

DOI: 10. 12138/j. issn. 1671-9638. 20222955

消毒与感控专题·论著

持续性次氯酸消毒对内镜终末漂洗水的消毒效果

王萍¹, 韩梦鸽², 沈国锋³, 李娜⁴, 张鑫¹, 潘玥玮¹, 史庆丰², 高晓东², 孙伟²

(1. 复旦大学附属中山医院内镜中心, 上海 200032; 2. 复旦大学附属中山医院感染管理科, 上海 200032; 3. 复旦大学附属闵行医院感染管理科, 上海 201199; 4. 复旦大学附属中山医院感染病科, 上海 200032)

[摘要] **目的** 探讨持续性次氯酸灌注对内镜终末漂洗水的消毒效果。**方法** 基线采集内镜终末漂洗水的水样, 进行微生物培养和宏基因组二代测序鉴定。引入微酸性次氯酸水发生器后, 在安装后的特定时间收集水样进行培养和宏基因组二代测序分析。**结果** 安装前共采集水样 27 份, 其中 10 份合格, 合格率为 37.03%。不合格水样可检出放线根瘤菌、嗜麦芽窄食单胞菌、黄色微杆菌、贪铜菌、藤泽甲基杆菌、少动鞘氨醇单胞菌等水源性细菌; 安装后共采集水样 54 份, 均为合格。宏基因组二代测序分析显示, 安装前的样本中可检测出大量皮氏罗尔斯顿菌、耐金属贪铜菌、奥斯陆莫拉菌、日本慢生根瘤菌、水生甲基杆菌、戈登分枝杆菌、新鞘氨醇杆菌等细菌序列, 消毒后主要为宏基因组测序分析常见的背景细菌。**结论** 持续性次氯酸灌注消毒可有效清除水管路中的细菌, 并降低水管路中生物膜的形成, 提升内镜终末漂洗水的质量。

[关键词] 次氯酸; 持续性消毒; 内镜消毒; 宏基因组二代测序; 水源性细菌

[中图分类号] R187+.2

Disinfection effect of persistent hypochlorous acid on final rinsing water for endoscope

WANG Ping¹, HAN Meng-ge², SHEN Guo-feng³, LI Na⁴, ZHANG Xin¹, PAN Yue-wei¹, SHI Qing-feng², GAO Xiao-dong², SUN Wei² (1. Endoscopy Center, Zhongshan Hospital, Fudan University, Shanghai 200032, China; 2. Department of Infection Management, Zhongshan Hospital, Fudan University, Shanghai 200032, China; 3. Department of Infection Management, Minhang Hospital, Fudan University, Shanghai 201199, China; 4. Department of Infectious Diseases, Zhongshan Hospital, Fudan University, Shanghai 200032, China)

[Abstract] **Objective** To discuss the disinfection effect of persistent hypochlorous acid supply to final rinse water for endoscope. **Methods** Water specimens of final rinse water for endoscope were collected at baseline, and identified by microbial culture and metagenomic next-generation sequencing (mNGS). After introducing a slightly acidic hypochlorous acid water generator, water specimens were collected at a specific time after installation for culture and mNGS analysis. **Results** A total of 27 water specimens were collected before installation, and 10 (37.03%) were qualified. Aquatic bacteria such as *Rhizobium radiobacter*, *Stenotrophomonas maltophilia*, *Microbacterium flavum*, *Cupriavidus*, *Methylobacterium fujisawaense* and *Sphingomonas paucimobilis* can be detected in unqualified water specimens, 54 water specimens were collected after installation, and all of them were qualified. mNGS shows that abundant sequences of *Ralstonia Pichia*, *Cupriavidus metallidurans*, *Moraxella osloensis*, *Rhizobium japonicum*, *Aquatic methylbacterium*, *Mycobacterium Gordon* and *Sphingosine neobacterium* could be detected in water specimens before installation, but only background bacteria in mNGS were found after disinfection. **Conclusion** Persistent hypochlorous acid supply can effectively remove bacteria and reduce biofilm formation in water pipeline,

[收稿日期] 2022-05-30

[基金项目] 上海市科研计划项目(19DZ2280100)

[作者简介] 王萍(1962-),女(汉族),江苏省南通市人,副主任护师,主要从事护理管理及内镜感染控制研究。

[通信作者] 孙伟 E-mail: ms1219@126.com

improving the quality of final rinse water for endoscope.

[Key words] hypochlorous acid; persistent disinfection; endoscope disinfection; metagenomic next-generation sequencing; aquatic bacteria

近年来,随着内镜技术的发展及在临床中的广泛应用,软式内镜使用后的清洗和消毒流程越来越受到关注。终末漂洗作为软式内镜清洗、消毒后的最终处理过程,若漂洗水中细菌含量长期过高极易造成消毒流程的失败,并导致内壁生物膜的缓慢形成。为此,《软式内镜清洗消毒技术规范》WS 507—2016^[1]要求软式内镜使用纯化水或无菌水进行终末漂洗,并应保证纯化水细菌总数 ≤ 10 CFU/100 mL。然而,国内研究^[2-3]指出自来水经过纯水制备系统后,水中细菌含量反而增高的现象,在新建内镜中心的水管路中尤为常见^[4]。

上海市三级医疗机构软式内镜终末漂洗尽管已经加装纯化水过滤装置,但终末漂洗水合格率仅为 63.09%,且水管路使用年限越久其合格率越低^[5]。2021 年 11 月,复旦大学附属中山医院内镜中心对消化内镜的终末漂洗水监测发现,纯化水中菌落数明显高于《软式内镜清洗消毒技术规范》WS 507—2016 的要求。为此,复旦大学附属中山医院内镜中心联合医院感染管理科对此进行调查和分析,制定消毒和监测措施,最终使终末漂洗用水符合要求。

1 对象与方法

1.1 调查对象 内镜中心自动清洗设备和手工清洗设备。其中胃镜和肠镜的手工清洗设备、18 台自动清洗设备、终末水管路均为 2017 年 10 月份新改造后投入使用。纯化水制备的机器设在内镜中心独立的处置室,由厂家每半年对纯化水滤膜进行更换,每月使用邻苯二甲醛对水管路进行消毒和水样送检。

1.2 研究方法

1.2.1 采样方法 采集清洗消毒开始前胃镜和肠镜的手工清洗槽、胃镜清洗机和肠镜清洗机的终末漂洗水样,每个采样点采集 100 mL 的水样,采样时间为安装前第 30、15、3 天,安装后第 1、2、4、7、10、14、21、28 天。将收集好的终末漂洗水使用一次性过滤杯富集细菌至底部滤膜。将胃镜手工清洗槽水样本的滤膜装至 50 mL 离心管中,加入 5 mL 无菌水后离心振荡混匀,取其中 1 mL 进行宏基因组二代测序(metagenomics next-generation sequencing, mNGS)。剩余样本的滤膜依据《中华人民共和国药

典(2020 年版)》标准无菌操作转移至 R2A 琼脂培养平板,置于培养箱 35℃ 培养 5 d。

1.2.2 水路的改造和监测 根据首次纯水监测结果,于 2021 年 12 月引入微酸性次氯酸水发生器,向纯化水管路中恒定输出次氯酸,使纯化水中次氯酸终浓度为 10 mg/L。在设备安装后的第 1、2、4、7、10、14、21、28 天按照 1.2 的方法进行采样、培养和鉴定,以及 mNGS 测序分析。

1.2.3 细菌鉴定 使用无菌接种环挑取培养阳性标本中典型、单个菌落涂抹至基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(MALDI-TOF)仪样品检测板上,随后滴加 1 μ L 的 α -氰基-4-羟基肉桂酸溶液覆盖,直至基质液干燥后采用 MALDI-TOF 进行菌种鉴定。以 VITEK MS 置信度 $\geq 99\%$ 的细菌名称作为菌种鉴定结果。

1.2.4 宏基因组测序分析 样本使用玻璃珠混合振荡破壁,随后使用 TIANamp Micro DNA Kit 试剂盒提取样本的 DNA;使用 Agilent 2100 Bioanalyzer 和定量 PCR 法进行 DNA 文库的打断、构建和质控,随后经滚环复制生成 DNB 纳米球,并滴加至测序芯片中。使用 BGISEQ-200 进行测序分析,测序完成后去除低质量和 DNA 片段 < 35 bp 的数据,经专用微生物大数据库比对后生成细菌的种类、相对丰度、严格比对序列数(strict mapping reads number, SMRN),标准化为 1M 序列值(reads per million, RPM)所包含的高质量细菌序列数值等数据。

1.2.5 结果判定 根据《软式内镜清洗消毒技术规范》WS 507—2016^[1]要求将滤膜培养结果 > 10 CFU 判定为水样不合格,其余判定为合格。根据《高通量宏基因组测序技术检测病原微生物的临床应用规范化专家共识 2021》《宏基因组学测序技术在中重症感染中的临床应用专家共识(第一版)》^[6-7]等指南与既往临床分析经验,将 SMRN ≥ 50 的细菌属(或种)纳入数据分析,并将种 SMRN 值 $< RPM$ 值的细菌属(或种)判定为 mNGS 背景细菌,并进行汇总和排序分析。

1.3 统计学方法 收集各样本检出细菌的种类、高质量细菌序列、属 SMRN、种 SMRN。将每个样本的细菌种 SMRN 进行排序,并取前 10 位进行汇总。应用 SPSS 25.0 进行数据的录入和分析,率的比较

采用 Fisher's 确切概率法, $P \leq 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 安装前后水样合格情况 安装前共采集水样 27 份, 其中 10 份合格, 合格率为 37.03%; 安装后共采集水样 54 份, 54 份均合格, 合格率为 100%, 安装前后合格率经 Fisher's 确切概率法比较, 差异有统计学意义 ($P < 0.001$)。见表 1。

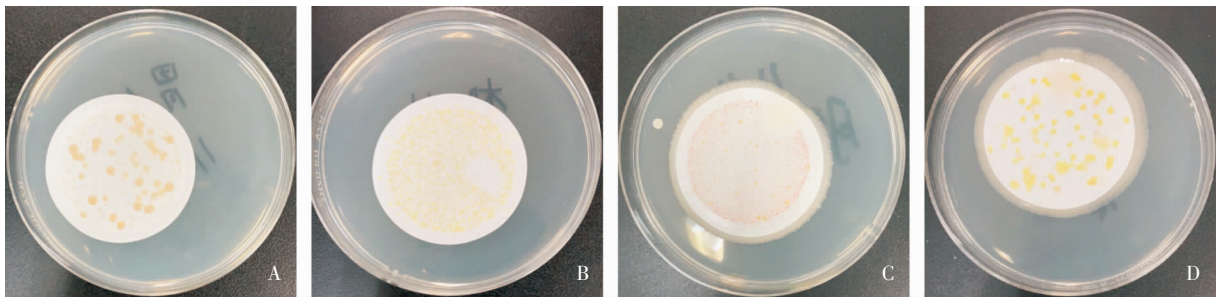
2.2 细菌鉴定结果 17 份不合格水样经 MALDI-TOF 鉴定显示, 10 份检出放线根瘤菌, 5 份检出嗜麦芽窄食单胞菌, 2 份检出黄色微杆菌, 5 份检出贪铜菌, 4 份检出藤泽甲基杆菌, 2 份检出少动鞘氨醇单胞菌。见图 1。

2.3 水样本 mNGS 测序分析 mNGS 测序数据显示, 各样本的测序深度为 1.40~61.90 M, RPM 为 231~3 063。消毒前, 高质量细菌序列平均为 112 291, 消毒后为 23 626; 消毒前, 细菌属 SMRN 平均为 83 791, 消毒后为 11 496; 消毒前, 细菌种 SMRN

平均为 61 274, 消毒后为 8 454。见表 2。

表 1 微酸性次氯酸水发生器安装前后水样合格情况
Table 1 Water specimen qualification before and after installation of slightly acidic hypochlorous acid water generator

编号	采样时间	自动清洗机		手工水槽		合格率 (%)
		采样份数	合格份数	采样份数	合格份数	
1	安装前 30 天	3	1	4	3	57.14
2	安装前 15 天	4	0	6	2	20.00
3	安装前 3 天	4	0	6	4	40.00
4	安装后第 1 天	2	2	1	1	100
5	安装后第 2 天	3	3	4	4	100
6	安装后第 4 天	3	3	4	4	100
7	安装后第 7 天	4	4	3	3	100
8	安装后第 10 天	3	3	5	5	100
9	安装后第 14 天	2	2	3	3	100
10	安装后第 21 天	5	5	3	3	100
11	安装后第 28 天	5	5	4	4	100



注: A 检出嗜麦芽窄食单胞菌和黄色微杆菌; B 检出放线根瘤菌; C 检出贪铜菌和藤泽甲基杆菌; D 检出水生根瘤菌和少动鞘氨醇单胞菌。

图 1 不合格水样的细菌鉴定结果

Figure 1 Bacterial identification results of unqualified water specimens

表 2 11 份水样本的 mNGS 测序结果

Table 2 mNGS sequencing results of 11 water specimens

编号	深度 (M)	高质量细菌序列数	属 SMRN	属数量*	种 SMRN	RPM 值	编号	深度 (M)	高质量细菌序列数	属 SMRN	属数量*	种 SMRN	RPM 值
1	32.57	51 906	48 939	45	32 804	1 593	7	10.08	17 703	2 758	12	2 144	1 756
2	61.90	177 503	109 898	67	79 347	2 867	8	21.04	46 230	10 634	39	7 670	2 196
3	38.18	107 466	92 536	58	71 672	2 814	9	1.40	1 940	729	1	512	1 386
4	11.56	35 409	6 721	27	5 064	3 063	10	18.45	4 260	2 972	21	2 235	231
5	47.41	40 667	38 855	18	30 449	858	11	28.25	12 945	4 899	20	4 477	458
6	17.94	29 823	24 404	37	15 086	1 662							

注: * 表示属 SMRN ≥ 50 。

2.4 水样本中细菌基因多态性分析 将各样本中细菌种 SMRN 进行排序, 并取前 10 位进行汇总。结果显示, 安装前的样本中可检测出大量皮氏罗尔斯顿菌、耐金属贪铜菌、奥斯陆莫拉菌、日本慢生根

瘤菌、水生甲基杆菌、戈登分枝杆菌、新鞘氨醇杆菌等水生细菌。安装后, 所有样本的测序结果为 mNGS 背景菌。见表 3。

表 3 11 份水样本的细菌种 SMRN 排序
Table 3 SMRN sequencing of bacterial species in 11 water specimens

排序	编号 1		编号 2		编号 3		编号 4		编号 5		编号 6	
	细菌种名	种 SMRN	细菌种名	种 SMRN	细菌种名	种 SMRN	细菌种名	种 SMRN	细菌种名	种 SMRN	细菌种名	种 SMRN
1	皮氏罗尔斯顿菌	11 642	日本慢生根瘤菌	23 191	皮氏罗尔斯顿菌	16 164	粪产碱杆菌	80	表皮葡萄球菌	828	腐生葡萄球菌	674
2	约翰逊不动杆菌	7 047	水生甲基杆菌	4 322	耐金属贪铜菌	8 521	罕见无色杆菌	55	洛菲不动杆菌	283	奥斯陆莫拉菌	278
3	耐金属贪铜菌	6 234	戈登分枝杆菌	2 881	奥斯陆莫拉菌	6 616	氢噬胞菌	50	浅绿色气球菌	164	斯氏假单胞菌	270
4	产黑色普雷沃菌	6 223	卟啉杆菌	1 766	草莓黄单胞菌	5 773	纽伦堡潘多拉菌	50	藤黄微球菌	118	琼氏不动杆菌	176
5	痤疮丙酸杆菌	5 144	噬异物鞘脂菌	1 518	约翰逊不动杆菌	4 311	表皮葡萄球菌	44	格氏沙雷菌	110	牙龈卟啉单胞菌	176
6	奥斯陆莫拉菌	3 367	硝化螺旋菌	1 494	产黑色普雷沃菌	2 431	格氏沙雷菌	36	氢噬胞菌	86	巴塞爾贪铜菌	171
7	草莓黄单胞菌	2 871	新鞘氨醇杆菌	840	脱硫化煤菌	1 485	甜瓜鞘氨醇单胞菌	33	粪产碱杆菌	75	少动鞘氨醇单胞菌	166
8	抗性棒杆菌	2 823	亚硝化单胞菌	641	少动鞘氨醇单胞菌	956	约翰逊不动杆菌	32	斯氏假单胞菌	74	奇异劳特罗普菌	161
9	表皮葡萄球菌	2 348	尿气球菌	424	金黄杆菌	905	巴塞爾贪铜菌	29	抗性棒杆菌	71	粪产碱杆菌	156
10	殊异韦荣球菌	1 971	嗜肺军团菌	291	殊异韦荣球菌	856	粪产碱杆菌	80	奥斯陆莫拉菌	56	口腔普雷沃菌	148
排序	编号 7		编号 8		编号 9		编号 10		编号 11			
	细菌种名	种 SMRN	细菌种名	种 SMRN	细菌种名	种 SMRN	细菌种名	种 SMRN	细菌种名	种 SMRN		
1	甜瓜鞘氨醇单胞菌	123	克氏罗氏菌	890	格氏沙雷菌	15	腐生葡萄球菌	208	抗性棒杆菌	322		
2	粪产碱杆菌	92	表皮葡萄球菌	609	巴塞爾贪铜菌	15	斯氏假单胞菌	137	腐生葡萄球菌	244		
3	罕见无色杆菌	73	金色黏液棒杆菌	585	氢噬胞菌	10	约翰逊不动杆菌	114	约翰逊不动杆菌	109		
4	纽伦堡潘多拉菌	59	塞内加尔厌氧球菌	375	表皮葡萄球菌	6	奥斯陆莫拉菌	77	奥斯陆莫拉菌	88		
5	肉桂色迪茨菌	56	藤黄微球菌	201	斯氏假单胞菌	5	粪产碱杆菌	73	斯氏假单胞菌	81		
6	洛菲不动杆菌	51	约翰逊不动杆菌	137	纽伦堡潘多拉菌	5	氢噬胞菌	67	热噬淀粉芽孢杆菌	69		
7	表皮葡萄球菌	43	迪茨菌	127	甜瓜鞘氨醇单胞菌	4	咸海鲜球菌	63	沼泽库克菌	54		
8	巴塞爾贪铜菌	43	马赛放线菌	76	粪产碱杆菌	4	罕见无色杆菌	59	浅绿色气球菌	51		
9	藤黄微球菌	37	具核梭杆菌	37	缺陷短波单胞菌	3	巴塞爾贪铜菌	49	粪产碱杆菌	47		
10	氢噬胞菌	37	产黑色普雷沃菌	29	海床游动微菌	3	口腔普雷沃菌	48	罕见无色杆菌	42		

3 讨论

医疗用水主要来自市政自来供水或二次供水, 停滞的水流和复杂而狭长的供水管道为水源性细菌的繁殖提供了有利条件, 因此, 医疗用水在使用、储存、输送过程中极易受到微生物的污染^[8]。国内外研究^[9-10]表明, 终末漂洗水的合格率仅为 40%~70%, 是造成后续内镜污染的重要原因之一。若终末漂洗水管路长期未消毒, 内镜内壁可形成以奥斯陆莫拉菌、嗜麦芽窄食单胞菌、铜绿假单胞菌、藤黄微球菌等水生类细菌为主的生物膜^[11-12], 给内镜的

消毒和感染预防带来巨大挑战。

本研究 3 次基线采样显示, 终末漂洗水中可鉴定出大量的放线根瘤菌、嗜麦芽窄食单胞菌、黄色微杆菌、贪铜菌、藤泽甲基杆菌、少动鞘氨醇单胞菌等水源性细菌, 总合格率仅为 37.03%。尽管自动清洗机和手工槽的终末漂洗水均来源于内镜中心独立的纯化水处理室, 且该处理室定期进行滤膜更换和水管路消毒, 但 11 份自动清洗机的终末水样仅有 1 份合格, 而 16 份手工清洗槽的水样有 9 份合格。尽管缺乏对水管路中细菌生物膜的鉴定标准, 但结合既往研究^[11]结论以及放线根瘤菌、贪铜菌、藤泽甲基杆菌在多次采集的样本中反复存在, mNGS 高测

序数据也证实此类细菌大量存在,因而推测纯化水制备点至出水口的管路已形成细菌生物膜,并持续性向纯化水管路中播散多种细菌。研究^[13]指出,随水流播散的细菌易造成过滤的膜孔堵塞,导致纯化水在滤过和储存过程发生二次污染。王晓蕾等^[14]对内镜终末漂洗水的连续监测显示,自来水经纯化水系统制备后细菌含量反而增高至 218 CFU/mL。张泉然等^[4]对新建内镜中心的验收发现,尽管制水端的市政自来水、纯水制备位点未检出菌落,但进入内镜手工清洗设备前的水样与纯水箱回水口检出的菌落数较高,表明纯化水的出水管路极易受到污染。

由于细菌生物膜表面通常由多种细菌以及多聚物、蛋白质、核糖类物质所组成的聚合物包围,具有抵抗外界消毒剂的作用,并保护内部细菌结构和功能完整^[12, 15]。史庆丰等^[5]的研究表明含氯消毒剂、过氧乙酸、戊二醛等化学消毒法或臭氧、紫外线等物理消毒法存在作用时间短、浓度不足或穿透力差等问题,无法清除管路中已形成的生物膜。为此,内镜中心于 2021 年 11 月初引入微酸性次氯酸水发生机,向纯化水管路中恒定输出 10 mg/L 的次氯酸,进行持续性化学消毒。安装后的第 1、2、4、7、10、14、21、28 天培养结果显示,所有样本均未培养出细菌,显示该消毒方案的有效性。

本研究同时借助 mNGS 技术对终末漂洗水中细菌进行深度测序分析,结果显示消毒前水样不仅存在耐金属贪铜菌、奥斯陆莫拉菌、日本慢生根瘤菌、水生甲基杆菌、新鞘氨醇杆菌等与培养一致的细菌,同时还鉴定出皮氏罗尔斯顿菌^[16]、戈登分枝杆菌^[17]、约翰逊不动杆菌^[18]等潮湿环境普遍存在,但受培养条件所限而无法鉴定的细菌,显示 mNGS 对由复杂细菌所构成生物膜的鉴定优势。此外,mNGS 在定性识别感染性病原体与优势细菌的构成研究中具有良好的应用效果^[19-21],但对病原体的定量研究较为少见,尤其对同时涉及病原体种类和丰度的研究极为罕见。mNGS 测序分析时,由于背景细菌的存在将影响临床样本以及环境样本的结果解读,前者可依据临床经验和测序数据综合分析而判别,但目前尚缺乏环境样本中目标菌和背景菌的判别标准和检测阈值。本研究经验性将种(属)SMRN>RPM 的细菌考虑为目标细菌,并结合培养结果以及安装前、后细菌种类和丰度的变化而综合分析消毒效果。结果显示,微酸性次氯酸水使用后的第 1 天,水样中高质量细菌序列、细菌属 SMRN、细菌种 SMRN 数值显著降低,各样本种 SMRN 值均未超过相对应的 RPM

值。随后多个时间点所检测的水样培养结果阴性,且种 SMRN 排序前 10 的细菌多为背景细菌,因此推测该持续性消毒法已将水管路中持续存在的生物膜清除,具有良好的实用价值和推广意义。

本研究也存在以下局限:(1)采样时,未对新生成的纯化水添加中和剂,对培养结果具有一定的影响;(2)管路中的细菌生物膜是通过纯化水的细菌培养结果,以及对消毒前、后的 mNGS 数据量变化情况进行间接验证,未能直接对水管路进行采样以及鉴定分析,未来需改进研究方法;(3)mNGS 测序过程不可避免产生背景细菌数据,但国内尚无统一的鉴别标准和排除原则。本研究根据既往临床样本的数据及阴性对照管的细菌数据集,经验性将 SMRN 值过低的细菌且所有样本中频繁出现的细菌判定为背景细菌,该判定方法需进一步验证与评估。

利益冲突:所有作者均声明不存在利益冲突。

[参 考 文 献]

- [1] 刘运喜,邢玉斌,巩玉秀,等. 软式内镜清洗消毒技术规范 WS 507—2016[J]. 中国感染控制杂志, 2017, 16(6): 587-592.
Liu YX, Xing YB, Gong YX, et al. Regulation for cleaning and disinfection technique of flexible endoscope[J]. Chinese Journal of Infection Control, 2017, 16(6): 587-592.
- [2] 周晓红,李晓君,郭健芬,等. 一起胃肠镜终末漂洗水微生物检测超标事件的干预处置报告[J]. 中国消毒学杂志, 2022, 39(3): 239-240.
Zhou XH, Li XJ, Guo JF, et al. An report of exceeding the standard in microbiological detection of final rinsing water for gastrointestinal endoscopy[J]. Chinese Journal of Disinfection, 2022, 39(3): 239-240.
- [3] 曾其莉,江永忠,李艳伟,等. 医疗机构内镜终末漂洗水微生物污染调查与风险分析[J]. 中国消毒学杂志, 2022, 39(3): 203-205, 210.
Zeng QL, Jiang YZ, Li YW, et al. Investigation and risk analysis of microbial contamination of endoscopic final rinse water in medical institution[J]. Chinese Journal of Disinfection, 2022, 39(3): 203-205, 210.
- [4] 张泉然,阎颖,千新玲,等. 新建内镜中心验收时纯水系统染菌情况调查与处置[J]. 中国感染控制杂志, 2021, 20(12): 1114-1118.
Zhang XR, Yan Y, Qian XL, et al. Investigation and disposal of bacterial contamination in pure water system during acceptance of newly built endoscopy center[J]. Chinese Journal of Infection Control, 2021, 20(12): 1114-1118.
- [5] 史庆丰,胡必杰,崔扬文,等. 上海市 30 所三级医疗机构软

- 式内镜终末漂洗水现状调查[J]. 中华医院感染学杂志, 2020, 30(6): 923-926.
- Shi QF, Hu BJ, Cui YW, et al. Current status of final rinse water for flexible endoscopes in 30 tertiary medical institutions of Shanghai[J]. Chinese Journal of Nosocomiology, 2020, 30(6): 923-926.
- [6] 中华医学会检验医学分会. 高通量宏基因组测序技术检测病原微生物的临床应用规范化专家共识[J]. 中华检验医学杂志, 2020, 43(12): 1181-1195.
- Chinese Society of Laboratory Medicine. Expert consensus on clinical standardized application of metagenomics next-generation sequencing for detection of pathogenic microorganisms[J]. Chinese Journal of Laboratory Medicine, 2020, 43(12): 1181-1195.
- [7] 宏基因组学测序技术在中重症感染中的临床应用共识专家组, 中国研究型医院学会脓毒症与休克专业委员会, 中国微生物学会微生物毒素专业委员会, 等. 宏基因组学测序技术在中重症感染中的临床应用专家共识(第一版)[J]. 中华危重病急救医学, 2020, 32(5): 531-536.
- Consensus Expert Group on Clinical Application of Metagenomics Sequencing Technology in Moderate and Severe Infections, Sepsis and Shock Professional Committee of Chinese Research Hospital Association, Microbial Toxin Committee of Chinese society of Microbiology, et al. Expert consensus for the application of metagenomic next generation sequencing in the pathogen diagnosis in clinical moderate and severe infections (first edition)[J]. Chinese Critical Care Medicine, 2020, 32(5): 531-536.
- [8] Zhao L, Liu YW, Li N, et al. Response of bacterial regrowth, abundant and rare bacteria and potential pathogens to secondary chlorination in secondary water supply system[J]. Sci Total Environ, 2020, 719: 137499.
- [9] Ofstead CL, Heymann OL, Quick MR, et al. Residual moisture and waterborne pathogens inside flexible endoscopes: Evidence from a multisite study of endoscope drying effectiveness [J]. Am J Infect Control, 2018, 46(6): 689-696.
- [10] Marek A, Smith A, Peat M, et al. Endoscopy supply water and final rinse testing: five years of experience[J]. J Hosp Infect, 2014, 88(4): 207-212.
- [11] 王萍, 鲍容, 史庆丰, 等. 某综合医院消化内镜生物膜形成现状及影响因素分析[J]. 华西医学, 2021, 36(3): 348-352.
- Wang P, Bao R, Shi QF, et al. Analysis of current situation and influencing factors of biofilm formation of digestive endoscopy in a general hospital[J]. West China Medical Journal, 2021, 36(3): 348-352.
- [12] Neves MS, da Silva MG, Ventura GM, et al. Effectiveness of current disinfection procedures against biofilm on contaminated GI endoscopes[J]. Gastrointest Endosc, 2016, 83(5): 944-953.
- [13] Khalsa K, Smith A, Morrison P, et al. Contamination of a purified water system by *Aspergillus fumigatus* in a new endoscopy reprocessing unit[J]. Am J Infect Control, 2014, 42(12): 1337-1339.
- [14] 王晓蕾, 范晶晶, 沈益鸣, 等. 某医院集中式纯水供应系统微生物污染情况和消毒效果调查[J]. 中国消毒学杂志, 2019, 36(12): 913-915.
- Wang XL, Fan JJ, Shen YM, et al. Investigation on microbial contamination and disinfection effect of centralized pure water supply system in a hospital[J]. Chinese Journal of Disinfection, 2019, 36(12): 913-915.
- [15] Wolf-Baca M, Piekarska K. Biodiversity of organisms inhabiting the water supply network of Wrocław. Detection of pathogenic organisms constituting a threat for drinking water recipients[J]. Sci Total Environ, 2020, 715: 136732.
- [16] Pérez Lazo G, Silva Caso W, Morales Moreno A, et al. Bacteremia due to *Ralstonia mannitolilytica*: a report of the first case in Peru[J]. Medwave, 2021, 21(4): e8200.
- [17] Ustinova V, Smirnova T, Blagodatskikh K, et al. First draft genome sequence of a *Mycobacterium gordonae* clinical isolate [J]. Genome Announc, 2016, 4(3): e00638-16.
- [18] Wang XY, Xie J. Comparison of physicochemical changes and water migration of *Acinetobacter johnsonii*, *Shewanella putrefaciens*, and cocultures from spoiled bigeye tuna (*Thunnus obesus*) during cold storage[J]. Front Microbiol, 2021, 12: 727333.
- [19] Miao Q, Ma YY, Wang QQ, et al. Microbiological diagnostic performance of metagenomic next-generation sequencing when applied to clinical practice[J]. Clin Infect Dis, 2018, 67(Suppl 2): S231-S240.
- [20] 金文婷, 李娜, 周晓岗, 等. 宏基因二代测序技术对脊柱感染病原学诊断的价值[J]. 中国临床医学, 2020, 27(4): 567-571.
- Jin WT, Li N, Zhou XG, et al. Etiological diagnostic value of metagenomic next-generation sequencing in spinal infection [J]. Chinese Journal of Clinical Medicine, 2020, 27(4): 567-571.
- [21] 李冰, 缪青, 金文婷, 等. 宏基因二代测序技术对厌氧菌感染精准化诊断的临床价值[J]. 中华医院感染学杂志, 2019, 29(13): 1927-1930, 1953.
- Li B, Miao Q, Jin WT, et al. Clinical value of metagenomic next-generation sequencing in precise diagnosis of anaerobic bacteria infection [J]. Chinese Journal of Nosocomiology, 2019, 29(13): 1927-1930, 1953.

(本文编辑:陈玉华)

本文引用格式:王萍, 韩梦鸽, 沈国锋, 等. 持续性次氯酸消毒对内镜终末漂洗水的消毒效果[J]. 中国感染控制杂志, 2022, 21(7): 617-622. DOI: 10.12138/j.issn.1671-9638.20222955.

Cite this article as: WANG Ping, HAN Meng-ge, SHEN Guo-feng, et al. Disinfection effect of persistent hypochlorous acid on final rinsing water for endoscope[J]. Chin J Infect Control, 2022, 21(7): 617-622. DOI: 10.12138/j.issn.1671-9638.20222955.