

DOI:10. 12138/j. issn. 1671—9638. 20252090

· 论 著 ·

医疗设备嗜麦芽窄食单胞菌污染的溯源分析

林丽樱<sup>1,2</sup>, 林楚楚<sup>3</sup>, 黄 维<sup>1,4,5</sup>

(1. 汕头大学医学院, 广东 汕头 515041; 2. 深圳市光明区妇幼保健院检验科, 广东 深圳 518107; 3. 暨南大学第二临床医学院 深圳市人民医院预防保健与医院感染管理部, 广东 深圳 518020; 4. 暨南大学第二临床医学院 深圳市人民医院检验科, 广东 深圳 518020; 5. 深圳市呼吸疾病研究所, 广东 深圳 518020)

[摘 要] 目的 为探究环境菌株与临床感染嗜麦芽窄食单胞菌株的同源性,对 1 株医院环境来源及 3 株临床患者来源的嗜麦芽窄食单胞菌进行回溯性分析。方法 2021 年 9 月 3 日,在某医院重症监护病房(ICU)开展环境卫生学监测,分离出 1 株嗜麦芽窄食单胞菌菌株;同时收集 2021 年 6—11 月该科室 3 例患者分离的嗜麦芽窄食单胞菌菌株。对上述 4 株嗜麦芽窄食单胞菌进行药物敏感性试验、全基因组测序(WGS)、多位点序列分型(MLST)分析、耐药基因检测、平均核苷酸一致性(ANI)值计算、最小生成树(MST)计算及系统发育树构建。结果 从 ICU B 超探头表面分离的 1 株 ST1244 型嗜麦芽窄食单胞菌,与该科室 1 例患者标本分离的嗜麦芽窄食单胞菌菌株的 ST 分型及耐药基因具有一致性,两者 ANI 值为 100%,MST 结果无差异,且系统发育树分析显示两者处于同一进化分支。结合流行病学信息,提示 B 超探头分离株很可能源自该患者的污染。结论 嗜麦芽窄食单胞菌感染患者在使用医疗设备时可导致设备表面污染,共用此类设备可能造成该菌在医院内交叉传播。

[关 键 词] 嗜麦芽窄食单胞菌; 医疗设备污染; 溯源

[中图分类号] R181.3<sup>+</sup>2 R378.99

Tracing analysis of *Stenotrophomonas maltophilia* contamination in medical devices

LIN Liying<sup>1,2</sup>, LIN Chuchu<sup>3</sup>, HUANG Wei<sup>1,4,5</sup> (1. Shantou University Medical College, Shantou 515041, China; 2. Department of Laboratory Medicine, Shenzhen Guangming Maternity and Child Healthcare Hospital, Shenzhen 518107, China; 3. Department of Health Care and Healthcare-associated Infection Management, The Second Clinical Medical College of Jinan University, Shenzhen People's Hospital, Shenzhen 518020, China; 4. Department of Laboratory Medicine, The Second Clinical Medical College of Jinan University, Shenzhen People's Hospital, Shenzhen 518020, China; 5. Shenzhen Institute of Respiratory Diseases, Shenzhen 518020, China)

[Abstract] Objective To retrospectively analyze 1 strain of *Stenotrophomonas maltophilia* (*S. maltophilia*) from hospital environment and 3 strains of *S. maltophilia* from clinical patients, and explore the homology between environmental and clinical *S. maltophilia* strains. Methods On September 3, 2021, environmental hygiene surveillance was conducted in the intensive care unit (ICU) of a hospital, and 1 strain of *S. maltophilia* was isolated. Meanwhile, *S. maltophilia* strains isolated from 3 patients in the ICU from June to November 2021 were collected. The above 4 strains of *S. maltophilia* underwent antimicrobial susceptibility testing, whole genome sequencing (WGS), multilocus sequencing typing (MLST) analysis, antimicrobial resistance gene detection, average nucleotide identity (ANI) value calculation, minimum spanning tree (MST) calculation, and phylogenetic tree construction. Results

[收稿日期] 2025-02-06  
[作者简介] 林丽樱(1996-),女(汉族),广东省梅县人,主管技师,主要从事微生物检验与医院感染防控相关研究。  
[通信作者] 黄维 E-mail: screening\_sz@163.com

One strain of ST1244 *S. maltophilia* was isolated from the surface of B-ultrasound probe in ICU, which was consistent with the ST and resistance genes of *S. maltophilia* strain isolated from a patient's specimen. The ANI values of both strains were 100%, and there was no difference in their MST results. Phylogenetic tree analysis showed that the two strains were in the same evolutionary branch. Combining epidemiological information, it suggested that the strain from B-ultrasound probe might originate from contamination of the patient. **Conclusion** Patients with *S. maltophilia* infection can contaminate the surfaces of medical devices during usage, and sharing these devices could lead to the spread of pathogens within hospital.

[Key words] *Stenotrophomonas maltophilia*; medical device contamination; origin tracing

嗜麦芽窄食单胞菌(*Stenotrophomonas maltophilia*)是一种革兰阴性非发酵杆菌,广泛分布于水、土壤、食物及医院等各类环境中,是医院获得性感染的重要病原微生物之一<sup>[1]</sup>。医院环境中受嗜麦芽窄食单胞菌污染的物体表面(物表)、设备及器械可能成为医院感染的来源。一项针对重症监护病房(intensive care unit, ICU)嗜麦芽窄食单胞菌感染的调查<sup>[2]</sup>显示,该菌可从 ICU 门把手、床头柜桌面、床面及空气中分离获得;另一项关于纤维支气管镜污染导致嗜麦芽窄食单胞菌培养阳性的研究<sup>[3]</sup>表明,多个纤维支气管镜内壁检测出该菌,证实如消毒不彻底可造成器械残留污染,进而导致患者培养结果出现假阳性。Valdezate 等<sup>[4]</sup>发现,不同患者体内分离的嗜麦芽窄食单胞菌属于同一克隆型,并在支气管镜装置中检出相同菌株,经分子分型比对确认该菌由支气管镜传播至患者。此外,有研究<sup>[5]</sup>显示从环境与患者分离的嗜麦芽窄食单胞菌菌株具有相似度,证实存在环境源菌株感染患者的情况。由此可见,被嗜麦芽窄食单胞菌污染的医院物表、设备、器械等有可能成为医院感染的源头。因此,分析环境来源菌株与医院感染患者分离的嗜麦芽窄食单胞菌之间的同源性,对制定精准、有效的感染防控策略具有重要意义。

本研究基于某医疗机构 2021 年 9 月 3 日的医院环境监测,发现 ICU 环境中分离出 1 株嗜麦芽窄食单胞菌,为进一步分析,收集 2021 年 6—11 月患者标本分离的嗜麦芽窄食单胞菌菌株,采用全基因组测序(whole genome sequencing, WGS)技术并结合流行病学数据,明确临床与环境分离株的分子型别、耐药基因差异及同源性关系,为制定相应的感染防控措施提供理论依据。

## 1 资料与方法

### 1.1 临床资料

收集某医疗机构 2021 年 6—11 月

ICU 3 例嗜麦芽窄食单胞菌感染患者的临床资料。

### 1.2 主要试剂及仪器

全自动快速微生物质谱检测系统(Vitek-MS)为法国梅里埃公司产品。米诺环素、左氧氟沙星、复方磺胺甲噁唑药敏纸片和营养琼脂培养皿、血平板、巧克力琼脂平板、麦康凯琼脂平板、MH 琼脂平板购自英国 Oxoid 公司,细菌基因组 DNA 提取试剂盒购自天根生化科技有限公司,DNA Marker D、4S Red plus 核酸染色剂、琼脂糖 H、TAE 缓冲液、上样缓冲液均购自生工生物工程(上海)股份有限公司,琼脂糖凝胶电泳仪、凝胶成像系统购自美国 Bio-Rad 公司,超微量分光光度计购自英国 Biochrom 公司。测序由生工生物工程(上海)有限公司完成。

### 1.3 菌株鉴定和药物敏感性试验

嗜麦芽窄食单胞菌对阿莫西林、氨苄西林、替卡西林、氨苄西林/舒巴坦、哌拉西林、哌拉西林/他唑巴坦、阿莫西林/克拉维酸、头孢曲松、头孢噻肟、氨基糖苷类、四环素、甲氧苄啶、磷霉素天然耐药。采用纸片琼脂扩散法(K-B 法)测定米诺环素、左氧氟沙星、复方磺胺甲噁唑的抗菌药物敏感性,具体方法参照 2021 年美国临床实验室标准化协会(CLSI)M100-S31 文件<sup>[6]</sup>。质控菌株为大肠埃希菌 ATCC 25922 和铜绿假单胞菌 ATCC 27853。

### 1.4 环境采样

按照《医院消毒卫生标准》<sup>[7]</sup>要求进行采样。

#### 1.4.1 采样面积

被采表面 $<100\text{ cm}^2$ 时,取全部表面;被采表面 $\geq 100\text{ cm}^2$ 时,取 $100\text{ cm}^2$ 。

#### 1.4.2 采样方法

用 $5\text{ cm}\times 5\text{ cm}$ 灭菌规格板放在被检物表,用浸有磷酸缓冲盐(PBS)溶液的无菌棉拭子 1 支,在规格板内横竖往返各涂抹 5 次,并随之转动棉拭子,连续采样 4 个区域,剪去手接触部分,将棉拭子放入装有 10 mL 采样液的试管中立即送检。小型物体则采用棉拭子直接涂抹物体采样。

#### 1.4.3 检测方法

采样管充分振荡后,取 1 mL 洗

脱液接种营养琼脂平皿,(36±1)℃恒温箱培养 48 h,挑取优势菌落分区划线接种在营养琼脂平皿培养过夜,应用全自动快速微生物质谱检测系统进行细菌鉴定。

1.5 DNA 提取 挑取营养琼脂平皿中单克隆菌落至 5 mL LB 液体培养基并置于(36±1)℃ 恒温摇床中培养过夜,采用天根生化科技有限公司细菌基因组 DNA 提取试剂盒(DP302)提取细菌基因组 DNA。

1.6 WGS 采用 NEB Next® Ultra™ DNA Library Prep Kit for Illumina® 试剂盒(NEB)进行建库,然后用 Illumina Hiseq 2500 型测序平台对菌株进行 WGS。通过 fastp 对测序数据进行质量控制、fastq 预处理、切除接头和 poly G/poly X 尾并筛选低质量(phred 值<Q15)、低复杂度(<30%)的 reads<sup>[8]</sup>。

1.7 生物信息学分析 使用 SPAdes(version 3.13.1)<sup>[9]</sup>对原始测序结果进行组装,将组装好的数据用 Prokka(version 1.13.3)<sup>[10]</sup>进行注释,同时进行多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)分析<sup>[11]</sup>。对未获得 ST 型的数据提交 pubmlst 网站(<https://pubmlst.org/>)获得新的 ST 型编号。应用 ABRicate(version 1.0.1)基于 CARD 数据库<sup>[12]</sup>进行耐药基因分析,应用 OAT 软件(version 0.93.1)基于建议的 95.0%~96.0% cut-off 值计算平均核苷酸一致性(average nucleotide identity, ANI)值<sup>[13]</sup>,采用 Ridom SeqSphere+(version 10.0)<sup>[14]</sup>自定义生成的核心基因组多位点序列分型(core genome multi locus sequence typing, cgMLST)方案计算最小生成树(minimum spanning tree, MST)<sup>[15]</sup>。

1.8 构建系统发育树及流行病学分析图 在获得 WGS 数据的基础上,应用 GTDB-Tk 工具<sup>[16-24]</sup>构建系统发育树,根据患者出入院时间、标本采样时间、患者使用床旁 B 超日期等绘制流行病学分析图。

## 2 结果

2.1 环境监测 2021 年 9 月 3 日 15:00 对 ICU 进行环境监测,从 B 超探头表面、水池、取血箱表面鉴定出 4 株可疑致病菌,其中,B 超探头分别检出嗜麦芽窄食单胞菌和鲍曼不动杆菌(*Acinetobacter baumannii*)各 1 株,水池中检出 1 株铜绿假单胞菌(*Pseudomonas aeruginosa*),取血箱表面检出 1 株

金黄色葡萄球菌(*Staphylococcus aureus*)。见表 1。

表 1 ICU 环境监测 4 株可疑致病菌检出情况

Table 1 Detection of 4 suspected pathogenic bacteria in ICU environmental surveillance

物表编号	采样部位	检出菌株
1	B 超探头	嗜麦芽窄食单胞菌
2	B 超探头	鲍曼不动杆菌
3	水池	铜绿假单胞菌
4	取血箱	金黄色葡萄球菌

2.2 临床资料 ICU B 超分析仪常规用于该病房住院患者的心脏、胸腔、腹腔及静脉血管的床旁 B 超检查,直接接触患者皮肤表面,日常在使用前后使用含 75% 乙醇的消毒湿巾进行擦拭消毒。以该 B 超分析仪探头中分离的 1 株嗜麦芽窄食单胞菌(物表菌株)作为此次调查对象,收集与其相关的 3 例 ICU 住院患者的临床资料。病例 1 为 82 岁男性,2021 年 6 月 28 日因急性腹膜炎和急性胆囊炎入院,2021 年 8 月 12 日纤维支气管镜取痰标本检出嗜麦芽窄食单胞菌(临床菌株 1),于 2021 年 8 月 25 日死亡;病例 2 为 62 岁男性,2021 年 8 月 14 日因急性冠脉综合征、心跳骤停和心肺复苏后入院,2021 年 8 月 28 日的支气管肺泡灌洗液标本检出嗜麦芽窄食单胞菌(临床菌株 2),于 2021 年 9 月 28 日死亡;病例 3 为 78 岁女性,2021 年 9 月 10 日因左侧股骨颈骨折术后呼吸衰竭和肺部感染入院,2021 年 9 月 11 日痰标本检出嗜麦芽窄食单胞菌(临床菌株 3),经治疗后病情得到控制且趋于稳定,于 2021 年 11 月 20 日出院。此 3 例患者住院期间均进行了多次侵袭性操作及床旁 B 超检查。见表 2。

2.3 药物敏感性试验 4 株嗜麦芽窄食单胞菌(临床菌株 1~3 和物表菌株)药物敏感性试验结果显示,对米诺环素、左氧氟沙星、复方磺胺甲噁唑均为敏感。

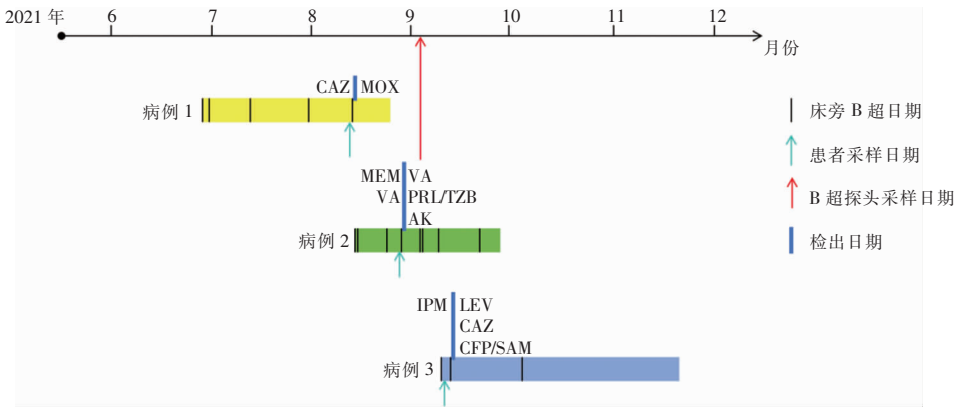
2.4 流行病学调查 3 例嗜麦芽窄食单胞菌感染患者的流行病学调查结果显示,病例 1 与病例 2、病例 2 与病例 3 均存在住院时间交互,见图 1。3 例患者住院期间均使用同一移动式 B 超分析仪进行了多次床旁 B 超,床位位置见图 2。病例 2 与 B 超探头的采样时间存在先后关系,B 超探头采样当天病例 2 进行了床旁 B 超检查。因此,推断病例 2 床旁 B 超检查后未对 B 超探头进行合格消毒,导致 B 超探头受到嗜麦芽窄食单胞菌污染,见图 1。

表 2 3 例嗜麦芽窄食单胞菌感染 ICU 患者的临床资料

Table 2 Clinical data of 3 ICU patients with *S. maltophilia* infection

病例编号	性别	年龄(岁)	标本来源	入院原因	入院日期(年/月/日)	采样日期(年/月/日)	检出日期(年/月/日)	出院/死亡日期(年/月/日)	基础疾病	侵袭性操作	临床结局	床旁 B 超时间(年/月/日 时:分)
1	男	82	纤维支气管镜取痰	急性腹膜炎,急性胆囊炎	2021/06/28	2021/08/12	2021/08/14	2021/08/25	糖尿病、高血压	机械通气、气管插管、深静脉置管、气管切开术、腹腔穿刺置管	死亡	2021/06/28 22:36 2021/06/30 15:48 2021/07/12 14:48 2021/07/31 09:42 2021/08/13 12:50
2	男	62	支气管肺泡灌洗液	急性冠脉综合征,心跳骤停,心肺复苏后	2021/08/14	2021/08/28	2021/08/30	2021/09/28	高血压、痛风、高血脂	气管插管、ECMO、机械通气、深静脉置管	死亡	2021/08/14 07:00 2021/08/15 18:20 2021/08/24 11:00 2021/08/29 10:38 2021/09/03 23:51 2021/09/04 10:54 2021/09/09 15:17 2021/09/22 16:21
3	女	78	痰	左侧股骨颈骨折术后呼吸衰竭,肺部感染	2021/09/10	2021/09/11	2021/09/14	2021/11/20	肺癌、高血压	气管插管、经皮气管旋切术、机械通气	出院	2021/09/10 15:15 2021/09/13 21:00 2021/10/04 14:38

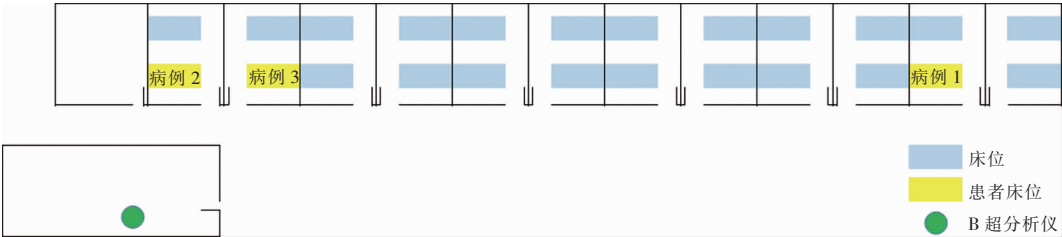
注:ECMO 为体外膜肺氧合。



注:使用的抗菌药物中,CAZ 为头孢他啶,MOX 为莫西沙星,MEM 为美罗培南,VA 为万古霉素,PRL/TZB 为哌拉西林/他唑巴坦,AK 为阿米卡星,IPM 为亚胺培南,LEV 为左氧氟沙星,CFP/SAM 为头孢哌酮/舒巴坦。时间线上的彩色矩形表示患者住院时间。

图 1 3 例嗜麦芽窄食单胞菌感染患者的流行病学调查汇总表

Figure 1 Summary chart of epidemiological investigation of 3 patients with *S. maltophilia* infection



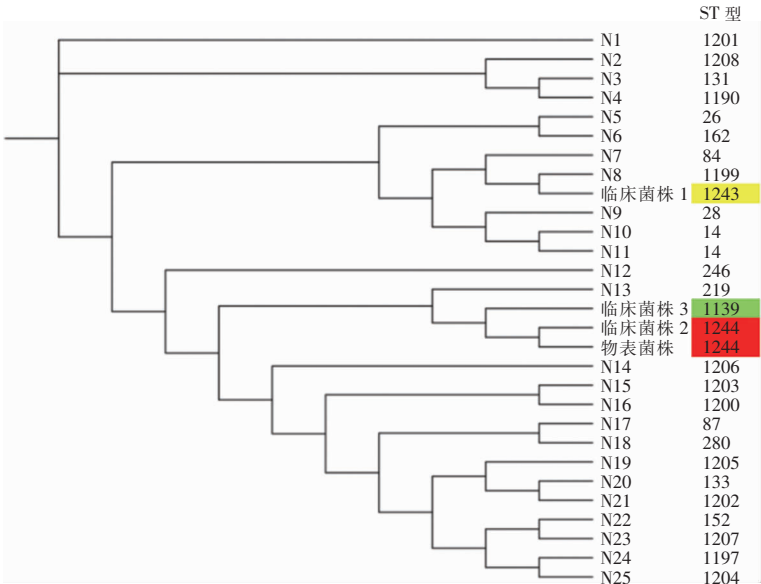
注:彩色矩形表示 ICU 病房床位,其中检出嗜麦芽窄食单胞菌的患者所在床位用黄色背景标注,绿色圆圈表示该单元的移动式 B 超分析仪日常未使用时的存放位置。

图 2 3 例嗜麦芽窄食单胞菌感染患者床位及 B 超分析仪分布图

Figure 2 Distribution of beds and B-ultrasound analyzer used by 3 patients with *S. maltophilia* infection

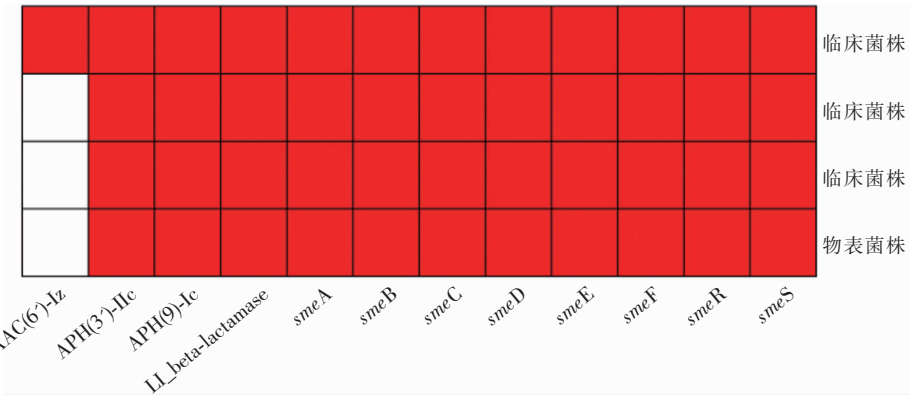
2.5 菌株 ST 型和耐药基因型 4 株嗜麦芽窄食单胞菌 ST 分型显示,临床菌株 1~3 的 ST 型分别为 ST1243、ST1244 和 ST1139,物表菌株为 ST1244

型,与临床菌株 2 同型,见图 3。4 株嗜麦芽窄食单胞菌 耐药基因检测显示,临床菌株 2、3 均与物表菌株的耐药基因分布相同,见图 4。



注:临床菌株 1~3 来源于患者,物表菌株来源于 B 超探头,其余 25 株为 NCBI 网站下载的嗜麦芽窄食单胞菌序列。

图 3 嗜麦芽窄食单胞菌的系统发育树及 ST 分型  
Figure 3 Phylogenetic tree and ST of *S. maltophilia*



注:红色方块表示检出,白色方块代表未检出。

图 4 4 株嗜麦芽窄食单胞菌耐药基因情况  
Figure 4 Antimicrobial resistance genes of 4 *S. maltophilia* strains

2.6 同源性分析 4 株嗜麦芽窄食单胞菌基因组的两两 ANI 值为 91.57%~100%,其中临床菌株 2 与物表菌株的 ANI 值为 100%,见图 5。4 株嗜麦芽窄食单胞菌核心基因组方案中的 338 个靶点的 MST 结果显示,临床菌株 2 与物表菌株无差异,与

临床菌株 1 存在 2 298 个差异,与临床菌株 3 存在 4 514 个差异,见图 6。从 NCBI 基因组数据库中下载 25 株嗜麦芽窄食单胞菌基因组序列,与现有 4 株嗜麦芽窄食单胞菌共同构建系统发育树,结果显示临床菌株 2 与物表菌株位于同一分支,见图 3。

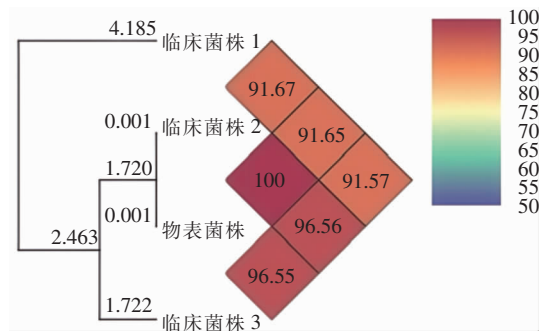


图 5 4 株嗜麦芽窄食单胞菌的 ANI 值

Figure 5 ANI values of 4 *S. maltophilia* strains

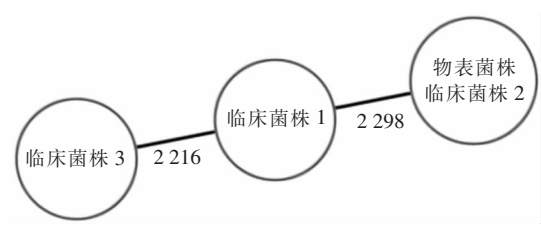


图 6 4 株嗜麦芽窄食单胞菌的 MST 结果

Figure 6 MST results of 4 *S. maltophilia* strains

3 讨论

嗜麦芽窄食单胞菌是一种常见的医院致病菌，能够在人体多个部位定植。尽管该菌的毒力和致病能力较弱，但当患者免疫力低下或受损时，可以引起严重感染，如呼吸系统感染、泌尿系统感染及血流感染<sup>[25]</sup>。本研究从可移动医疗设备上分离 1 株嗜麦芽窄食单胞菌，经调查发现该设备被患者污染。

目前，嗜麦芽窄食单胞菌医院感染溯源研究方法主要包括：①脉冲场凝胶电泳技术（pulsed-field gel electrophoresis, PFGE）。相关研究<sup>[5,26]</sup>采用 PFGE 确定临床与环境中嗜麦芽窄食单胞菌分离株的克隆相关性，证明环境菌存在医院交叉传播。②基于聚合酶链式反应的基因分型技术。该技术包括限制性片段长度多态性（restriction fragment length polymorphism, RFLP）分析技术和随机扩增的 DNA 多态性分析（randomly amplified polymorphic DNA analysis, RAPD）<sup>[27]</sup>。Verweij 等<sup>[28]</sup>通过 RAPD 技术对分别来自多个早产儿及其病房环境的嗜麦芽窄食单胞菌分离株进行比较分析，发现环境与临床分离株存在相同条带模式，由此推断出感染暴发来源。③ WGS。Gideskog 等<sup>[29]</sup>利用 WGS 技术对瑞典某医院 ICU 嗜麦芽窄食单胞菌感染暴发事件展开调查，在患者和水槽来源的菌株中

鉴定出了两个暴发克隆型别，其 MLST 分别为 ST361 和 ST138；系统发育树结果显示患者与环境来源菌株存在亲缘关系，故推断水槽为此次感染暴发的传播源。由此可见，嗜麦芽窄食单胞菌可通过污染医院环境引起患者感染，PFGE、基于聚合酶链式反应的基因分型技术及 WGS 等技术可以明确菌株间的同源关系并追溯传播路径，研究医院环境中的嗜麦芽窄食单胞菌与患者感染菌株的同源性对医院感染防控具有重要意义。

WGS 技术的进步和生物信息学分析方法的发展，使利用流行病学方法结合 WGS 数据推断感染传播路径成为可能<sup>[30-36]</sup>。本研究通过 WGS 和生物信息学分析，确定了环境分离株与患者感染的嗜麦芽窄食单胞菌菌株间的同源关系，并结合流行病学分析绘制了传播路径图。生物信息学分析结果显示，病例 2 和 B 超探头表面分离的嗜麦芽窄食单胞菌菌株位于系统发育树的同一分支，两者 ST 型、耐药基因分布一致，ANI 值达 100%，MST 结果显示亦无差异。因此，本文推断 B 超探头表面的嗜麦芽窄食单胞菌菌株很可能来自于病例 2 的污染。推测污染的可能原因包括：①乙醇对嗜麦芽窄食单胞菌的消毒效果存在局限性。已有研究表明，乙醇浓度<sup>[37]</sup>、作用时间<sup>[38]</sup>及有机物干扰<sup>[39]</sup>等因素显著影响乙醇消毒效果。该医院使用含有 75% 乙醇的消毒湿巾在操作前后对 B 超探头进行了擦拭消毒，可能存在作用时间不足<sup>[38-39]</sup>的问题。②该菌在潮湿表面（如医疗设备）更易存活，乙醇挥发后残留的水分可能助其再生<sup>[40]</sup>。③病例 2 使用了包括体外膜肺氧合（ECMO）在内的复杂有创操作，增加了嗜麦芽窄食单胞菌传播的风险。因此，优化该类患者使用过的医疗器械的消毒方案至关重要。除本研究外，多项研究报道 B 超探头引起的医院感染事件。一项针对新生儿 ICU 近平滑念珠菌所致真菌血症暴发事件的调查<sup>[41]</sup>发现，B 超探头检出的念珠菌可能与此次暴发相关。另一项关于超声设备污染率的研究<sup>[42]</sup>显示，B 超探头可检出凝固酶阴性葡萄球菌、金黄色葡萄球菌，以及革兰阴性菌等病原菌，这些病原体可能导致患者，尤其是免疫力低下患者发生感染。此外，有研究<sup>[43]</sup>评估了低水平消毒程序对微生物的抗菌功效，结果表明，即使经过低水平消毒，超声探头仍可能存在微生物污染。以上研究结果均提示，受污染的 B 超探头有可能导致医院内病原体的传播。

本研究发现，在 B 超探头采集到嗜麦芽窄食单胞菌后的第 7 天，病例 3 首次使用了该设备，且次日

在其痰液中检出了嗜麦芽窄食单胞菌,提示感染可能来源于该设备。另外,药物敏感性试验结果的一致性也支持上述传播的可能性。然而,嗜麦芽窄食单胞菌系统发育树分析显示,临床菌株 3 与临床菌株 2、物表菌株不完全属于同一分支,其 ST 型也不相同,故判断该医疗设备未引起嗜麦芽窄食单胞菌在患者之间的传播。因此,仅依靠常规流行病学分析或药物敏感性试验结果判断菌株同源性时可能存在误差,采用流行病学与生物信息学分析技术相结合的措施,能够更精准地判断菌株同源性,对医疗设备污染的溯源具有重要意义。

本研究为回顾性调查,难以完整重现患者经历的所有医疗操作,存在一定的局限性。鉴于病房内患者感染因素众多,环境复杂,环境卫生学监测范围可能存在疏漏。本次调查虽发现了污染线索,但未能证实患者间的实际传播,也未完全还原传播链条。

综上所述,本研究证实 1 株来源于患者的嗜麦芽窄食单胞菌污染了 ICU 中的可移动医疗设备。因此,建议定期对该类设备进行规范消毒,并安排专人管理,以降低医院交叉感染风险。

致谢:本研究及论文的完成,得益于我的导师黄维教授及同学林楚楚的支持与帮助,在此谨致诚挚谢意。

本致谢内容已征得所有被致谢者本人同意。

贡献声明:林丽樱直接参与研究、论文撰写与其他支持工作。林楚楚直接参与研究与其他支持工作。黄维直接参与研究、论文撰写与其他支持工作。

利益冲突:所有作者均声明不存在利益冲突。

[参 考 文 献]

[1] Brooke JS. *Stenotrophomonas maltophilia*: an emerging global opportunistic pathogen[J]. Clin Microbiol Rev, 2012, 25(1): 2–41.

[2] 顾恒云, 张道春, 张兰美, 等. ICU 内嗜麦芽窄食单胞菌感染的调查与分析[J]. 淮海医药, 2006, 24(3): 210–211.

Gu HY, Zhang DC, Zhang LM, et al. Investigation and analysis of *Stenotrophomonas maltophilia* infection in ICU[J]. Journal of Huaihai Medicine, 2006, 24(3): 210–211.

[3] Liu BD, Tong SL. An investigation of *Stenotrophomonas maltophilia*-positive culture caused by fiberoptic bronchoscope contamination[J]. BMC Infect Dis, 2019, 19(1): 1072.

[4] Valdezate S, Vindel A, Martín-Dávila P, et al. High genetic

diversity among *Stenotrophomonas maltophilia* strains despite their originating at a single hospital[J]. J Clin Microbiol, 2004, 42(2): 693–699.

[5] Çalışkan A, Çopur Çicek A, Aydoğan Ejder N, et al. The antibiotic sensitivity of *Stenotrophomonas maltophilia* in a 5-year period and investigation of clonal outbreak with PFGE[J]. J Infect Dev Ctries, 2019, 13(7): 634–639.

[6] CLSI. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing, 31st Edition: M100[S]. Malvern, PA, USA: CLSI, 2021.

[7] 胡国庆, 段亚波. GB 15982—2012《医院消毒卫生标准》新变化[J]. 中国感染控制杂志, 2013, 12(1): 1–4.

Hu GQ, Duan YB. Key changes in GB 15982–2012 “Hygienic Standard for Disinfection in Hospitals”[J]. Chinese Journal of Infection Control, 2013, 12(1): 1–4.

[8] Chen SF, Zhou YQ, Chen YR, et al. Fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor[J]. Bioinformatics, 2018, 34(17): i884–i890.

[9] Antipov D, Korobeynikov A, McLean JS, et al. hybridSPAdes: an algorithm for hybrid assembly of short and long reads[J]. Bioinformatics, 2016, 32(7): 1009–1015.

[10] Seemann T. Prokka: rapid prokaryotic genome annotation[J]. Bioinformatics, 2014, 30(14): 2068–2069.

[11] Jolley KA, Bray JE, Maiden MCJ. Open-access bacterial population genomics: BIGSdb software, the PubMLST.org website and their applications[J]. Wellcome Open Res, 2018, 3: 124.

[12] Jia BF, Raphenya AR, Alcock B, et al. CARD 2017: expansion and model-centric curation of the comprehensive antibiotic resistance database[J]. Nucleic Acids Res, 2017, 45(D1): D566–D573.

[13] Lee I, Ouk Kim Y, Park SC, et al. OrthoANI: an improved algorithm and software for calculating average nucleotide identity[J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2016, 66(2): 1100–1103.

[14] Jünemann S, Sedlazeck FJ, Prior K, et al. Updating benchtop sequencing performance comparison [J]. Nat Biotechnol, 2013, 31(4): 294–296.

[15] Van Belkum A, Tassios PT, Dijkshoorn L, et al. Guidelines for the validation and application of typing methods for use in bacterial epidemiology[J]. Clin Microbiol Infect, 2007, 13 Suppl 3: 1–46.

[16] Chaumeil PA, Mussig AJ, Hugenholtz P, et al. GTDB-Tk: a toolkit to classify genomes with the Genome Taxonomy Database[J]. Bioinformatics, 2019, 36(6): 1925–1927.

[17] Chaumeil PA, Mussig AJ, Hugenholtz P, et al. GTDB-Tk v2: memory friendly classification with the genome taxonomy database[J]. Bioinformatics, 2022, 38(23): 5315–5316.

[18] Matsen FA, Kodner RB, Armbrust EV. Pplacer: linear time maximum-likelihood and Bayesian phylogenetic placement of sequences onto a fixed reference tree[J]. BMC Bioinformatics, 2010, 11: 538.

[19] Jain C, Rodriguez-R LM, Phillippy AM, et al. High through-



- put ANI analysis of 90K prokaryotic genomes reveals clear species boundaries[J]. Nat Commun, 2018, 9(1): 5114.
- [20] Shaw J, Yu YW. Fast and robust metagenomic sequence comparison through sparse chaining with skani[J]. Nat Methods, 2023, 20(11): 1661–1665.
- [21] Hyatt D, Chen GL, Locascio PF, et al. Prodigal: prokaryotic gene recognition and translation initiation site identification [J]. BMC Bioinformatics, 2010, 11: 119.
- [22] Price MN, Dehal PS, Arkin AP. FastTree 2-approximately maximum-likelihood trees for large alignments[J]. PLoS One, 2010, 5(3): e9490.
- [23] Eddy SR. Accelerated profile HMM searches[J]. PLoS Comput Biol, 2011, 7(10): e1002195.
- [24] Ondov BD, Treangen TJ, Melsted P, et al. Mash: fast genome and metagenome distance estimation using MinHash[J]. Genome Biol, 2016, 17(1): 132.
- [25] 牛慧云, 杜志强, 王全哲, 等. 2018—2022 年嗜麦芽窄食单胞菌的临床分布和耐药性分析[J]. 中国药物滥用防治杂志, 2023, 29(11): 1917–1921, 1925.  
Niu HY, Du ZQ, Wang QZ, et al. Analysis of clinical distribution and drug resistance of *Stenotrophomonas maltophilia* from 2018 to 2022[J]. Chinese Journal of Drug Abuse Prevention and Treatment, 2023, 29(11): 1917–1921, 1925.
- [26] Ahn GY, Yu FN, Jang SJ, et al. Pseudo-outbreak of *Stenotrophomonas maltophilia* due to contamination of bronchoscope [J]. Korean J Lab Med, 2007, 27(3): 205–209.
- [27] Gherardi G, Creti R, Pompilio A, et al. An overview of various typing methods for clinical epidemiology of the emerging pathogen *Stenotrophomonas maltophilia* [J]. Diagn Microbiol Infect Dis, 2015, 81(3): 219–226.
- [28] Verweij PE, Meis JF, Christmann V, et al. Nosocomial outbreak of colonization and infection with *Stenotrophomonas maltophilia* in preterm infants associated with contaminated tap water[J]. Epidemiol Infect, 1998, 120(3): 251–256.
- [29] Gideskog M, Welander J, Melhus Å. Cluster of *S. maltophilia* among patients with respiratory tract infections at an intensive care unit[J]. Infect Prev Pract, 2020, 2(4): 100097.
- [30] De Maio N, Wu CH, Wilson DJ. SCOTTI: efficient reconstruction of transmission within outbreaks with the structured coalescent[J]. PLoS Comput Biol, 2016, 12(9): e1005130.
- [31] Worby CJ, Lipsitch M, Hanage WP. Within-host bacterial diversity hinders accurate reconstruction of transmission networks from genomic distance data[J]. PLoS Comput Biol, 2014, 10(3): e1003549.
- [32] Didelot X, Gady J, Colijn C. Bayesian inference of infectious disease transmission from whole-genome sequence data[J]. Mol Biol Evol, 2014, 31(7): 1869–1879.
- [33] Hall M, Woolhouse M, Rambaut A. Epidemic reconstruction in a phylogenetics framework: transmission trees as partitions of the node set [J]. PLoS Comput Biol, 2015, 11(12): e1004613.
- [34] Romero-Severson EO, Bulla I, Leitner T. Phylogenetically resolving epidemiologic linkage[J]. Proc Natl Acad Sci U S A, 2016, 113(10): 2690–2695.
- [35] De Maio N, Wu CH, O'Reilly KM, et al. New routes to phyllogeography: a Bayesian structured coalescent approximation [J]. PLoS Genet, 2015, 11(8): e1005421.
- [36] 林楚楚, 张敏, 郑文萍, 等. 高毒力鲍曼不动杆菌医院感染的溯源及传播路径分析[J]. 中华临床感染病杂志, 2022, 15(1): 21–27.  
Lin CC, Zhang M, Zheng WP, et al. Tracing and transmission analysis of a nosocomial infection event caused by hyper-virulent *Acinetobacter baumannii* [J]. Chinese Journal of Clinical Infectious Diseases, 2022, 15(1): 21–27.
- [37] Ribeiro MM, Neumann VA, Padoveze MC, et al. Efficacy and effectiveness of alcohol in the disinfection of semi-critical materials: a systematic review [J]. Rev Lat Am Enfermagem, 2015, 23(4): 741–752.
- [38] Souweine B, Lautrette A, Gruson D, et al. Ethanol lock and risk of hemodialysis catheter infection in critically ill patients. A randomized controlled trial[J]. Am J Respir Crit Care Med, 2015, 191(9): 1024–1032.
- [39] Graziano MU, Graziano KU, Pinto FMG, et al. Effectiveness of disinfection with alcohol 70% (w/v) of contaminated surfaces not previously cleaned[J]. Rev Lat Am Enfermagem, 2013, 21(2): 618–623.
- [40] Kettleson E, Kumar S, Reponen T, et al. *Stenotrophomonas*, *Mycobacterium*, and *Streptomyces* in home dust and air: associations with moldiness and other home/family characteristics [J]. Indoor Air, 2013, 23(5): 387–396.
- [41] Qi L, Fan W, Xia X, et al. Nosocomial outbreak of *Candida parapsilosis* sensu stricto fungaemia in a neonatal intensive care unit in China[J]. J Hosp Infect, 2018, 100(4): e246–e252.
- [42] Heldeweg MLA, Berend K, Cadenau L, et al. Bacterial contamination of ultrasound and stethoscope surfaces in low- and high-resource settings[J]. Am J Trop Med Hyg, 2022, 107(2): 463–466.
- [43] M'Zali F, Bounizra C, Leroy S, et al. Persistence of microbial contamination on transvaginal ultrasound probes despite low-level disinfection procedure [J]. PLoS One, 2014, 9(4): e93368.

(本文编辑:翟若南)

**本文引用格式:**林丽樱,林楚楚,黄维. 医疗设备嗜麦芽窄食单胞菌污染的溯源分析[J]. 中国感染控制杂志, 2025, 24(12): 1810–1817. DOI:10.12138/j.issn.1671-9638.20252090.

**Cite this article as:** LIN Liying, LIN Chuchu, HUANG Wei. Tracing analysis of *Stenotrophomonas maltophilia* contamination in medical devices[J]. Chin J Infect Control, 2025, 24(12): 1810–1817. DOI: 10.12138/j.issn.1671-9638.20252090.