

DOI:10.13350/j.cjpb.250412

• 调查研究 •

检验科微生物室病原菌质谱检测药敏结果 及检验标本不合格原因调查

曹晶晶¹, 杨荣超¹, 吴楠¹, 李扬^{2*}

(1. 南通市中医院检验科, 江苏南通 226001; 2. 山东第一医科大学附属中心医院医学实验诊断中心)

【摘要】 **目的** 对本院检验科微生物室病原菌质谱检测数据结合动态药敏深入探讨, 并分析检验标本不合格原因, 以期为提高检验质量提供参考依据。 **方法** 选取 2022-2024 年本院检验科检验的微生物标本, 通过检验科信息管理系统, 导出微生物室接收的所有检验标本记录, 统计标本及患者基本信息。依据相关标准对送检标本进行逐一筛查, 对不合格标本进行详细记录, 并分析具体原因。 **结果** 2022-2024 年期间, 共送检标本 49 785 份, 检出 1 876 株非重复菌株, 总体检出率为 3.77%。各年度的检出率分别为: 2022 年 5.02% (788/15687), 2023 年 3.63% (612/16845), 2024 年 2.76% (476/17253), 年度间检出率差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。1 876 株病原菌中, 革兰阴性菌占 52.19% (979/1876), 革兰阳性菌占 39.71% (745/1876), 真菌占 8.1% (152/1876)。各年度病原菌构成情况分别为: 2022 年革兰阴性菌占 44.42%, 革兰阳性菌占 49.11%, 真菌占 6.47%; 2023 年革兰阴性菌占 60.13%, 革兰阳性菌占 32.03%, 真菌占 7.84%; 2024 年革兰阴性菌占 54.83%, 革兰阳性菌占 34.03%, 真菌占 11.13%, 不同年份间, 革兰阴性菌、革兰阳性菌和真菌的比例差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。1 876 株病原菌中, 重症监护室分离出 747 株 (39.82%), 呼吸科 425 株 (22.65%), 普外科 201 株 (10.71%), 感染性疾病科 131 株 (6.98%), 神经内科 95 株 (5.06%), 老年病科 75 株 (4.00%), 神经外科 57 株 (3.04%), 肾病科 36 株 (1.92%), 胸外科 31 株 (1.65%), 心血管科 21 株 (1.12%), 其他科室 57 株 (3.04%)。各科室间革兰阴性菌、革兰阳性菌、真菌比例差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。革兰阴性菌主要为肺炎克雷伯菌 (21.06%, 395/1876)、大肠埃希菌 (6.98%, 131/1876)、铜绿假单胞菌 (5.86%, 110/1876), 革兰阳性菌主要为金黄色葡萄球菌 (19.08%, 358/1876)、表皮葡萄球菌 (4.42%, 83/1876)、粪肠球菌 (4.10%, 77/1876), 真菌主要为白色假丝酵母菌 (4.96%, 93/1876)。2022-2024 年, 肺炎克雷伯菌对头孢他啶的耐药率自 37.93% 下降至 35.29%, 对美罗培南的耐药率自 17.24% 下降至 14.71%, 对庆大霉素的耐药率自 58.62% 下降至 55.88%。金黄色葡萄球菌对红霉素的耐药率自 73.33% 下降至 72.73%, 对左氧氟沙星的耐药率自 46.67% 下降至 36.36%, 对庆大霉素的耐药率自 43.33% 上升至 51.52%。不合格检验标本共 746 例, 不合格率为 1.50% (746/49785)。其中, 标本量不足占 30.29%, 标本类型错误占 21.72%, 标本污染占 13.81%, 采样部位错误占 9.65%, 标本容器错误占 7.37%, 条码错误占 6.84%, 未及时送检占 5.76%, 采集时间有误占 4.56%。不合格标本中, 血液占 38.87%, 痰液占 15.42%, 尿液占 11.93%, 粪便占 10.32%, 伤口分泌物占 6.84%, 穿刺液占 5.09%, 引流液占 3.08%, 脑脊液占 2.82%, 其他类型占 5.63%。 **结论** 不同年份间革兰阴性菌、革兰阳性菌、真菌的比例存在显著差异, 病原菌主要分离自重症监护室, 各科室间革兰阴性菌、革兰阳性菌、真菌比例有显著差异。质谱检测与动态药敏分析可以更准确及时地为临床提供用药参考。导致检验标本不合格原因多样, 标本量不足占比最高, 主要为血液标本。这些数据为检验科工作质量评估、临床科室沟通协作以及后续质量改进措施的制定提供了重要依据。

【关键词】 检验科; 病原菌; 不合格标本

【文献标识码】 A **【文章编号】** 1673-5234(2025)04-0471-06

[*Journal of Pathogen Biology*. 2025 Apr.; 20(04): 471-476.]

Investigation on mass spectrometry drug susceptibility results of pathogenic bacteria and reasons for unqualified test specimens in the microbiology laboratory of the laboratory department

CAO Jingjing¹, YANG Rongchao¹, WU Nan¹, LI Yang² (1. Nantong Hospital of Traditional Chinese Medicine, Nantong 226001, Jiangsu, China; 2. Medical Laboratory Diagnosis Center of the Affiliated Central Hospital of Shandong First Medical University) *

【Abstract】 **Objective** An in-depth discussion on the mass spectrometry detection data of pathogenic bacteria in the microbiology laboratory of our hospital's clinical laboratory department in combination with dynamic drug susceptibility were conducted, and the reasons for unqualified test specimens were analyzed, in order to provide a reference basis for

* **【通信作者】** 李扬, E-mail: lykrkl@163.com

【作者简介】 曹晶晶 (1982-), 男, 江苏南通人, 医学学士, 副主任技师, 研究方向: 微生物检验。E-mail: caojingjing123793@163.com

improving the quality of laboratory tests. **Methods** The microbiological specimens inspected by the laboratory department of our hospital were selected from 2022 to 2024. All inspection specimen records received by the microbiology laboratory through the laboratory information management system were exported, and the specimens and basic patient information were counted. The submitted specimens was screened one by one according to relevant standards to make detailed records of unqualified specimens, and their specific reasons were analyzed. **Results** From 2022 to 2024, a total of 49 785 specimens were submitted for inspection, and 1, 876 non-repetitive strains were detected, with an overall detection rate of 3.77%. The detection rates for each year were as follows: 5.02% (788/15 687) in 2022, 3.63% (612/16 845) in 2023, and 2.76% (476/17 253) in 2024. There was a significant difference in the detection rates among years ($P < 0.05$). Among the 1,876 pathogenic bacteria, Gram-negative bacteria accounted for 52.19% (979/1876), Gram-positive bacteria accounted for 39.71% (745/1876), and fungi accounted for 8.10% (152/1876). The composition of pathogenic bacteria in each year was as follows: in 2022, Gram-negative bacteria accounted for 44.42%, Gram-positive bacteria accounted for 49.11%, and fungi accounted for 6.47%; in 2023, Gram-negative bacteria accounted for 60.13%, Gram-positive bacteria accounted for 32.03%, and fungi accounted for 7.84%; in 2024, Gram-negative bacteria accounted for 54.83%, Gram-positive bacteria accounted for 34.03%, and fungi accounted for 11.13%. There were significant differences in the proportions of Gram-negative bacteria, Gram-positive bacteria, and fungi among different years ($P < 0.05$). Among the 1 876 pathogenic bacteria, 747 strains (39.82%) were isolated from the intensive care unit, 425 strains (22.65%) from the respiratory department, 201 strains (10.71%) from the general surgery department, 131 strains (6.98%) from the infectious diseases department, 95 strains (5.06%) from the neurology department, 75 strains (4.00%) from the geriatrics department, 57 strains (3.04%) from the neurosurgery department, 36 strains (1.92%) from the nephrology department, 31 strains (1.65%) from the thoracic surgery department, 21 strains (1.12%) from the cardiology department, and 57 strains (3.04%) from other departments. There were significant differences in the proportions of Gram-negative bacteria, Gram-positive bacteria, and fungi among different departments ($P < 0.05$). The main Gram-negative bacteria were *Klebsiella pneumoniae* (21.06%, 395/1876), *Escherichia coli* (6.98%, 131/1876), and *Pseudomonas aeruginosa* (5.86%, 110/1876). The main Gram-positive bacteria were *Staphylococcus aureus* (19.08%, 358/1876), *Staphylococcus epidermidis* (4.42%, 83/1876), and *Enterococcus faecalis* (4.10%, 77/1876). The main fungi were *Candida albicans* (4.96%, 93/1876). From 2022 to 2024, the drug resistance rate of *K. pneumoniae* to ceftazidime decreased from 37.93% to 35.29%, the drug resistance rate to meropenem decreased from 17.24% to 14.71%, and the drug resistance rate to gentamicin decreased from 58.62% to 55.88%. The drug resistance rate of *S. aureus* to erythromycin decreased from 73.33% to 72.73%, the drug resistance rate to levofloxacin decreased from 46.67% to 36.36%, and the drug resistance rate to gentamicin increased from 43.33% to 51.52%. There were a total of 746 unqualified test specimens, with an unqualified rate of 1.50% (746/49 785). Among them, insufficient specimen volume accounted for 30.29%, incorrect specimen type accounted for 21.72%, specimen contamination accounted for 13.81%, incorrect sampling site accounted for 9.65%, incorrect specimen container accounted for 7.37%, incorrect barcode accounted for 6.84%, failure to submit for inspection in time accounted for 5.76%, incorrect collection time accounted for 4.56%. Among the unqualified specimens, blood accounted for 38.87%, sputum accounted for 15.42%, urine accounted for 11.93%, feces accounted for 10.32%, wound secretion accounted for 6.84%, puncture fluid accounted for 5.09%, drainage fluid accounted for 3.08%, cerebrospinal fluid accounted for 2.82%, and other types accounted for 5.63%. **Conclusion** There were significant differences in the proportions of Gram-negative bacteria, Gram-positive bacteria, and fungi among different years. Pathogenic bacteria were mainly isolated from the intensive care unit. There were significant differences in the proportions of Gram-negative bacteria, Gram-positive bacteria, and fungi among different departments. Mass spectrometry detection and dynamic drug susceptibility analysis can provide more accurate and timely references for clinical medication. There were various reasons for unqualified test specimens. Insufficient specimen volume accounts for the highest proportion, mainly in blood specimens. These data provided an important basis for the evaluation of the work quality of the laboratory department, communication and cooperation among clinical departments, and the formulation of subsequent quality improvement measures.

【Keywords】 Laboratory department; pathogenic bacteria; unqualified specimens

病原菌(pathogenic bacteria)也被称为致病菌,是指能引起人类和动植物发生疾病的微生物^[1]。当病原菌侵入机体后,可引发一系列的免疫反应,导致机体的

局部组织或全身出现炎症,严重者可引发脓毒症、脓毒性休克以及多功能器官衰竭等严重并发症^[2,3]。因此,病原菌的侵入不仅会引起局部的炎症反应,还可能

引发一系列严重的全身性疾病,对机体健康构成严重威胁。随着全球人口老龄化加剧以及抗生素滥用导致的耐药性问题日益严重,病原菌检测在临床诊断和治疗中的重要性愈发凸显^[4]。病原菌检测的准确性直接关系到患者的治疗效果和生命安全。因此,加强检验科的质量管理,提高标本合格率及病原菌检测的准确性,对于控制医院感染、减少患者并发症及改善治疗预后至关重要^[5]。

本研究选取 2022-2024 年本院检验科检验的微生物标本,探析病原菌质谱检测药敏结果及检验标本不合格原因,以期为医院感染防控提供科学依据,进一步促进检验科与临床科室的紧密合作,优化检验流程,确保病原菌检测的及时性和准确性,结果报告如下。

材料与方 法

1 菌株来源

选取 2022-2024 年,南通市中医院检验科检验的微生物标本为本次研究对象。剔除同一患者、同一部位分离的重复菌株,同一患者同一部位只计入首例检测结果。纳入标准:①病例资料完整;②凝血功能正常;③有明确感染病史。排除标准:①拒绝进行标本采集者;②近 2 周内接受微生物检验者;③合并微生物检验禁忌症者。

2 方 法

2.1 资料收集 通过检验科信息管理系统,导出 2022-2024 年微生物室接收的所有检验标本记录,统计标本及患者基本信息,包括标本编号、姓名、性别、标本类型、采集时间、送检时间、检验结果等。

2.2 菌株鉴定 遵循《全国临床检验操作规程》相关要求,严格执行无菌操作原则,采集患者血液、痰液、尿液、粪便、脑脊液、脓液等标本。送检后,接种于哥伦比亚血培养基、巧克力琼脂培养基或中国蓝培养基上,经过初代培养分离后,阳性标本经传代培养纯化后,单个菌落采用基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry, MALDI-TOF MS)进行菌种鉴定。采用 K-B 纸片扩散法进行药敏试验,试验结果依据美国临床实验室标准化协会(CLSI)标准 2022 版本进行判读。

2.3 标本合格标准 按照《全国临床检验操作规程》及国家卫生计生委发布临床检验专业 15 项医疗质量控制指标(2015 年版)^[6],对送检的标本进行逐一筛查,同时在送检记录中标记标本为“合格”或“不合格”。针对不合格标本,详细查看其原始记录和相关信息,详细记录不合格标本的具体原因,确保每个标本都有准确、详细的不合格原因分析记录。

2.4 观察指标 ①对比不同年份送检标本数及病原菌检出例数,比较不同年份病原菌检出率;②对比不同年份检出病原菌构成情况;③对比不同科室送检标本数及病原菌检出例数,比较不同科室病原菌检出率;④绘制肺炎克雷伯菌及金黄色葡萄球菌对临床常用 3 种抗菌药物耐药率动态图:动态药敏分析按照最近每三个月本院药敏数据进行统计,如 3 月末统计 1、2、3 三个月,4 月末统计 2、3、4 三个月的每种菌药物敏感率,以此类推。每种细菌对三种抗菌药物形成持续变化的动态敏感率变化曲线;⑤记录检验标本不合格原因及标本种类分布情况。

3 统计分 析

通过 SPSS 26.0 对本次研究结果进行统计分析,采用卡方检验比较不同年份和不同科室的病原菌检出率差异及不同科室病原菌构成情况。 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结 果

1 病原菌检测结果

1.1 病原菌总体检出情况 2022-2024 年共检验标本 49 785 份,共检出 1 876 株非重复菌株,检出率 3.77%(1876/49785)。2022 年检验标本 15 687 份,检出 788 株非重复菌株,检出率 5.02%(788/15687);2023 年检验标本 16 845 份,检出 612 株非重复菌株,检出率 3.63%(612/16845);2024 年检验标本 17 253 份,检出 476 株非重复菌株,检出率 2.76%(476/17253),不同年份检出率差异有统计学意义($\chi^2 = 117.454, P < 0.05$)。1 876 株病原菌中,革兰阴性菌 979 株(52.19%, 979/1876),革兰阳性菌 745 株(39.71%, 745/1876),真菌 152 株(8.1%, 152/1876)。2022 年 788 株病原菌中,革兰阴性菌占 44.42%(350/788),革兰阳性菌占 49.11%(387/788),真菌占 6.47%(51/788);2023 年 612 株病原菌中,革兰阴性菌占 60.13%(368/612),革兰阳性菌占 32.03%(196/612),真菌占 7.84%(48/612);2024 年 476 株病原菌中,革兰阴性菌占 54.83%(261/476),革兰阳性菌占 34.03%(162/476),真菌占 11.13%(53/476),不同年份革兰阴性菌、革兰阳性菌、真菌的构成比差异有统计学意义($\chi^2 = 55.694, P < 0.05$)。

1.2 不同类型病原菌科室分布情况 1 876 株病原菌中,747 株分离自重症监护室(39.82%, 747/1876),425 株分离自呼吸科(22.65%, 425/1876),201 株分离自普外科(10.71%, 201/1876),131 株分离自感染性疾病科(6.98%, 131/1876),95 株分离自神经内科(5.06%, 95/1876),75 株分离自老年病科(4%, 75/1876),57 株分离自神经外科(3.04%, 57/1876),36 株

分离自肾内科(1.92%, 36/1876), 31株分离自胸外科(1.65%, 31/1876), 21株分离自心血管科(1.12%, 21/1876), 57株分离自其他科室(3.04%, 57/1876)。不同科室革兰阴性菌、革兰阳性菌、真菌的构成比对比差异具有统计学意义($\chi^2 = 189737, P < 0.05$)。见表1。

1.3 病原菌分布特点 979株革兰阴性菌中, 主要为肺炎克雷伯菌(21.06%, 395/1876)、大肠埃希菌(6.98%, 131/1876)、铜绿假单胞菌(5.86%, 110/1876); 745株革兰阳性菌中, 主要为金黄色葡萄球菌(19.08%, 358/1876)、表皮葡萄球菌(4.42%, 83/1876)、粪肠球菌(4.1%, 77/1876); 152株真菌中, 主要为白色假丝酵母菌(4.96%, 93/1876)。见表2。

表1 不同类型病原菌科室分布情况
Table 1 Distribution of different types of pathogenic bacteria in departments

科室 Department	革兰阴性菌 (n=979) Gram negative bacteria		革兰阳性菌 (n=745) Gram positive bacteria		真菌 (n=152) Fungi	
	菌株数 No.	构成比 (%)	菌株数 No.	构成比 (%)	菌株数 No.	构成比 (%)
	重症监护室	492	65.86	203	27.18	52
呼吸科	198	46.59	193	45.41	34	8.00
普外科	59	29.35	134	66.67	8	3.98
感染性疾病科	39	29.77	82	62.60	10	7.63
神经内科	46	48.42	39	41.05	10	10.53
老年病科	41	54.67	26	34.67	8	10.67
神经外科	31	54.39	21	36.84	5	8.77
肾病科	26	72.22	8	22.22	2	5.56
胸外科	16	51.61	10	32.26	5	16.13
心血管科	8	38.10	8	38.10	5	23.81
其他科室	23	40.35	21	36.84	13	22.81

2 主要病原菌耐药率动态分析

2.1 肺炎克雷伯菌耐药率动态分析结果 2022-2024年, 肺炎克雷伯菌对头孢他啶的耐药率自37.93%下降至35.29%, 对美罗培南的耐药率自17.24%下降至14.71%, 对庆大霉素的耐药率自58.62%下降至55.88%。见图1。

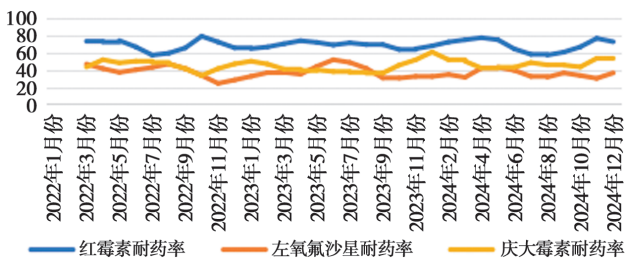


图1 肺炎克雷伯菌对三种抗菌药物的耐药率动态分析图
Fig. 1 Dynamic analysis chart of drug resistance rate of *K. pneumoniae* to three antibacterial drugs

表2 病原菌分布特点

Table 2 Distribution characteristics of pathogenic bacteria

病原菌 Pathogenic bacteria	菌株数 No.	构成比 (%)
革兰阴性菌	979	52.19
肺炎克雷伯菌	395	21.06
大肠埃希菌	131	6.98
铜绿假单胞菌	110	5.86
鲍曼不动杆菌	96	5.12
产酸克雷伯菌	59	3.14
产气肠杆菌	48	2.56
奇异变形杆菌	39	2.08
阴沟肠杆菌	31	1.65
嗜麦芽寡养单胞菌	26	1.39
其他	44	2.35
革兰阳性菌	745	39.71
金黄色葡萄球菌	358	19.08
表皮葡萄球菌	83	4.42
粪肠球菌	77	4.10
溶血葡萄球菌	68	3.62
屎肠球菌	59	3.14
无乳链球菌	43	2.29
其他	57	3.04
真菌	152	8.10
白色假丝酵母菌	93	4.96
热带假丝酵母菌	20	1.07
其他	39	2.08

2.2 金黄色葡萄球菌耐药率动态分析结果 2022-2024年, 金黄色葡萄球菌对红霉素的耐药率自73.33%下降至72.73%, 对左氧氟沙星的耐药率自46.67%下降至36.36%, 对庆大霉素的耐药率自43.33%下上升至51.52%。见图2。

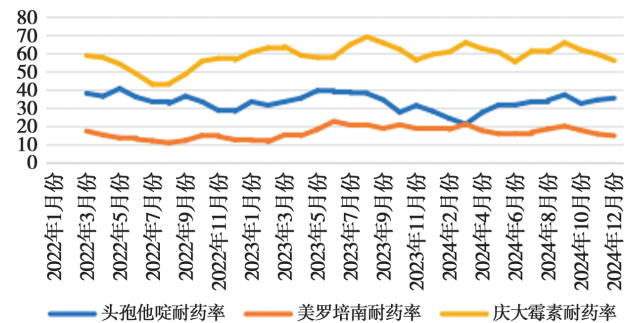


图2 金黄色葡萄球菌对三种抗菌药物的耐药率动态分析图
Fig. 2 Dynamic analysis chart of drug resistance rate of *S. aureus* to three antibacterial drugs

3 检验标本不合格原因及标本种类分布

3.1 检验标本不合格原因分析 746例检验标本不合格, 不合格率为1.50%(746/49785)。746例不合格标本中, 226例为标本量不足(30.29%, 226/746), 162例为标本类型错误(21.72%, 162/746), 103例为标本污染(13.81%, 103/746), 72例为采样部位错误(9.65%, 72/746), 55例为标本容器错误(7.37%, 55/746), 51例为条码错误(6.84%, 51/746), 43例为未及

时送检(5.76%, 43/746), 34例为采集时间有误(4.56%, 34/746)。

3.2 不合格检验标本种类分布情况 746例不合格标本中, 290例为血液标本(38.87%, 290/746), 115例为痰液标本(15.42%, 115/746), 89例为尿液标本(11.93%, 89/746), 77例为粪便标本(10.32%, 77/746), 51例为伤口分泌物标本(6.84%, 51/746), 38例为穿刺液标本(5.09%, 38/746), 23例为引流液标本(3.08%, 23/746), 21例为脑脊液标本(2.82%, 21/746), 42例为其他标本(5.63%, 42/746)。

讨 论

在现代医学实践中, 大量抗菌药物的广泛使用导致了病原菌的多药耐药性不断增强, 这种情况使得医院在感染的治疗和控制方面面临新的困难和挑战^[7,8]。耐药性问题不仅对医院感染控制提出了更高要求, 也给公共卫生安全带来了巨大压力。因此, 加强抗菌药物的合理使用和管理, 降低耐药菌的产生和传播风险已成为当务之急。为了应对这一问题, 通过及时且准确地掌握本院病原菌的分布情况及其对各种抗菌药物的耐药性, 能够更好地指导临床医生合理使用抗菌药物^[9]。

微生物室检测作为医疗辅助诊断的关键环节, 近年来随着医疗技术的不断进步, 其在各种疾病的诊断和治疗过程中扮演着越来越重要的角色。MALDI-TOF MS是一种简单、快速、高通量、低成本的鉴定技术, 通过测定病原菌的核糖体蛋白, 能够在短时间内准确地鉴定出常见及少见的病原菌种类^[10]。此外, MALDI-TOF MS具有很高的重复性和准确性, 能够提供可靠的鉴定结果。随着质谱技术的不断发展和进步, 它正在逐步改变传统的生化鉴定方法, 并有望在未来进一步替代这些传统技术。本次研究结果显示, 在2022-2024年期间, 共送检标本49785例, 检出1876株非重复菌株, 总体检出率为3.77%。各年度的检出率分别为: 2022年5.02%(788/15687), 2023年3.63%(612/16845), 2024年2.76%(476/17253), 年度间检出率差异显著($P < 0.05$)。1876株病原菌中, 革兰阴性菌占52.19%(979/1876), 革兰阳性菌占39.71%(745/1876), 真菌占8.1%(152/1876), 不同年份间, 革兰阴性菌、革兰阳性菌和真菌的比例差异显著($P < 0.05$)。1876株病原菌主要分离自重症监护室, 呼吸科、普外科、感染性疾病科等也有不同数量的分离株, 各科室间革兰阴性菌、革兰阳性菌、真菌比例有显著差异。重症监护室、呼吸科、神经内科等科室革兰阴性菌检出率较高, 这可能与这些科室患者的基础疾病和侵入性操作较多有关^[11]。这表明病原菌的分

布存在时空变化, 对临床治疗和医院感染控制提出了更高的要求^[12]。为此, 医院需不断完善病原菌监测体系, 加强多学科合作, 提升抗菌药物管理水平, 以期为患者提供更为精准、有效的治疗方案, 减轻耐药性问题带来的压力。研究结果提示在日常诊疗中必须强化病原学检测, 及时调整治疗方案。同时, 通过比对不同科室的病原菌分布, 可以更有针对性地实施防控措施, 降低感染风险。

检出的病原菌中, 革兰阴性菌主要为肺炎克雷伯菌、大肠埃希菌及铜绿假单胞菌, 革兰阳性菌主要为金黄色葡萄球菌、表皮葡萄球菌及粪肠球菌, 真菌主要为白色假丝酵母菌。与马静等^[13]研究结果相近。药敏动态分析显示, 肺炎克雷伯菌对头孢他啶、美罗培南、庆大霉素的耐药率总体呈下降趋势, 金黄色葡萄球菌对红霉素、左氧氟沙星的耐药率呈下降趋势, 对庆大霉素的耐药率呈上升趋势。动态药敏分析法作为一种新兴的检测手段, 通过观察不同抗生素对特定细菌的敏感率变化趋势, 能够更加准确和实时地为临床提供用药参考。这种方法不仅提高了抗生素使用的针对性, 还减少了不必要的药物滥用, 从而有助于控制耐药菌株的产生和传播。将微生物质谱检测与动态药敏分析法相结合, 形成了一种微生物学与临床医学相结合的新思路。这种综合性的检测方法不仅能够提供更为全面的病原菌信息, 还能为临床医生提供更为精准的用药建议。

微生物检验结果的准确性不仅仅受到标本质量的影响, 在实际工作中, 还有许多其他因素可能导致送检的标本不合格^[14]。这些因素包括但不限于标本的采集、储存、运输过程中的不当操作, 以及实验室内部的处理和分析过程中的误差。因此, 为了确保临床检验结果的可靠性, 必须严格控制每一个环节, 确保标本的质量和检验过程的规范性。本次研究中, 检验标本不合格率为2.93%。不合格原因主要为标本量不足、标本类型错误、样本污染等。导致血液标本检验不合格的主要因素包括采血量不足以及标本受到污染。特别是在对儿童进行采血的过程中, 由于儿童的血管较细, 血液较难采集, 常常会导致采血量不足^[15]。此外, 采血过程中如果操作不当, 也可能导致标本受到污染, 进而影响检验结果的准确性。因此, 在采血过程中, 医护人员需要格外小心, 确保采血量充足且标本未被污染, 以保证检验结果的可靠性。相关研究显示, 在检验过程中, 70%的差错发生在检验之前^[16]。这些检验前的差错主要源于几个关键环节的失误, 包括但不限于标本采集前的准备工作不当、采集过程中的操作失误, 以及标本送检过程中的差错。这些环节中的任

何一个环节出现问题,都可能导致最终检验结果的不准确,从而影响诊断和治疗的效果。针对这些问题,医院应加强对检验人员的培训,提升标本采集、处理和运输的标准化操作,以减少不合格标本的产生。

如今,MALDI-TOFMS技术在病原菌的鉴定以及细菌耐药性的检测方面取得了显著的进步,并且展现出了巨大的发展潜力。为了充分利用这一技术,需要不断地进行优化和深入发掘其潜力。各个微生物实验室应当根据自身的特点和需求,建立一套适合自己的MALDI-TOFMS检测体系。这包括规范标本的前处理流程、选择合适的基质等关键步骤,以确保检测结果的准确性和可靠性。通过这些努力,可以显著缩短检测的周转时间,从而为临床提供更为迅速和准确的微生物检测报告,进而指导细菌感染患者的抗生素使用,提高治疗效果。

【参考文献】

[1] Kurutkan MN, Kara O, Eraslan IH. An implementation on the social cost hospital acquired infections[J]. Int J Clin Exp Med, 2015, 8(3):433-445.

[2] Ahmed EB. Bacterial infections, alloimmunity, and transplantation tolerance[J]. Transplant Rev(Orlando), 2021, 25(12):127-135.

[3] Shukla SD. Hypoxia-inducible factor and bacterial infections in chronic obstructive pulmonary disease[J]. Respirology, 2020, 25(11):253-263.

[4] Seemann TL, Nybo M. Continuous quality control of the blood sampling procedure using a structured observation scheme[J]. Biochem Med, 2016, 26(3):337-345.

[5] Lippi G, Becan-McBride K, Behulova D, et al. Preanalytical quality improvement; in quality we trust[J]. Clin Chem Lab Med, 2021, 51(2):229-241.

[6] 王治国, 费阳, 康凤凤, 等. 国家卫生计生委发布临床检验专业15项医疗质量控制指标(2015年版)内容及解读[J]. 中华检验医学杂志, 2015, 38(11):777-781.

[7] Fussen R, Lemmen S. Prevention of transmission of multidrug-resistant bacteria[J]. Internist(Berl), 2015, 56(11):246-254.

[8] Bassetti M, De Waele JJ, Eggimann P, et al. Preventive and therapeutic strategies in critically ill patients with highly resistant bacteria[J]. Intensive Care Med, 2015, 41(5):776-795.

[9] Burillo A, Bouza E. Faster infection diagnostics for intensive care unit (ICU) patients[J]. Expert Rev Mol Diagn, 2022, 22(3):347-360.

[10] Girard V, Monnin V, Girard D, et al. Multicenter evaluation of the VITEK MS matrix-assisted laser desorption/ionization time of flight mass spectrometry system for identification of bacteria, including Brucella, and yeasts[J]. Eur J Clin Microbiol Infect Dis, 2021, 40(9):1909-1917.

[11] 周航, 王飞, 李建萍, 等. 神经外科手术患者医院感染特点与影响因素分析[J]. 中华医院感染学杂志, 2018, 28(19):2969-2972.

[12] 苏祥, 宗呈祥, 王霞, 等. 风险评估体系在不同科室医院感染分类管理中的运用[J]. 中国感染控制杂志, 2022, 21(9):841-852.

[13] 马静, 张晓晓, 周永红, 等. 2018-2022年郑州地区部分三甲医院医院感染监测结果分析[J]. 华南预防医学, 2023, 49(10):1339-1342.

[14] 赵越, 修云霞, 于琦, 等. 临床血液生化检验标本分析过程中影响检测准确性的单因素分析[J]. 中国当代医药, 2019, 26(21):151-154.

[15] 魏红雨. 探讨微生物检验标本不合格原因分析及质量控制对策[J]. 中国医药指南, 2023, 21(13):117-119.

[16] Plebani M. Errors in clinical laboratories or errors in laboratory medicine? [J]. Clin Chem Lab Med, 2016, 44(6):750-759.

【收稿日期】 2024-11-06 【修回日期】 2025-01-29

(上接 470 页)

[4] Hansen-Wester I, Hensel M. Salmonella pathogenicity islands encoding type III secretion systems[J]. Microb Infect, 2001, 3(7):549-559.

[5] Arkenberg A. Mechanisms of anaerobic nitric oxide detoxification by Salmonella enterica serovar typhimurium[D]. University of East Anglia; School of Biological Sciences, 2013.

[6] Addington E. Salmonella typhimurium; Mechanisms of nitric oxide detoxification and regulation of the periplasmic nitrate reductase[D]. University of East Anglia; School of Biological Sciences, 2016.

[7] Bjur E. Virulence of Salmonella enterica serovar typhimurium and innate antibacterial host responses [D]. Department of Microbiology, Tumour and Cell Biology; Karolinska Institutet, 2006.

[8] Newson J. The SseK effector proteins of Salmonella typhimurium target host cell signaling proteins [D]. The University of Melbourne Australia; Department of Microbiology and Immunology, 2019.

[9] Kary SC, Yoneda JRK, Olshefsky SC, et al. The global regulatory cyclic AMP receptor protein (crp) controls multifactorial fluoroquinolone susceptibility in Salmonella enterica serovar typhimurium[J]. Antimicrob Agen Chem, 2017, 61(11):e01666-17.

[10] Singh V. Host factors and compartments accessed by Salmonella typhimurium for intracellular growth and survival [D]. Humboldt-Universität zu Berlin: Lebenswissenschaftliche Fakultät, 2015.

[11] Li M, Wang Z, Zhou M, et al. Continuous production of human epidermal growth factor using Escherichia coli biofilm[J]. Front Microb, 2022, 13:855059.

[12] Cho D, Lau I, Li M, et al. Development of a microtiter plate assay for real time analysis of t7 bacteriophage mediated lysis of Escherichia coli[J]. J Exper Microb Immun, 2017, 21:38-43.

[13] Cranford-Smith T, Jamshad M, Jeeves M, et al. Iron is a ligand of SecA-like metal-binding domains in vivo[J]. J Biol Chem, 2020, 295(21):7516-7528.

[14] Flemming HC, van Hullebusch ED, Neu TR, et al. The biofilm matrix; multitasking in a shared space[J]. Nat Rev Microb, 2023, 21(2):70-86.

[15] Fuentes DN, Calderon PF, Acuña LG, et al. Motility modulation by the small non-coding RNA SroC in Salmonella typhimurium [J]. FEMS Microb Lett, 2015, 362(17):fnn135.

[16] Le Guyon S, Simm R, Rehn M, et al. Dissecting the cyclic diguanylate monophosphate signalling network regulating motility in Salmonella enterica serovar typhimurium [J]. Environ Microbiol, 2015, 17(4):1310-1320.

[17] Cranford-Smith T, Jamshad M, Jeeves M, et al. Iron is a ligand of SecA-like metal-binding domains in vivo[J]. J Biol Chem, 2020, 295(21):7516-7528.

【收稿日期】 2024-11-13 【修回日期】 2025-01-30