

DOI: 10. 12138/j. issn. 1671-9638. 20233446

· 论 著 ·

纹带棒状杆菌的特征分析及耐药基因检测

吴泉明¹, 吴绍莲², 李 宁², 吴长生², 陈 渝², 沈秀卿², 陈发林^{1,2}, 陈东杰²

(福建省立医院 1. 福建省临床检验中心; 2. 检验科, 福建 福州 350001)

[摘要] **目的** 为临床治疗纹带棒状杆菌合理用药和防止其医院内传播提供参考。**方法** 收集福建省某医院临床分离的 49 株纹带棒状杆菌, 对其临床资料进行分析, 检测 12 种药物的药敏试验结果和 7 种耐药基因携带情况。**结果** 49 株纹带棒状杆菌的标本来源以痰最多(63.27%), 其次为尿(16.33%); 患者主要分布于重症医学科(36.73%)、干部特诊科(26.53%)和神经科(16.33%)。该菌对头孢曲松、红霉素、环丙沙星的耐药率均为 100%, 对青霉素、克林霉素、美罗培南的耐药率分别为 95.92%、95.92%、93.88%; 对庆大霉素、利福平的耐药率较低, 分别为 12.24%、8.16%, 未检出对利奈唑胺、万古霉素耐药的菌株。*ermX* 基因、*tetL* 基因的阳性率均为 100%, *tetW* 基因的阳性率为 69.39%, *aph(3'')*-*Ib* 基因、*aac(6')*-*Ib* 基因的阳性率分别为 18.37%、6.12%, 未检出 *aadA* 基因和 *bla_{IMP}* 基因。**结论** 纹带棒状杆菌主要引起免疫力低下人群和老年患者的呼吸道、泌尿道感染。该菌耐药严重, 但对庆大霉素、利福平、利奈唑胺、万古霉素耐药率较低, 可用于该菌所致感染的治疗。

[关键词] 纹带棒状杆菌; 临床特征; 药敏试验; 耐药基因

[中图分类号] R181.3⁺2 R378

Characteristics and antimicrobial resistance gene detection of *Corynebacterium striatum*

WU Quan-ming¹, WU Shao-lian², LI Ning², WU Chang-sheng², CHEN Yu², SHEN Xiu-qing², CHEN Fa-lin^{1,2}, CHEN Dong-jie² (1. Fujian Provincial Center for Clinical Laboratory; 2. Department of Laboratory Medicine, Fujian Provincial Hospital, Fuzhou 350001, China)

[Abstract] **Objective** To provide reference for the rational antimicrobial use for the clinical treatment of *Corynebacterium striatum* (*C. striatum*) infection and prevent its nosocomial transmission. **Methods** 49 strains of clinically isolated *C. striatum* from a hospital were collected. Clinical data analysis, antimicrobial susceptibility test of 12 antimicrobial agents and detection of carriage of 7 antimicrobial-resistant genes were performed. **Results** The specimen sources of the 49 *C. striatum* strains were mostly sputum (63.27%), followed by urine (16.33%). Patients were mainly distributed in the intensive care unit (36.73%), cadre-special clinics (26.53%) and neurology department (16.33%). The resistance rates of *C. striatum* to ceftriaxone, erythromycin and ciprofloxacin were all 100%, while the resistance rates to penicillin, clindamycin and meropenem were 95.92%, 95.92% and 93.88%, respectively. The resistance rates to gentamicin and rifampicin were both low, which were 12.24% and 8.16%, respectively. No strains were resistant to linezolid or vancomycin. The positive rates of the *ermX* gene and *tetL* gene were both 100%, while the positive rates of *tetW* gene, *aph(3'')*-*Ib* gene and *aac(6')*-*Ib* gene were 69.39%, 18.37% and 6.12%, respectively. No strains carrying *aadA* gene and *bla_{IMP}* gene were detected. **Conclusion** *C. striatum* mainly causes respiratory and urinary tract infections in immunocompromised individuals and elderly patients. Antimicrobial resistance of *C. striatum* is serious, but the resistance rates to gentamicin, rifampicin, linezolid and vancomycin are low, which can be used for the treatment of infections caused by *C. striatum*.

[收稿日期] 2022-10-08

[基金项目] 福建省自然科学基金项目(2020J05258)

[作者简介] 吴泉明(1974-),男(汉族),福建省南安市人,副主任技师,主要从事临床微生物检验与质量控制、细菌和真菌耐药监测。

[通信作者] 陈东杰 E-mail: cdj.2009@163.com

[Key words] *Corynebacterium striatum*; clinical characteristics; antimicrobial susceptibility test; antimicrobial resistance gene

纹带棒状杆菌(*Corynebacterium striatum*)是一种革兰阳性需氧无芽孢杆菌,与干燥棒状杆菌、溃疡棒状杆菌、假白喉棒状杆菌等统称为类白喉棒状杆菌,常定植在人类鼻腔、口腔黏膜和皮肤等部位。纹带棒状杆菌曾长期被认为是人体正常微生物群的一部分,但近年来发现其为一种条件致病菌,可引起免疫力低下或接受侵入性治疗人群的感染。纹带棒状杆菌不仅可引起皮肤、软组织感染,还可以引起呼吸道、泌尿道感染和伤口感染,甚至引起严重的败血症、骨髓炎、心内膜炎和脑膜炎等疾病,单纯的菌血症或人工瓣膜相关心内膜炎数量远超其他部位的感染,是其感染的主要类型^[1-4]。随着相关研究的深入和微生物检测技术的进步,纹带棒状杆菌的检出率越来越高,其他部位的感染亦有报道。广谱抗菌药物的滥用,介入性医疗设备的使用,以及患者长期住院等因素可导致纹带棒状杆菌医院感染的暴发^[5-6]。此外,纹带棒状杆菌的耐药率不断增长,耐药问题日益严峻。由于纹带棒状杆菌耐药严重而导致的临床抗菌药物治疗失败和病程迁延,可能产生严重的公共卫生问题^[7]。分析纹带棒状杆菌感染的临床特征,可为避免医院感染提供参考,而分析其耐药情况、检测耐药基因可为控制该菌耐药性增长提供依据。本文对福建省某医院住院患者临床标本中分离的 49 株纹带棒状杆菌进行特征分析和耐药基因检测,可为该院和福建地区该菌所致疾病的治疗提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验仪器和材料

1.1.1 试验仪器 LightCycler480 实时荧光定量 PCR 仪(瑞士罗氏公司),VITEK-MS 质谱鉴定仪(法国生物梅里埃公司),电泳仪,温箱。

1.1.2 试验材料 哥伦比亚血琼脂平板(郑州贝瑞特公司);纹带棒状杆菌药敏板(温州康泰生物科技有限公司),产品编号 DZ1174,药物的浓度范围分别为:青霉素 0.125~32 $\mu\text{g}/\text{mL}$,庆大霉素 0.5~128 $\mu\text{g}/\text{mL}$,利福平 0.125~32 $\mu\text{g}/\text{mL}$,头孢曲松 0.25~32 $\mu\text{g}/\text{mL}$,美罗培南 0.064~8 $\mu\text{g}/\text{mL}$,红霉素 0.25~32 $\mu\text{g}/\text{mL}$,环丙沙星 0.25~32 $\mu\text{g}/\text{mL}$,四环素 0.25~32 $\mu\text{g}/\text{mL}$,克林霉素 0.25~32 $\mu\text{g}/\text{mL}$,复方磺胺甲噁唑 0.5~32 $\mu\text{g}/\text{mL}$,利奈唑胺 0.125

~4 $\mu\text{g}/\text{mL}$,万古霉素 0.125~4 $\mu\text{g}/\text{mL}$;北京康为世纪生物科技有限公司生产的 Bacteria Genomic DNA Kit、UltraSYBR Mixture(Low ROX)、100 bp Ladder、6 \times SuperStain Loading Buffer。

1.2 试验方法

1.2.1 菌株来源及鉴定 收集 2020 年 8 月—2021 年 3 月福建某医院住院患者各类临床标本分离的纹带棒状杆菌非重复株 50 株,编号“W1~W50”。按《全国临床检验操作规程(第 4 版)》^[8]要求进行细菌培养,取单个菌落经 VITEK-MS 质谱仪鉴定菌种。

1.2.2 临床资料分析 通过该院检验科微生物检验信息系统(LIS 系统)收集 W1~W50 号菌株感染患者的相关临床资料并使用 Excel 软件进行统计分析。

1.2.3 药敏试验 复苏保存于 -70 $^{\circ}\text{C}$ 的菌株,在羊血琼脂平板上培养并转种到第二代进行药敏试验。药敏方法采用微量肉汤稀释法,按药敏板说明书检测不同药物对 49 株纹带棒状杆菌的最低抑菌浓度(MIC)。菌悬液为 0.5 麦氏单位,与液体培养基按 1:200 的比例稀释后每孔加入 100 μL ,35 $^{\circ}\text{C}$ 大气环境孵育 24~48 h 后判读结果。孔内培养液澄清表示未生长,培养液变浑浊或显色则表示生长。在检测菌生长良好的前提下,由低浓度向高浓度观察,不生长孔指示的最低药物浓度即为 MIC。药物敏感度判读标准参照美国临床实验室标准化协会(CLSI)M45-ED3^[9]。

1.2.4 耐药基因检测

1.2.4.1 菌株 DNA 提取 取细菌培养物悬液 1~5 mL($10^6\sim 10^8$ 个细菌,不超过 2×10^9 个)于离心管中,13 400 g 离心 1 min,弃上清后加入 180 μL Enzymatic Lysis Buffer 重悬菌体,37 $^{\circ}\text{C}$ 孵育 30 min;加入 20 μL Proteinase K,震荡混匀后加入 200 μL Buffer GL,震荡混匀,56 $^{\circ}\text{C}$ 孵育 30 min。

加入 200 μL 无水乙醇震荡混匀,将所得溶液(包括形成的沉淀)加入已装入收集管的吸附柱(Spin Columns DM),13 400 g 离心 1 min,弃收集管废液,将吸附柱重新放回收集管中;吸附柱中加入 500 μL Buffer GW1(使用前检查是否已加入无水乙醇),13 400 g 离心 1 min,弃收集管废液后放回;向吸附柱中加入 500 μL Buffer GW2(使用前检查是否已加入无水乙醇),13 400 g 离心 1 min,弃收集管废液后放回。13 400 g 离心 2 min,弃收集管中废液,

将吸附柱置于室温数分钟彻底晾干。将吸附柱置于新离心管中,向柱中间部位悬空加入 50~200 μL Buffer GE,室温放置 2~5 min,13 400 g 离心 1 min,收集 DNA 溶液, -20 $^{\circ}\text{C}$ 保存。

1.2.4.2 荧光定量 PCR(qPCR)扩增 25 μL 反应体系:SYBR Mixture 12.5 μL , ddH₂O 10.5 μL , cDNA

1.0 μL , 正向引物 0.5 μL , 反向引物 0.5 μL 。引物序列见表 1。两步法扩增循环程序:预变性 95 $^{\circ}\text{C}$ 10 min;变性 95 $^{\circ}\text{C}$ 15 s;退火(延伸)60 $^{\circ}\text{C}$ 60 s,40 个循环。熔解曲线 60~95 $^{\circ}\text{C}$,每 5 s 采集一次荧光。扩增产物于 -20 $^{\circ}\text{C}$ 冰箱保存。

表 1 耐药基因引物序列及扩增产物大小

Table 1 Primer sequences and amplification product sizes of antimicrobial resistance genes

耐药基因	正向引物(5'→3')	反向引物(5'→3')	产物长度(bp)	参考文献
<i>tetW</i>	GAGAACCAATCAGCCGGGAA	GGTCCTCACGCCACCTTTTA	520	[10]
<i>ermX</i>	AACCATGATTGTGTTTCTGAACG	ACCAGGAAGCGGTGCCCT	430	[11]
<i>aph(3'')-Ib</i>	CTTGGTGATAACGGCAATTC	CCAATCGCAGATAGAAGGC	420	[12]
<i>tetL</i>	ATGTTTTGCAGCGCAGTGTT	CACCTACATCTCGTGGACCG	392	[10]
<i>bla_{IMP}</i>	GGAATAGAGTGGCTTAAATC	TCGGTTTAAAYAAAACAACCACC	474	[13]
<i>aadA</i>	TGGTTTGTGCTGTCGCTTTG	ATCAAAGAGTTCCTCCGCCG	436	[10]
<i>aac(6')-Ib</i>	TTGCGATGCTCTATGAGTGGCTA	CTCGAATGCCTGGCGTGTTC	493	[12]

1.2.4.3 扩增产物电泳 配制 2.0% 琼脂糖凝胶,电泳槽中添加 1×TAE 电泳缓冲液至没过胶板 1~2 mm。点样板上混合 PCR 扩增产物(5 μL)和 6×SuperStain Loading Buffer(1.0 μL)作为样本,分别将样本、DNA Marker 及阴性对照加入样本槽后电泳,稳压模式 120 V,电泳 40 min。采用全自动紫外与可见光分析装置拍照保存。

1.2.4.4 测序 阳性产物送测序公司进行测序,结果行 Blast 比对。

2 结果

2.1 临床资料分析

2.1.1 标本来源 临床共收集非重复纹带棒状杆菌 50 株,其中,W47 号菌株复苏培养后在血平板上的菌落不是纹带棒状杆菌,经鉴定证实后舍弃。余 49 株菌中,痰 31 株(63.27%),尿 8 株(16.33%),支气管分泌物 4 株(8.16%),血 3 株(6.12%),胸腔积液、切口分泌物、切口引流液各 1 株(各占 2.04%),来自呼吸道标本的菌株数量远超其他部位的标本。

2.1.2 患者年龄分布 49 株纹带棒状杆菌中,标本来源患者 59 岁以下 4 株(8.16%),≥60 岁的 45 株(91.84%)。其中,35 岁 1 株,50~59 岁 3 株,60~69 岁 8 株,70~79 岁 9 株,80~89 岁 16 株,90~97 岁 12 株。

2.1.3 标本科室来源 标本来自 11 个临床科室,其中,重症医学科(ICU)18 株(36.73%),干部特诊

科 13 株(26.53%),神经科 8 株(16.33%),呼吸科 3 株(6.12%),消化科、血液科、急诊内科、胸外科、肿瘤内科、全科医学科、整形烧伤科各 1 株(各占 2.04%)。

2.2 药敏试验结果 纹带棒状杆菌对青霉素、头孢曲松、美罗培南、红霉素、环丙沙星、克林霉素的耐药形势较为严峻。其中,对头孢曲松、红霉素、环丙沙星的耐药率达 100%,对庆大霉素、利福平的耐药率较低,分别为 8.16%、12.24%,未发现对利奈唑胺或万古霉素耐药的菌株。见表 2。

表 2 49 株纹带棒状杆菌的药敏试验结果

Table 2 Antimicrobial susceptibility test results of 49 *C. striatum* strains

抗菌药物	株数			耐药率(%)
	敏感	中介	耐药	
青霉素	0	2	47	95.92
头孢曲松	0	0	49	100
美罗培南	2	1	46	93.88
庆大霉素	41	2	6	12.24
万古霉素	49	-	-	0
利奈唑胺	49	-	-	0
四环素	11	3	35	71.43
红霉素	0	0	49	100
克林霉素	0	2	47	95.92
环丙沙星	0	0	49	100
复方磺胺甲噁唑	23	-	26	53.06
利福平	45	0	4	8.16

注:-表示数据不存在。

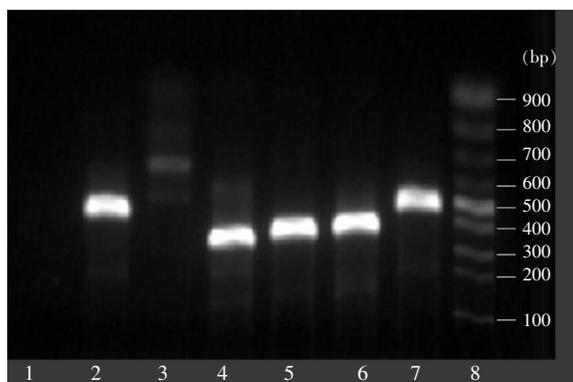
2.3 耐药基因检测结果

2.3.1 qPCR 扩增及产物电泳结果 通过 qPCR 扩增,49 株纹带棒状杆菌均检出 *tetL*、*ermX* 基因,69.39% 检出 *tetW* 基因, *aph(3'')*-Ib、*aac(6')*-Ib 基因检出率低(<20%),未检出 *bla_{IMP}*、*aadA* 基因,见表 3。其中 *aadA* 基因 Ct 值均在 30~33 之间,需进一步验证。扩增产物电泳结果显示:*tetW*、*ermX*、*aph(3'')*-Ib、*tetL*、*aac(6')*-Ib 基因条带明显,均为阳性;*aadA* 基因无明显条带,需测序验证。见图 1。

表 3 49 株纹带棒状杆菌耐药基因检测结果

Table 3 Detection results of antimicrobial resistance genes of 49 *C. striatum* strains

基因	阳性菌株数	阳性率(%)
<i>tetL</i>	49	100
<i>ermX</i>	49	100
<i>tetW</i>	34	69.39
<i>aph(3'')</i> -Ib	9	18.37
<i>aac(6')</i> -Ib	3	6.12
<i>bla_{IMP}</i>	0	0
<i>aadA</i>	0	0



注:1 为阴性对照;2 为 *aac(6')*-Ib;3 为 *aadA*;4 为 *tetL*;5 为 *aph(3'')*-Ib;6 为 *ermX*;7 为 *tetW*;8 为 Marker。

图 1 qPCR 扩增阳性产物电泳图谱

Figure 1 Electrophoresis map of positive qPCR products

2.3.2 基因测序结果 *tetW*、*ermX*、*aph(3'')*-Ib、*tetL*、*aac(6')*-Ib 基因扩增产物序列分别与 Blast 标准序列比对后均完全一致。测序未检测到 *aadA* 基因扩增产物的序列。

3 讨论

棒状杆菌属革兰阳性杆菌,临床常见,种类多

样,主要包括纹带棒状杆菌、白喉棒状杆菌、溃疡棒状杆菌、假白喉棒状杆菌、干燥棒状杆菌等。纹带棒状杆菌曾被认为对人体不致病,是正常菌群的一部分,但近年来在各类临床标本中检出率越来越高,引起的感染越来越常见,目前已将其归为条件致病菌,尤其容易感染免疫力较低或者伴有严重基础疾病的老年患者^[14]。

从标本类型上看,纹带棒状杆菌多来自于痰标本,但不同研究中痰标本所占比例不同:王雪冰等^[7]纳入研究的 197 株纹带棒状杆菌中,188 株来自痰标本,比率高达 95.43%;赵智凝等^[10]收集的 42 株菌中有 35 株(83.33%)来自下呼吸道;而陈万贞等^[15]报道 74 株纹带棒状杆菌分离自痰的仅 33 株(44.59%),差异较为明显。本研究 49 株纹带棒状杆菌中,来自痰、支气管分泌物等呼吸道标本共 35 株,占 71.43%,远超其他部位标本,说明该菌主要感染呼吸道上皮细胞。从患者年龄上看,60 岁以上老年患者远多于其他年龄段的患者。陈万贞等^[15]的研究显示,60 岁以上老人 49 例,占 66.20%;赵智凝等^[10]研究发现,患者年龄为 36~89 岁,平均 65 岁。本研究中,91.84% 的菌株分离自 ≥60 岁的患者,与前述研究基本一致,证实该菌主要感染免疫力较弱的老年人群。从科室分布上看,多数研究^[7,10,15-16]显示,来自 ICU 和老年病科的标本居多。该院的情况与此相仿,来自 ICU 的标本最多,其次是干部特诊科,两者共计 63.27%,再加上神经科的 16.33%,接近 80%。ICU 患者免疫力普遍较弱,干部特诊病房多是离退休干部,年龄均较大。年迈患者包括免疫功能在内的整体机能较差,往往同时患有基础疾病,作为条件致病菌的纹带棒状杆菌更容易感染此类人群。本研究中大部分患者均存在深部感染等严重基础疾病,符合条件致病菌感染的临床特征。

本研究发现,纹带棒状杆菌对临床常用的多种抗菌药物耐药严重,对青霉素、头孢曲松、美罗培南、红霉素、环丙沙星、克林霉素的耐药率均 >90%,对四环素、复方磺胺甲噁唑的耐药率均 >50%,其中,对头孢曲松、红霉素、环丙沙星的耐药率达到 100%;对庆大霉素、利福平的耐药率相对较低,均 <15%,未检出对利奈唑胺或万古霉素耐药的菌株,该结果与国内大多数研究类似。不同省份的研究^[7,10,15-17]显示,纹带棒状杆菌对青霉素、头孢曲松、美罗培南等 β-内酰胺类抗生素及环丙沙星、克林霉素的耐药率极高,多数 >80%;对四环素的耐药情况亦较一致;均未发现万古霉素耐药的菌株;但不同研究中纹带棒状杆

菌对庆大霉素、红霉素、利福平、利奈唑胺的耐药情况有所不同,可能与该菌的基因组多样性有关。虽然纹带棒状杆菌对庆大霉素、利福平耐药性较低,但临床使用时药物有效率并非 100%,联合用药可能会有更好的治疗效果。国外已有报道^[18]采用利福平与阿莫西林联合用药取得了较好的抗感染效果。和其他革兰阳性菌一样,利奈唑胺和万古霉素可能成为治疗纹带棒状杆菌的最后手段。

菌株耐药性与耐药基因密切相关。纹带棒状杆菌耐药基因中,核糖体甲基化酶(*ermX*)基因的相关研究较多,被认为与红霉素等大环内酯类药物的耐药性有关。本研究菌株中,*ermX* 基因的阳性率为 100%,对红霉素的耐药率亦为 100%,两者相符。王雪冰等^[7]的研究中,对红霉素及克林霉素耐药的菌株 *ermX* 基因的阳性率高达 88.3%,也较为一致。曹俊敏等^[19]发现纹带棒状杆菌对大环内酯类和四环素类抗生素耐药是由于菌体携带 *ermX*、*tetW* 基因。李科^[20]进一步证实了携带 *ermX* 是多重耐药纹带棒状杆菌对红霉素耐药的主要原因,即红霉素因无法作用于被甲基化的核糖体蛋白而降低了药物作用。对其他大环内酯类、林可酰胺类和链阳菌素 B 交叉耐药(MLS_B)也与此机制有关。

对克林霉素和多西环素耐药的菌株中必然检测到 *tetL* 基因^[7]。*tetL* 基因和 *tetW* 基因均属于 Mosaic 四环素耐药基因^[21],二者控制着四环素耐药相关蛋白的表达。本研究中,这两个基因的阳性率差异较大:49 株菌 *tetL* 基因阳性,阳性率为 100%;34 株 *tetW* 基因阳性,阳性率仅为 69.39%。在对四环素耐药的 35 株纹带棒状杆菌中,34 株携带 *tetW* 基因,阳性率为 97.14%;35 株携带 *tetL* 基因,阳性率为 100%。但对四环素敏感的菌株亦全部携带 *tetL* 基因,仅有 1 株携带 *tetW* 基因,阳性率为 6.67%。因此,判断纹带棒状杆菌对四环素耐药性时,*tetW* 基因比 *tetL* 基因特异性更高。Mosaic 四环素耐药基因包括 *tetO*、*tetW*、*tet32*、*tetM*、*tetS* 等,本研究中 1 株未检测出 *tetW* 基因的菌株可能由于携带其他种类的 Mosaic 四环素耐药基因而对四环素耐药。

aph(3'')-Ib、*aac(6')*-Ib 和 *aadA* 基因是氨基糖苷类药物的耐药基因^[13]。本研究中,*aph(3'')*-Ib 的阳性率为 18.37%,庆大霉素耐药率为 12.24%,然而,对庆大霉素耐药的 6 株菌却均未检测到 *aph(3'')*-Ib 基因,仅 1 株检测到了 *aac(6')*-Ib 基因,49 株纹带棒状杆菌均未检出 *aadA* 基因,耐药基因检出情况与耐药性不一致。王雪冰等^[7]的研究中,庆大

霉素耐药菌株 *aph(3'')*-Ib 基因的检出率为 89.3%,*aac(6')*-Ib、*aadA* 基因的检出率分别是 57.3%、4.0%^[7],可见不同地区、不同研究中耐药基因的检出率存在较大差别。

携带 *bla_{IMP}* 基因的菌株可水解青霉素类、头孢菌素类、碳青霉烯类抗生素,但主要存在于革兰阴性菌^[11]。本研究 *bla_{IMP}* 基因阳性率为 0,49 株纹带棒状杆菌均不含此耐药基因。

综上所述,深入掌握纹带棒状杆菌的临床特征,了解其耐药情况,并检测相关耐药基因,对预防和控制纹带棒状杆菌的医院感染,以及遏制该菌耐药性的增长具有重要意义。鉴于目前国内外尚未形成针对纹带棒状杆菌感染治疗的共识,本研究可为该院和福建地区纹带棒状杆菌所致疾病的治疗提供有益参考。

利益冲突:所有作者均声明不存在利益冲突。

[参 考 文 献]

- [1] Savini V, Gherardi G, Favaro M, et al. About a bloodstream *Corynebacterium striatum* isolate[J]. Folia Microbiol (Praha), 2013, 58(6): 451–453.
- [2] McMullen AR, Anderson N, Wallace MA, et al. When good bugs go bad: epidemiology and antimicrobial resistance profiles of *Corynebacterium striatum*, an emerging multidrug-resistant, opportunistic pathogen[J]. Antimicrob Agents Chemother, 2017, 61(11): e01111–17.
- [3] Ishiwada N, Watanabe M, Murata S, et al. Clinical and bacteriological analyses of bacteremia due to *Corynebacterium striatum*[J]. J Infect Chemother, 2016, 22(12): 790–793.
- [4] Shariff M, Aditi A, Beri K. *Corynebacterium striatum*: an emerging respiratory pathogen[J]. J Infect Dev Ctries, 2018, 12(7): 581–586.
- [5] Verroken A, Bauraing C, Deplano A, et al. Epidemiological investigation of a nosocomial outbreak of multidrug-resistant *Corynebacterium striatum* at one Belgian university hospital [J]. Clin Microbiol Infect, 2014, 20(1): 44–50.
- [6] Wang XB, Zhou HJ, Chen DK, et al. Whole-genome sequencing reveals a prolonged and persistent intrahospital transmission of *Corynebacterium striatum*, an emerging multidrug-resistant pathogen[J]. J Clin Microbiol, 2019, 57(9): e00683–19.
- [7] 王雪冰, 陈东科, 董爱英, 等. 纹带棒状杆菌临床分离株分子分型和耐药性分析[J]. 中国抗生素杂志, 2019, 44(4): 471–477.
Wang XB, Chen DK, Dong AY, et al. Molecular typing and drug resistance analysis on *Corynebacterium striatum* isolated

