、暴发分析方面的精确度优于 MLST_Oxford 和 MLST_Pasteur。

[关键词] 新型冠状病毒感染; 鲍曼不动杆菌; ST 型; 同源性分析; 重症监护病房环境

[中图分类号] R181.3⁺2 R378

Homology analysis of *Acinetobacter baumannii* in intensive care unit before and after COVID-19 pandemic

WANG Xiao¹, LIANG Yan-ru¹, ZHANG Yue¹, LU Xiang-hua², FENG Jun³, WANG Yuan-ping², ZHAO Bing¹ (1. Microbiological Laboratory, Shanghai Pudong New Area Center for Disease Control and Prevention, Shanghai 200136, China; 2. Department of Disinfection and Infection Control, Shanghai Pudong New Area Center for Disease Control and Prevention, Shanghai 200136, China; 3. Institute of Microbiology Laboratory, Shanghai Municipal Center for Disease Control and Prevention, Shanghai 200336, China)

[Abstract] **Objective** To investigate the distribution of pathogens and change of homology of *Acinetobacter baumannii* (AB) in intensive care units (ICUs) of partial medical institutions in Shanghai before and after the pandemic of coronavirus disease 2019 (COVID-19). **Methods** Pathogens were isolated and identified by matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS), the whole genome of AB was sequenced using Illumina Miseq sequencing platform, and its genetic relationship was explored based on multilocus sequence typing (MLST) and core genome multilocus sequence typing (cgMLST). **Results** The total detection rate of pathogens in ICU environment after the pandemic was lower than before the pandemic ([6.10%, 101/1 656] vs

[收稿日期] 2024-03-18

[基金项目] 上海市加强公共卫生体系建设三年行动计划(2023—2025年)重点学科(GWVI-11.1-02);上海市浦东新区疾病预防控制中心科技项目(PDCDC-KJ-2024-06)

[作者简介] 王筱(1991-),女(汉族),上海市人,主管技师,主要从事病原微生物检测及研究。

[通信作者] 赵冰 E-mail: zerg8424@hotmail.com

[10, 77%, 181/1 680]; $P < 0.05$). Before and after the pandemic, the proportion of AB detected on the surface of bedding in the ICU environment remained at the highest level. After the pandemic, the ST types showed a diverse distribution. MLST_Pasteur results showed that 162 strains of AB were divided into 20 ST types, with ST2 (80, 25%, $n = 130$) being the main type. MLST_Oxford results showed that there were 19 ST types among 162 strains, with ST208 (37, 04%, $n = 60$) being the main type. The clustering analysis based on cgMLST showed that ST208_Oxford had closer genetic relationship with ST540_Oxford and ST369_Oxford after the pandemic. ST164_Pasteur clone changed from ST234_Oxford before the pandemic to ST1418_Oxford after the pandemic, and 2 new types of ST_Pasteur and 11 new types of ST_Oxford were discovered. **Conclusion** The detection rate of pathogens from ICU environment after the pandemic is lower than before the pandemic, and the distribution of ST types is slightly different at the same detection sites before and after the pandemic. ST2_Pasteur/ST208_Oxford is still the dominant epidemic clone before and after the pandemic, but some alleles have changed. cgMLST is more accurate than MLST_Oxford and MLST_Pasteur in homology analysis, evolution, spread, and outbreak analysis.

[**Key words**] COVID-19; *Acinetobacter baumannii*; ST type; homology analysis; intensive care unit environment

新型冠状病毒感染(COVID-19,简称新冠感染)大流行是1918—1920年西班牙流感以来世界卫生组织承认的最大的大流行^[1]。新冠感染大流行期间,医院重症监护病房(ICU)是抢救、治疗的主要单元,但也是引起医院感染的主要源头^[2],而鲍曼不动杆菌(*Acinetobacter baumannii*, AB)是ICU中最常见,易造成患者感染,甚至引起医院感染暴发的病原菌^[3],西班牙、墨西哥和巴西等医院均报道过医院ICU患者COVID-19和AB的双重感染^[4-6];以色列一所医院也报道^[7]过在COVID-19患者中的AB感染暴发事件。医院ICU正逐渐成为AB滋生的主要场所,其干燥表面已被证实是医院大流行传播的重要源头。全球公认巴斯德(Pasteur)和牛津(Oxford)两种针对AB的多位点序列分型(MLST)方案,前者包括 $cpn60$ 、 $fusA$ 、 $gltA$ 、 $pyrG$ 、 $recA$ 、 $rplB$ 和 $rpoB$ 基因,后者依赖于 $gltA$ 、 $gyrB$ 、 $gdhB$ 、 $recA$ 、 $cpn60$ 、 gpi 和 $rpoD$ 基因。两种方案有3个共同的管家基因,在进化分析方面各有利弊,目前多以巴斯德方案为主^[8]。我国17省的研究^[9]显示,AB具有较高流行率,ST2型是我国及全球最主要的流行克隆。近期研究^[10]发现,ICU中ST2型AB逐渐向ST164型克隆演化,并在ICU患者和环境中广泛传播。另一方面,ICU是医院感染防控的重点场所,尤其在新冠感染大流行后,医院的运营与管理方式发生了显著变化,精细化感染防控制度^[11]、三级网络管理体系^[12]等干预措施使医院感染防控、消毒等工作得到了全面加强和提升。为了解新冠感染大流行防控策略对ICU环境病原菌检出及其同源性分布的具体影响,本研究统计分析了上海市部分医疗机构新冠感染大流行前后常见病原菌的检出情况,并以AB为研究对象探讨其同源性变化,以期对后续医

疗机构的感染防控、消毒举措等提供数据支持。

1 材料与方法

1.1 标本来源 根据上海市及浦东新区耐药菌监测方案,按照GB 15982—2012《医院消毒卫生标准》采样方法分别采集2019、2023年医疗机构综合ICU的环境物体表面和工作人员手标本。用浸有采样液的无菌棉签在物体表面来回涂抹5次,剪掉手接触部位后将采样棉签放入装有10 mL采样液的采样管中,其中物体表面 $< 100 \text{ cm}^2$ 时取涂抹全部表面, $\geq 100 \text{ cm}^2$ 时涂抹 100 cm^2 ,手涂抹面积约为 30 cm^2 /只。环境物体包括诊疗器械(呼吸机等)、诊疗相关用品(治疗推车等)、工作人员直接接触用品(工作服等)、患者直接接触物品(被褥等)、保洁用品(抹布等)、共用用品(水龙头等)6类标本。在各医疗机构未对ICU环境进行彻底消毒前进行标本采集,采样频率为每所医疗机构每月每类标本采集2~3份,2023年未采集到约束带、空调进出风口和病号服标本,其余采样点和2019年保持一致。

1.2 分组情况 2019年共纳入7所医疗机构(编号:A~G)的ICU为标本采集点,每所医疗机构采集80~440份标本,共检测1 680份标本,纳入大流行前组;2023年除上述7所医疗机构外,还新增医疗机构(编号:H)的ICU为标本采集点,每所医疗机构采集180~356份标本,共检测1 656份标本,纳入大流行后组。

1.3 仪器与试剂 飞行时间质谱仪(德国布鲁克公司)、测序仪(美国Illumina公司)、大豆酪蛋白消化卵磷脂吐温肉汤(Soya Casein Digest Lecithin Polysorbate Broth, SCDLP)、胰酪大豆胨液体培养基

(Tryptic Soy Broth, TSB)等增菌液(英国 OXOID 公司),AB 显色平板、哥伦比亚血平板等(上海科玛嘉公司),DNA 提取试剂盒(西安天隆科技公司),建库试剂盒(美国 Illumina 公司)等。

1.4 方法

1.4.1 菌株分离与鉴定 标本接种到 SCDLP(用于金黄色葡萄球菌和铜绿假单胞菌的增菌、培养)和 TSB(用于 AB 和肺炎克雷伯菌的增菌、培养)培养基中,(36±1)℃培养 48 h 后,分别划线接种于相应的显色平板和血平板上,(36±1)℃培养 24~48 h,挑取可疑菌落进行革兰染色、氧化酶等生化试验,并通过基质辅助激光解析电离飞行时间质谱(MALDI-TOF-MS)鉴定进行二次确证,评分值>2.1 即为目标菌株,将纯菌落保存在 3%甘油脑心浸液肉汤中,-80℃保存。

1.4.2 DNA 提取 将保存于-80℃冰箱中的 AB 划线接种于血平板上,37℃培养 24 h 后,挑取圆形、灰白色、光滑的纯菌落进行质谱鉴定,评分值>2.1 即为目标菌株。用无菌接种环刮取 3~5 个纯菌落转移到盛有 500 μL 生理盐水的 EP 管中并制成菌悬液,按照西安天隆科技有限公司的磁珠法核酸提取试剂盒说明书提取基因组 DNA 后,使用 Qubit DNA 定量试剂盒检测 DNA 浓度,浓度≥10 ng/μL 即可进行全基因组测序。

1.4.3 全基因组测序 按照 Illumina DNA prep 试剂盒说明书依次进行 DNA 片段化、扩增、纯化、均一化等步骤,将文库稀释至 4 nmol/L 起始浓度,最终上机浓度为 12 pmol/L。通过 Miseq 测序仪进行测序,应用 CLC 数据分析工具对下机数据进行质控、组装,并在 BLAST 网站(Basic Local Alignment Search Tool, <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)对组装结果进行菌种确证。

1.4.4 MLST 与核心基因组 MLST(cgMLST)分析 基于 PubMLST(public databases for molecular typing and microbial genome diversity, <https://pubmlst.org/>)公共数据库获取 AB 的 ST 型,采用 Phyloviz 软件的 goeBURST Full MST 算法绘制最小生成树;应用基因组流行病学中心在线网站(Center for Genomic Epidemiology, <https://www.genomicepidemiology.org/services/>)分析 cgMLST,并通过 iTOL 网站(Interactive Tree Of Life <https://itol.embl.de/>)绘制进化树。

1.5 统计分析 应用 SPSS 27.0 统计软件对数据进行统计比较,率的组间分析采用卡方检验,以 P

≤0.05 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 新冠感染大流行前后 ICU 环境中常见病原菌检出情况 根据上海市及浦东新区耐药菌监测方案,大流行前后共采集 3 336 份 ICU 环境标本,监测 AB、肺炎克雷伯菌、金黄色葡萄球菌和铜绿假单胞菌这 4 种常见病原菌,总检出率为 8.45%(282 株),大流行前病原菌检出率为 10.77%(181/1 680),大流行后病原菌检出率为 6.10%(101/1 656),大流行前后病原菌检出率比较,差异具有统计学意义($\chi^2 = 23.550, P < 0.05$)。

4 种病原菌中,AB 检出率最高,为 5.07%(169 株),肺炎克雷伯菌、金黄色葡萄球菌、铜绿假单胞菌检出率依次为 1.68%(56 株)、1.38%(46 株)、0.33%(11 株),大流行前后 AB 和金黄色葡萄球菌的检出率比较,差异均具有统计学意义(均 $P < 0.01$),见表 1。

表 1 新冠大流行前后上海市部分医疗机构 ICU 环境中常见病原菌检出情况

Table 1 Detection of common pathogens from the ICU environment of partial medical institutions in Shanghai before and after COVID-19 pandemic

菌株	大流行前 ($n = 1\ 680$)		大流行后 ($n = 1\ 656$)		χ^2	P
	检出 株数	检出率 (%)	检出 株数	检出率 (%)		
AB	114	6.79	55	3.32	20.813	<0.01
金黄色葡萄球菌	38	2.26	8	0.48	19.405	<0.01
肺炎克雷伯菌	23	1.37	33	1.99	1.966	0.16
铜绿假单胞菌	6	0.36	5	0.30	0.077	0.78

注: n 表示采集标本数。

2.2 新冠感染大流行前后 ICU 环境中检出 AB 同源性分析

2.2.1 AB MLST 分析 对 169 株 AB 进行核酸提取、文库构建及测序,并对下机数据进行质控、组装,其中 7 株菌株因菌株复苏后活力下降,无法提取足量的核酸导致测序失败,共获得 162 株菌株的全基因组序列,测序成功率为 95.86%。

大流行前后,被褥表面 AB 检出率均为最高。基于巴斯德方案对 162 株 AB 全基因组序列进行 MLST 分析显示,大流行前被褥表面菌株均为 ST2

型,大流行后被褥表面菌株 ST 型分布呈多样化,且不同来源 AB 的 ST_Pasteur 型分布略有不同,2 株新型 ST_Pasteur 型分别自大流行前工作人员手和洗

手液(消毒剂)瓶表面检出,ST164 分布于大流行前约束带表面、大流行后护士台面和大流行后便器表面,见表 2。

表 2 不同来源 AB ST_Pasteur 型分布
Table 2 Distribution of AB ST-Pasteur types from different sources

菌株来源	大流行前			大流行后*		
	检出株数	医疗机构	ST_Pasteur 型	检出株数	医疗机构	ST_Pasteur 型
被褥	14	A、B、C、D	ST2	14	A、B、C、D、E、F、G、H	ST2、ST23、ST36、ST57
床(扶手、床栏等)	10	A、B、C、E	ST2、ST40	7	A、D、E、F、G	ST2、ST33
约束带	13	A、C、E	ST2、ST40、ST164	/	/	/
工作人员手	8	A、B、C、D、G	ST2、ST131、ST221、ST _{new2}	3	H	ST40、ST2474
垃圾桶	9	A、B、C、D、E	ST2、ST216、ST221	0	0	0
空调进/出风口	7	A、B、C、D、F	ST2、ST203、ST221、ST284	/	/	/
呼吸机	6	A、C	ST2	2	B、G	ST2
病号服	6	B、C、F	ST2、ST1484	/	/	/
护士台面	5	A、B、F	ST2、ST239	1	A	ST164
病历夹	4	A、B、E、F	ST2、ST239	1	B	ST2
工作服	3	A、E	ST2	1	E	ST2
输液泵	4	C、F	ST2、ST239	2	C、E	ST2、ST203
洗手液(消毒剂)瓶	3	A、B、C	ST2、ST _{new1}	3	A、E、F	ST2
枕头	3	A、C、D	ST2	0	0	0
门把手	3	B、F	ST2、ST239	0	0	0
清洗消毒车	2	A、G	ST2、ST239	1	A	ST2
水龙头	3	C、F	ST2、ST240	1	A	ST33
治疗推车	3	A、E、G	ST2	2	A、E	ST2
心电监护仪	2	C	ST2	1	A	ST2
键盘	2	A、D	ST2	1	A	ST2
血压计	2	A	ST2	0	0	0
鼻饲管	1	A	ST2	0	0	0
电话机	1	C	ST2	0	0	0
便器	0	0	0	4	E、G、H	ST2、ST164
清洁水桶	0	0	0	1	A	ST1641
拖把	0	0	0	3	A、E	ST2、ST2109

注: * 表示有 7 株菌测序失败;/表示未采样。

162 株 AB 共检出 20 种 ST_Pasteur 型,前三位依次为 ST2、ST239、ST40,占比分别为 80.25% (130 株)、3.09% (5 株)、2.47% (4 株);2 株菌株由于新的管家基因组合无法分型;大流行前后存在 4 种相同的 ST 型,分别是 ST2、ST40、ST164 和 ST203,其余 ST 型均单独出现在大流行前或大流行后。见图 1。

MLST 分析,共获得 19 种 ST 型,前三位依次为 ST208、ST369、ST195,占比分别为 37.04% (60 株)、15.43% (25 株)、13.58% (22 株);11 株菌株由于新的管家基因组合无法分型;大流行前后存在 5 种相同的 ST 型,分别是 ST195、ST208、ST369、ST540 和 ST1968,其余 ST 型均单独出现在大流行前或大流行后。见图 2。

基于牛津方案对 162 株 AB 基因组序列进行

强大的基因组可塑性和环境适应性^[10], 本研究中, 约束带表面、护士台面和便器表面均检出 ST164 菌株, 需引起医院相关部门的高度重视。

随着全基因组测序的不断进步和公开可用的 AB 基因组数量的迅速增加, 2017 年由 2 390 个基因组组成的 cgMLST 分型方案首次公开, 被认为是流行病学研究中最适合和最全面的 AB 基因分型方法^[22-23]。本研究基于 cgMLST 和 2 种不同的 MLST 分型方案的聚类分析结果表明, 流行克隆 ST2_Pasteur 在牛津方案中被进一步区分为 ST208、ST369、ST540、ST3214、ST1968、ST195、ST369 和 ST191, 提示牛津方案对近亲分离株的区分能力优于巴斯德方案; 另一方面, 牛津方案中新发现的 11 种 ST 新型有 10 种属于巴斯德方案中已存在的 ST 型, 提示巴斯德方案更适合在克隆群内进行精确分类, 而 cgMLST 具有更高的辨别力。3 者联合分析发现, 大流行后的流行克隆虽然仍以 ST2_Pasteur/ST208_Oxford 为主, 但大流行后 ST208_Oxford 与 ST540_Oxford 和 ST369_Oxford 的亲缘关系更接近, 且 ICU 内适应性更强的 ST164_Pasteur 克隆由大流行前的 ST234_Oxford 转变为大流行后的 ST1418_Oxford, 管家基因 *gpi*_Oxford 产生了变化。文献^[24]表明 ST164_Pasteur/ST1418_Oxford 可同时携带 B 类碳青霉烯酶 NDM 和 D 类碳青霉烯酶 OXA, 耐药性更强, 需引起高度重视, 后续也会结合药敏试验等进一步分析, 而这些变化是否与大流行期间消毒剂、抗菌药物使用有关仍需进一步研究。

综上所述, 本研究通过分析新冠感染大流行前后 ICU 环境中常见病原菌的检出率变化来探讨大流行期间精细化感染管理措施的影响, 为今后制定消毒等感染控制策略提供数据参考; 以 AB 为研究对象分析大流行前后不同来源菌株同源性变化, 发现大流行前后菌株 ST 型分布存在较大不同, 而 ST 型的变化对消毒效果、患者感染风险等是否存在影响仍需持续监测并进一步探究; 对比 cgMLST、MLST_Pasteur 和 MLST_Oxford 三种同源性分析方法提示 cgMLST 在同源性分析、进化与传播、暴发分析方面更具优势, 为今后 AB 的溯源分析提供思路; 新发现 2 种新 ST_Pasteur 型和 11 种新 ST_Oxford 型, 丰富了 PubMLST 数据库, 后续也将结合药敏试验等进行深入研究。

利益冲突: 所有作者均声明不存在利益冲突。

[参 考 文 献]

- [1] O'Toole RF. The interface between COVID-19 and bacterial healthcare-associated infections [J]. Clin Microbiol Infect, 2021, 27(12): 1772-1776.
- [2] 谈宜斌, 王莹, 马晶, 等. 新型冠状病毒感染疫情期间某医院重症监护病房医院感染目标性监测[J]. 中国消毒学杂志, 2023, 40(3): 188-190, 193.
Tan YB, Wang Y, Ma J, et al. Targeted surveillance on nosocomial infection in the ICU patients during the COVID-19 epidemic[J]. Chinese Journal of Disinfection, 2023, 40(3): 188-190, 193.
- [3] Hao L, Yang X, Chen HL, et al. Distribution and drug resistance of bacterial infection in hospitalized patients at the respiratory department before and after the COVID-19 pandemic in Guangzhou, China[J]. Microorganisms, 2023, 11(10): 2542.
- [4] Nebreda-Mayoral T, Miguel-Gómez MA, March-Rosselló GA, et al. Bacterial/fungal infection in hospitalized patients with COVID-19 in a tertiary hospital in the Community of Castilla y León, Spain[J]. Enferm Infecc Microbiol Clin (Engl Ed), 2022, 40(4): 158-165.
- [5] Shinohara DR, Dos Santos Saalfeld SM, Martinez HV, et al. Outbreak of endemic carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* in a coronavirus disease 2019 (COVID-19)-specific intensive care unit[J]. Infect Control Hosp Epidemiol, 2022, 43(6): 815-817.
- [6] Durán-Manuel EM, Cruz-Cruz C, Ibáñez-Cervantes G, et al. Clonal dispersion of *Acinetobacter baumannii* in an intensive care unit designed to patients COVID-19[J]. J Infect Dev Ctries, 2021, 15(1): 58-68.
- [7] Hu HB, Lou YF, Feng HT, et al. Molecular characterization of carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* isolates among intensive care unit patients and environment[J]. Infect Drug Resist, 2022, 15: 1821-1829.
- [8] Gaiarsa S, Batisti Biffignandi G, Esposito EP, et al. Comparative analysis of the two *Acinetobacter baumannii* multilocus sequence typing (MLST) schemes[J]. Front Microbiol, 2019, 10: 930.
- [9] Liu CC, Chen KC, Wu YC, et al. Epidemiological and genetic characteristics of clinical carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* strains collected countrywide from hospital intensive care units (ICUs) in China[J]. Emerg Microbes Infect, 2022, 11(1): 1730-1741.
- [10] Zhao F, Liu HY, Yao Y, et al. Description of a rare pyomelanin-producing carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* strain coharboring chromosomal OXA-23 and NDM-1[J]. Microbiol Spectr, 2022, 10(4): e0214422.
- [11] 胡艳芳, 王丹虹, 徐璐艳. 精细化管理在新型冠状病毒疫情期间医院感染防控中的应用[J]. 现代实用医学, 2021, 33(7): 948-949.
Hu YF, Wang DH, Xu LY. Application of refined manage-

- ment in prevention and control of nosocomial infection during the novel coronavirus epidemic[J]. *Modern Practical Medicine*, 2021, 33(7): 948-949.
- [12] 王振玲, 赖晓全, 徐敏, 等. 某院新型冠状病毒肺炎疫情常态化防控阶段医院感染量化考核方法及效果[J]. *中华医院感染学杂志*, 2021, 31(19): 2891-2895.
- Wang ZL, Lai XQ, Xu M, et al. Effect of quantitative assessment of nosocomial infection management in normalized prevention and control phase of the COVID-19 pneumonia epidemic[J]. *Chinese Journal of Nosocomiology*, 2021, 31(19): 2891-2895.
- [13] 章艳菊, 周小娣, 夏云飞. 新型冠状病毒感染疫情前后非定点医院医院感染调查分析[J]. *中国消毒学杂志*, 2023, 40(10): 787-790.
- Zhang YJ, Zhou XD, Xia YF. Investigation and analysis of nosocomial infection in non-designated hospitals before and after the outbreak of novel coronavirus infection[J]. *Chinese Journal of Disinfection*, 2023, 40(10): 787-790.
- [14] Rehman S. A parallel and silent emerging pandemic: antimicrobial resistance (AMR) amid COVID-19 pandemic[J]. *J Infect Public Health*, 2023, 16(4): 611-617.
- [15] 张海娇, 杨春艳, 张净, 等. 基于依从性监测的加强干预对鲍曼不动杆菌感染的防控效果[J]. *中国感染控制杂志*, 2022, 21(1): 49-54.
- Zhang HJ, Yang CY, Zhang Z, et al. Effect of intensive intervention based on compliance monitoring on prevention and control of *Acinetobacter baumannii* infection[J]. *Chinese Journal of Infection Control*, 2022, 21(1): 49-54.
- [16] 切措塔, 何定英, 龙芙艳, 等. 藏区重症监护病房首例耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌感染患者相关环境污染及患者感染情况[J]. *中国感染控制杂志*, 2024, 23(2): 220-224.
- Qie CT, He DY, Long FY, et al. Environmental contamination related to the first patient with carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* infection and the infection status of patients in the intensive care unit in Tibetan areas[J]. *Chinese Journal of Infection Control*, 2024, 23(2): 220-224.
- [17] 汪要望, 吴安华, 黄勋, 等. 某院综合 ICU 耐碳青霉烯革兰阴性杆菌的环境流行调查[J]. *中国抗生素杂志*, 2022, 47(12): 1305-1311.
- Wang YW, Wu AH, Huang X, et al. Survey on environmental prevalence of carbapenem-resistant organism in a general ICU[J]. *Chinese Journal of Antibiotics*, 2022, 47(12): 1305-1311.
- [18] Shelenkov A, Akimkin V, Mikhaylova Y. International clones of high risk of *Acinetobacter baumannii*-definitions, history, properties and perspectives[J]. *Microorganisms*, 2023, 11(8): 2115.
- [19] 郑恬, 周柯, 周磊, 等. MALDI-TOF MS 在鲍曼不动杆菌同源性分析中的临床应用评估[J]. *中国感染控制杂志*, 2024, 23(1): 104-111.
- Zheng T, Zhou K, Zhou L, et al. Clinical application of MALDI-TOF MS for homology analysis of *Acinetobacter baumannii*[J]. *Chinese Journal of Infection Control*, 2024, 23(1): 104-111.
- [20] Wareth G, Linde J, Nguyen NH, et al. WGS-based analysis of carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* in Vietnam and molecular characterization of antimicrobial determinants and MLST in Southeast Asia[J]. *Antibiotics (Basel)*, 2021, 10(5): 563.
- [21] Duan ZM, Li XM, Li S, et al. Nosocomial surveillance of multidrug-resistant *Acinetobacter baumannii*: a genomic epidemiological study [J]. *Microbiol Spectr*, 2024, 12(2): e0220723.
- [22] Higgins PG, Prior K, Harmsen D, et al. Development and evaluation of a core genome multilocus typing scheme for whole-genome sequence-based typing of *Acinetobacter baumannii*[J]. *PLoS One*, 2017, 12(6): e0179228.
- [23] Li TT, Yang YX, Yan RS, et al. Comparing core-genome MLST with PFGE and MLST for cluster analysis of carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii*[J]. *J Glob Antimicrob Resist*, 2022, 30: 148-151.
- [24] Zafer MM, Hussein AFA, Al-Agamy MH, et al. Genomic characterization of extensively drug-resistant NDM-producing *Acinetobacter baumannii* clinical isolates with the emergence of novel bla ADC-257[J]. *Front Microbiol*, 2021, 12: 736982.

(本文编辑:翟若南)

本文引用格式:王筱, 梁艳茹, 张悦, 等. 新型冠状病毒感染大流行前后 ICU 环境中鲍曼不动杆菌同源性分析[J]. *中国感染控制杂志*, 2024, 23(10): 1213-1219. DOI: 10.12138/j.issn.1671-9638.20246253.

Cite this article as: WANG Xiao, LIANG Yan-ru, ZHANG Yue, et al. Homology analysis of *Acinetobacter baumannii* in intensive care unit before and after COVID-19 pandemic[J]. *Chin J Infect Control*, 2024, 23(10): 1213-1219. DOI: 10.12138/j.issn.1671-9638.20246253.