

· 论 著 ·

## 某院血流感染金黄色葡萄球菌临床分布特点、 耐药性及基因分型研究\*

卢锦沛, 陈海仁, 张 燕, 郑 丽, 潘春荣, 张英平  
(珠海市平沙医院检验科, 广东珠海 519055)

**摘要:**目的 分析该院血流感染金黄色葡萄球菌的临床分布特点、耐药性及基因分型。方法 通过全自动细菌鉴定仪对该院 2010 年 1 月至 2017 年 1 月分离出的 102 株血流感染金黄色葡萄球菌行细菌鉴定及药敏试验, 同时经 PCR 测定耐药基因分型。结果 临床分布特点: 年龄分布以 70~<80 岁最多, 占 29.41%; 其次为 50~<60 岁, 占 15.69%。科室分布: 重症监护病房 (ICU) 最多, 占 29.41%; 其次为血液透析室, 占 21.57%。耐药情况: 对青霉素耐药率最高, 占 94.12%; 其次为克林霉素, 占 66.67%; 对万古霉素、替加环素、替考拉宁、利奈唑胺均 100.00% 敏感; 耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA) 对青霉素、克林霉素、红霉素、庆大霉素、左氧氟沙星、四环素、利福平、环丙沙星、氟氧西林/舒巴坦的耐药率均显著高于甲氧西林敏感金黄色葡萄球菌 (MSSA) ( $P<0.05$ )。基因分型: erm 基因携带率 100.00%; MRSA 中 ermA 基因 12 株, ermA+ermC 基因 28 株; MSSA 中 ermB 基因 38 株, ermC 基因 24 株; 诱导型耐药株中 ermC 基因占 77.27%。结论 金黄色葡萄球菌血流感染患者以老年 (特别是高龄) 人群比较常见, ICU 较常见; MRSA 检出率较高, 金黄色葡萄球菌中 erm 基因携带率高, MRSA 中以 ermA 基因常见, MSSA 中 ermB 基因居多, MRSA 大部分对多种抗菌药物耐药, 建议选择万古霉素、替加环素等敏感度高的抗菌药物治疗。

**关键词:** 金黄色葡萄球菌; 血流感染; 耐药性; 基因分型

DOI: 10.3969/j.issn.1673-4130.2017.19.014

文献标识码: A

文章编号: 1673-4130(2017)19-2694-03

### The clinical distribution, drug resistance and genotyping of bloodstream infection *Staphylococcus aureus* in a hospital\*

LU Jinpei, CHEN Hairen, ZHANG Yan, ZHENG Li, PAN Chunrong, ZHANG Yingping

(Department of Clinical Laboratory, Zhuhai Pingsha Hospital, Zhuhai, Guangdong 519055, China)

**Abstract:** **Objective** To analyze the clinical distribution, drug resistance and genotyping of bloodstream infection *Staphylococcus aureus* in our hospital. **Methods** Bacteria identification and drug sensitivity test were performed in 102 strains of *Staphylococcus aureus* isolated by automatic bacteria identification system in our hospital during January 2010 to January 2017, and the genotypes were determined by polymerase chain reaction (PCR). **Results** *Staphylococcus aureus* bloodstream infection was the most common in people aged 70- <80 years old (29.41%), followed by the age of 50- <60 years old (15.69%). The disease was the most common in the intensive care unit (ICU) (29.41%), followed by hemodialysis room (21.57%). The drug resistance rate to penicillin was the highest (94.12%), followed by clindamycin (66.67%), and it was sensitive to vancomycin, tigecycline, teicoplanin and linezolid (100.00%). The drug resistance rates of Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) to penicillin, clindamycin, erythromycin, gentamicin, levofloxacin, tetracycline, rifampicin, ciprofloxacin and ampicillin/sulbactam were significantly higher than those of Methicillin-sensitive *Staphylococcus aureus* (MSSA) ( $P<0.05$ ). The erm gene carrying rate was 100.00%. Among MRSA, there were 12 strains carrying ermA gene and 28 strains carrying ermA+ermC gene. Among MSSA, there were 38 strains carrying ermB gene and 24 strains carrying ermC gene. The ermC gene accounted for 77.27% in induced drug-resistant strains. **Conclusion** *Staphylococcus aureus* bloodstream infection is more common in the elderly, especially in the advanced age, and it is more common in ICU. The detection rate of MRSA is relatively higher, and the erm gene carrying rate of *Staphylococcus aureus* is high. ermA gene is common in MRSA while ermB gene is common in MSSA. MRSA is resistant to several antibiotics. It is recommended to choose vancomycin and tigecycline for antibiotic treatment.

**Key words:** *Staphylococcus aureus*; bloodstream infection; drug resistance; genotyping

血流感染与创伤性操作、抗菌药物、激素大量应用等有关, 其常见病原菌为金黄色葡萄球菌, 特别是耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA), 耐药性强, 治疗难度大, 严重影响患者预后, 具有发病率高、病死率高的特点<sup>[1]</sup>。因此, 了解医院金黄色葡萄球菌血流感染分布特点及耐药性至关重要。有机构指出, 若金黄色葡萄球菌 PBP2a 或 mecA 基因阳性则能判断为 MRSA<sup>[2]</sup>, 故进一步对金黄色葡萄球菌血流感染分子流行病学展

开研究十分必要。本研究一方面通过全自动细菌鉴定仪测定金黄色葡萄球菌血流感染耐药情况, 另一方面通过 PCR 检测相关菌株耐药基因分型情况, 为临床血流感染药物治疗提供参考。现报道如下。

### 1 资料与方法

**1.1 一般资料** 选择本院 2010 年 1 月至 2017 年 1 月收治的住院血流感染患者 102 例, 均符合血流感染相关诊断标准: (1)

\* 基金项目: 广东省珠海市 2017 年度市卫生和计划生育委员会医学科立项项目 (2017J020)。

作者简介: 卢锦沛, 男, 主管技师, 主要从事临床检验研究。

血培养分离出金黄色葡萄球菌；(2)体温 38 ℃ 以上或 36 ℃ 以下，心率 90 次/分以上，呼吸频率 20 次/分以上，外周白血细胞计数  $12 \times 10^9$  个/升以上或  $4 \times 10^9$  个/升以下，上述体征中至少满足 2 项。排除重复菌株、住院时间不足 1 d、资料不全、年龄 1 岁以下等患者。其中男 62 例，女 40 例。

**1.2 菌株来源** 菌株源于上述患者血液标本分离，均选择首次分离菌株，共分离出 102 株金黄色葡萄球菌。重复菌株排除在外。

**1.3 方法**

**1.3.1 细菌鉴定及药敏试验** 通过法国梅里埃 VITEK2 compact 全自动细菌鉴定仪对 102 例患者菌株进行细菌鉴定及药敏试验，药敏结果判读参照 2014 年美国临床和实验室标准协会 (CLSI) 标准<sup>[3]</sup>，质控菌为金黄色葡萄球菌 ATCC 25923。

**1.3.2 基因分型测定** 通过 PCR 测定相关耐药基因分型，主要步骤：(1)细菌模板 DNA 设计。对血液标本分离的 102 株金黄色葡萄球菌进行复苏丙型肝炎扩增，选择部分菌落，对其进行裂解液(由 1 mol/L 氢氧化钠、2% 十二烷基硫酸钠混合而成)处理，用量 100 μL，100 ℃ 水浴 0.5 h，冷却后经由等量 1 mol/L 盐酸中和，13 000 r/min 离心 10 min，沉淀去除后借助乙醇对 DNA 沉淀，随后通过双蒸水将 DNA 融合，作为 PCR 模板，备用。(2)PCR。反应体系：模板 1 μL，5'、3' 引物分别 1 μL，脱氧核糖核苷三磷酸 1.5 μL，Taq 酶 0.2 μL，10×PCR 缓冲液 2 μL，镁离子溶液 2 μL 及双蒸水 11.3 μL。反应条件：94 ℃ 变性 4 min，94 ℃ 0.5 min，52 ℃ 0.5 min，72 ℃ 0.5 min，共 40 个循环，最后 72 ℃ 2 min。(3)琼脂糖电泳。PCR 完成后将其产物放入 6×电泳缓冲液 10 μL 中进行琼脂糖电泳操作，相关条件：电压、电流分别为 115 V、240 mA，时间 0.5 h。完成电泳操作后将产物放入紫外灯下，观察判断阳性结果。

**1.4 统计学处理** 应用 SPSS20.0 统计软件处理数据，计数资料以率(%)表示，采用  $\chi^2$  检验进行比较，以  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

**2 结果**

**2.1 临床分布特点** 年龄分布：1~<10 岁 2 例(1.96%)，10~<20 岁 2 例(1.96%)，20~<30 岁 5 例(4.90%)，30~<40 岁 8 例(7.84%)，40~<50 岁 9 例(8.82%)，50~<60 岁 16 例(15.69%)，60~<70 岁 14 例(13.72%)，70~<80 岁 30 例(29.41%)，80~<90 岁 12 例(11.76%)，≥90 岁 4 例(3.92%)。科室分布：重症监护病房(ICU)30 例(29.41%)，血液透析室 22 例(21.57%)，门诊 15 例(14.70%)，泌尿外科 8 例(7.84%)，神经内科 3 例(2.94%)，消化科 2 例(1.96%)，心脏内科 2 例(1.96%)，儿科 2 例(1.96%)，消化科 2 例(1.96%)，其他科室 16 例(15.69%)。

**2.2 耐药情况** 金黄色葡萄球菌耐药率排在前 3 位的抗菌药物分别为青霉素(94.12%)、克林霉素(66.67%)、红霉素(58.82%)；金黄色葡萄球菌对替加环素、万古霉素、替考拉宁、利奈唑胺的耐药率均为 0.00%，敏感率为 100.00%。见表 1。

**2.3 MRSA 与甲氧西林敏感金黄色葡萄球菌(MSSA)耐药性比较** 102 株金黄色葡萄球菌中头孢西丁耐药菌株 40 株，即 MRSA 40 株(39.22%)，MSSA 62 株(60.78%)。MRSA 对青霉素、克林霉素、红霉素、庆大霉素、左氧氟沙星、四环素、利福平、环丙沙星、氨苄西林/舒巴坦的耐药率均明显高于 MSSA，

差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。见表 2。

**表 1 102 株金黄色葡萄球菌对相关抗菌药物的药敏试验结果[n(%)]**

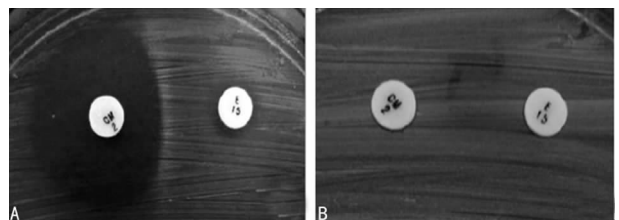
主要抗菌药物	耐药	中介	敏感
青霉素	96(94.12)	0(0.00)	6(5.88)
克林霉素	68(66.67)	7(6.86)	27(26.47)
红霉素	60(58.82)	9(8.82)	33(32.35)
庆大霉素	55(53.92)	6(5.88)	41(40.20)
左氧氟沙星	23(22.55)	5(4.90)	74(72.55)
四环素	26(25.49)	0(0.00)	76(74.51)
利福平	8(7.84)	2(1.96)	92(90.20)
环丙沙星	30(29.41)	0(0.00)	72(70.59)
氨苄西林/舒巴坦	40(39.22)	0(0.00)	62(60.78)
替加环素	0(0.00)	0(0.00)	102(100.00)
万古霉素	0(0.00)	0(0.00)	102(100.00)
替考拉宁	0(0.00)	0(0.00)	102(100.00)
利奈唑胺	0(0.00)	0(0.00)	102(100.00)

**表 2 MRSA 与 MSSA 对相关抗菌药物耐药率比较[n(%)]**

主要抗菌药物	MRSA(n=40)	MSSA(n=62)	$\chi^2$	P
青霉素	40(100.00)	56(90.32)	4.113	0.042
克林霉素	33(82.50)	35(56.45)	7.424	0.006
红霉素	29(72.50)	31(50.00)	5.082	0.024
庆大霉素	30(75.00)	25(40.32)	11.767	0.000
左氧氟沙星	20(50.00)	3(4.84)	28.394	0.000
四环素	22(55.00)	4(6.45)	30.173	0.000
利福平	8(20.00)	0(0.00)	13.455	0.000
环丙沙星	25(62.50)	5(8.06)	34.703	0.000
氨苄西林/舒巴坦	33(82.50)	7(11.29)	51.722	0.000
替加环素	0(0.00)	0(0.00)	—	—
万古霉素	0(0.00)	0(0.00)	—	—
替考拉宁	0(0.00)	0(0.00)	—	—
利奈唑胺	0(0.00)	0(0.00)	—	—

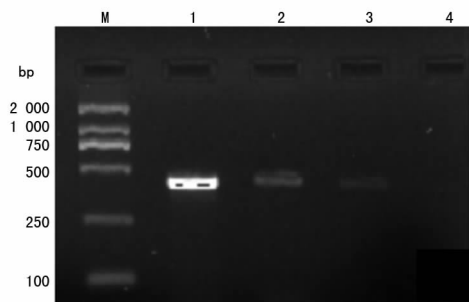
注：—表示未做统计学处理。

**2.4 基因分型情况** 102 株金黄色葡萄球菌中对红霉素耐药、对克林霉素敏感 22 株，D 试验显示均为阳性，判断为诱导性耐药；其他 80 株则为结构性耐药，见图 1~3。erm 基因携带率 100.00%；MRSA 中 ermA 基因 12 株，ermA+ermC 基因 28 株；MSSA 中 ermB 基因 38 株，ermC 基因 24 株；诱导型耐药株中 ermC 基因占 77.27%。erm 基因在不同菌株中的分布情况见表 3。



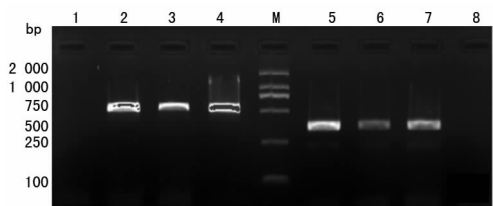
注：A 表示 D 试验阳性的诱导性耐药；B 表示结构性耐药。

**图 1 D 试验阳性耐药情况**



注: M 为 DNA 标记物, 1~3 为阳性, 4 为阴性对照。

图 2 ermA 基因电泳图



注: M 为 DNA 标记物, 2~4、5~7 分别为 ermC、ermB 阳性标本, 1、8 均为阴性对照。

图 3 ermB、ermC 基因电泳图

表 3 金黄色葡萄球菌相关基因检出结果[n(%)]

菌株类型	n	ermA	ermB	ermC	ermA+ermC
菌株种类					
MRSA	40	12(30.00)	0(0.00)	0(0.00)	28(70.00)
MSSA	62	0(0.00)	38(61.29)	24(38.71)	0(0.00)
耐药株分型					
结构性耐药株	80	3(3.75)	46(57.50)	13(16.25)	18(22.50)
诱导型耐药株	22	5(22.73)	0(0.00)	17(77.27)	0(0.00)

### 3 讨论

金黄色葡萄球菌被证实为导致血流感染发生的主要病原体,血流感染易引发全身炎症反应,严重时甚至影响机体凝血-纤溶系统,最终引发全身多脏器功能衰竭或死亡。近年来受广谱抗菌药物、创伤性操作等易感因素影响,金黄色葡萄球菌血流感染发生率逐年上升,引起相关部门及医生关注。

较多研究发现,血流感染金黄色葡萄球菌对多种常见抗菌药物耐药,且 MRSA 耐药率显著大于 MSSA<sup>[4-6]</sup>。本研究结果显示,金黄色葡萄球菌血流感染患者中 70~<80 岁年龄段最多,其次是 50~<60 岁,由此可见,金黄色葡萄球菌血流感染好发于 50 岁及以上(特别是高龄)患者,这可能与年龄大患者多合并高血压、糖尿病等慢性基础疾病,自身抵抗能力不足等有关。陈世平等<sup>[7]</sup>研究发现,新生儿(<1 岁)金黄色葡萄球菌血流感染比例大,与其免疫系统尚未发育成熟等有关。科室分布方面,本研究结果显示,ICU 中金黄色葡萄球菌血流感染比例最大,其次为血液透析室,与王立新等<sup>[8]</sup>研究结果不一致,这与不同医院科室分布不同有关。分析其原因:ICU 中收治的多为危重患者,各种侵入性操作为金黄色葡萄球菌进入血液循环提供了重要通道;血液透析室血液透析等操作时可能为病原体滋生提供客观环境,易导致金黄色葡萄球菌感染。因此,建议重点加强 ICU、血液透析室患者管理,同时各科室可加强合作,共同参与金黄色葡萄球菌血流感染防控。

耐药性方面,本研究显示血流感染金黄色葡萄球菌对青霉

素的耐药率最高,为 94.12%,提示青霉素不再是抗菌首选药物。同时金黄色葡萄球菌对克林霉素、红霉素、庆大霉素的耐药率均在 50.00% 以上,提示血流感染金黄色葡萄球菌耐药性较严重,且多为多重耐药。本研究发现金黄色葡萄球菌对替加环素、万古霉素、替考拉宁、利奈唑胺的敏感率均为 100.00%,笔者建议从上述药物中选择合适药物治疗金黄色葡萄球菌血流感染。本研究比较分析 MRSA 与 MSSA 耐药性发现,MRSA 对青霉素等相关抗菌药物的耐药率较 MSSA 显著高,可见 MRSA 耐药明显比 MSSA 严重,增加治疗难度,需高度重视,与张静玲等<sup>[9]</sup>研究结论基本一致。目前,临床干预 MRSA 公认最有效药物为万古霉素。美国感染病学学会建议将万古霉素作为 MRSA 血流感染治疗首选用药。但 Moore 等<sup>[10]</sup>研究报道称,万古霉素治疗 MRSA 部分失败。若通过万古霉素治疗最小抑菌浓度 1 μg/mL 以上的 MRSA 时,病死率会上升,治疗失败风险大,会延长患者住院时间<sup>[11]</sup>。因此,加强万古霉素最小抑菌浓度研究十分必要,受研究项目、样本例数等影响,本研究未涉及到万古霉素最小抑菌浓度分析,有待日后进一步研究分析。

周珊等<sup>[12]</sup>研究表明,MRSA 常见克隆株为 ST239-T030,erm 基因中 ermA 比较常见(占 86.67%)。金黄色葡萄球菌对红霉素、克林霉素耐药率均较高,其可能机制为 erm 基因致使 23S rRNA 甲基化,减少药物结合于核糖体,继而产生耐药。同时,erm 基因介导耐药分为诱导性与结构性两种。金黄色葡萄球菌多重耐药性不仅与 β-内酰胺酶有关,还与外流泵异常、抗菌药物靶位移位等相关。胡俊庭等<sup>[13]</sup>研究发现金黄色葡萄球菌中 mecA 基因占 98.89%。mecA 基因被认为是 MRSA 诊断金标准<sup>[14]</sup>。本研究主要分析金黄色葡萄球菌对红霉素耐药基因分型,结果显示,红霉素耐药患者均携带 erm 基因,其中 MRSA 中 ermA 基因比较常见,且同时携带 ermA、ermC 基因比例大。MSSA 则以 ermB 基因为主,同时结构性耐药株中 ermB 基因所占比例最大,而诱导性耐药株中 ermC 基因所占比例最大,与王立新等<sup>[15]</sup>研究结果相符。由于金黄色葡萄球菌多重耐药,且耐药基因型多,因此,关于血流感染金黄色葡萄球菌基因分型需日后通过大样本进一步研究。

综上所述,金黄色葡萄球菌血流感染好发于老年(尤其是高龄)人群患者,以 ICU 为主;MRSA 检出率较高,常多重耐药,金黄色葡萄球菌红霉素耐药均携带 erm 基因,MRSA 以 ermA 基因为主,MSSA 以 ermB 基因为主。临床建议早期积极抗菌治疗,根据情况选择合适的抗菌药物。

### 参考文献

[1] 陈荣,沈定霞,闫中强,等. 47 株金黄色葡萄球菌临床血流感染分离株的基因分型研究[J]. 中华流行病学杂志, 2010, 31(3): 312-315.

[2] Katayama Y, Ito T, Hiramatsu K. A new class of genetic element, staphylococcus cassette chromosome mec, encodes methicillin resistance in Staphylococcus aureus[J]. Antimicrob Agents Chemother, 2000, 44(6): 1549-1555.

[3] Clinical and Laboratory Standards Institute. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing: twenty-fourth informational supplement, M100-S24[S]. Wayne, PA, USA: CLSI, 2014.

有更高的准确度,尤其是对于年龄 $\leq 1$ 岁、发病时间较短( $\leq 7$  d)的患儿。但在不具备 RSV-RNA 检测的医院,以 RSV-IgM 作为 RSV 感染辅助诊断的指标时,要注意患儿的年龄、发病时间及免疫状态的特点,以免漏诊。本研究样本量较少,对于 IgM 的检测只是采用 ELISA 法,可能存在一定的偏倚,结果还需大样本量的研究进一步证实。

#### 参考文献

- [1] 张晓艳,崔红,杨爱君,等.新生儿呼吸道合胞病毒下呼吸道感染临床分析[J].中国医刊,2016,51(7):64-67.
- [2] 包庆洋,李昌崇,张冰,等.2011—2015 年小儿下呼吸道感染病原学分布及药敏分析[J].中国妇幼保健,2016,31(16):3282-3285.
- [3] Robinson J. Preventing respiratory syncytial virus infections[J]. Paediatr Child Health,2011,16(8):487-490.
- [4] 许琴,林素香,郑水华.四种呼吸道合胞病毒检测方法的临床应用比较[J].山西医药杂志,2016,45(15):1820-1822.
- [5] 朱以军,包云光,王香梅,等.小儿急性下呼吸道感染临床流行病学特征[J].国际流行病学传染病学杂志,2015,42(3):170-173.
- [6] 严华杰,盛军,董蔚,等.急性呼吸道感染患儿三种常见呼吸道病毒检测分析[J].山东医药,2015,55(2):37-38.
- [7] Tan ZT, Shi L, Lu GX, et al. Detection of respiratory syncytial virus in children with respiratory tract infections by nucleic acid amplification fluorogenic quantitative assay [J]. Zhongguo Dang Dai Er Ke Za Zhi, 2009, 11(10): 825-828.
- [8] 俞松山,叶惠英,韩珊珊.免疫荧光技术与荧光探针 PCR

技术用于检测小儿呼吸道合胞病毒的对比分析[J].实用预防医学,2016,23(6):750-752.

- [9] Volejnikova J, Mejstrikova E, Valova T, et al. Minimal residual disease in peripheral blood at day 15 identifies a subgroup of childhood B-cell precursor acute lymphoblastic leukemia with superior prognosis[J]. Haematologica, 2011, 96(12): 1815-1821.
- [10] 吴华. 843 例儿童急性呼吸道感染血清 IgM 测定与分析[J]. 检验医学与临床, 2010, 7(1): 25-26.
- [11] Luchsinger V, Ruiz M, Zunino E, et al. Community-acquired pneumonia in Chile: the clinical relevance in the detection of viruses and atypical bacteria[J]. Thorax, 2013, 68(11): 1000-1006.
- [12] Chartrand C, Tremblay N, Renaud C, et al. Diagnostic accuracy of rapid antigen detection tests for respiratory syncytial virus infection: systematic review and meta-analysis [J]. J Clin Microbiol, 2015, 53(12): 3738-3749.
- [13] 冷红春,颜云盈.呼吸道病毒特异性 IgM 抗体检测在儿童 ALRI 诊断中的临床应用价值[J].海南医学院学报,2014,20(1):120-122.
- [14] 宋秦伟,朱汝南,邓洁,等.血清特异性抗体检测在儿童呼吸道感染病原诊断中应用的探讨[J].中华儿科杂志,2012,50(6):440-444.
- [15] 贺占国,王曼,白云,等. IgM 抗体检测在儿科呼吸道感染性疾病诊断中的应用[J].临床误诊误治,2012,25(6):63-65.

(收稿日期:2017-06-18 修回日期:2017-08-12)

(上接第 2696 页)

- [4] 韩立中. 2009—2011 年上海地区金黄色葡萄球菌血流感染流行病学及基因多态性分析[J]. 中华内科杂志, 2014, 53(8): 648.
- [5] 陈柳勤,孙诚,陈晓丽,等. 2007—2011 年血流感染金黄色葡萄球菌的临床分布及耐药性分析[J]. 实用医学杂志, 2012, 28(24): 4169-4171.
- [6] 谢朝云,胡阳,杨忠玲,等. 血流感染患者表皮葡萄球菌与金黄色葡萄球菌的分布与耐药性分析[J]. 中国微生态学杂志, 2016, 28(12): 1409-1411.
- [7] 陈世平,冯吁珠,李彤,等. 金黄色葡萄球菌血流感染的临床分布与耐药性分析[J]. 中华医院感染学杂志, 2016, 26(20): 4565-4568.
- [8] 王立新,胡志东. 血流感染患者金黄色葡萄球菌的临床分布及耐药性分析[J]. 中国全科医学, 2012, 15(4): 454-455.
- [9] 张静玲,江永忠,姚璇,等. 某医院患者金黄色葡萄球菌感染的临床分布及耐药性分析[J]. 中国消毒学杂志, 2016, 33(9): 874-876.
- [10] Moore CL, Lu M, Cheema F, et al. Prediction of failure in vancomycin-treated methicillin-resistant Staphylococcus aureus bloodstream infection: a clinically useful risk strat-

ification tool[J]. Antimicrob Agents Chemother, 2011, 55(10): 4581-4588.

- [11] Lubin AS, Snyderman DR, Ruthazer R, et al. Predicting high vancomycin minimum inhibitory concentration in methicillin-resistant Staphylococcus aureus bloodstream infections[J]. Clin Infect Dis, 2011, 52(8): 997-1002.
- [12] 周珊,张蓓,徐修礼,等. 血流感染金黄色葡萄球菌克林霉素耐药与分子流行病学研究[J]. 国际检验医学杂志, 2015, 36(24): 3517-3519.
- [13] 胡俊庭,白艳,吴博. 血流感染金黄色葡萄球菌耐药表型及耐药基因研究[J]. 中华医院感染学杂志, 2013, 23(22): 5381-5383.
- [14] Shore A, Rossney AS, Keane CT, et al. Seven novel variants of the staphylococcal chromosomal cassette mec in methicillin-resistant Staphylococcus aureus isolates from Ireland[J]. Antimicrob Agents Chemother, 2005, 49(50): 2070-2083.
- [15] 王立新,胡祎明,胡志东,等. 血流感染患者金黄色葡萄球菌 erm 基因检测及流行病学研究[J]. 检验医学, 2013, 28(3): 189-193.

(收稿日期:2017-02-14 修回日期:2017-05-08)