DOI:10.12138/j.issn.1671－9638.20263393

·论著·

ICU 耳念珠菌阳性患者环境追踪监测与时空关联分析

朱春梅[1,2]，康秀华[1]，刘 静[1]，涂嘉欣[1]，曾令兵[3]，刘珉玉[1]
（1. 南昌大学第一附属医院感染控制中心，江西 南昌 330002；2. 中日友好医院江西医院，江西 南昌 330052；3. 南昌大学第一附属医院检验中心，江西 南昌 330002）

［摘 要］ **目的** 探讨重症监护病房（ICU）耳念珠菌阳性患者的分布特征、环境传播规律及检测方法效能，为制定针对性防控策略提供依据。**方法** 对 2025 年 1 月—2026 年 3 月某院 ICU 及神经外科 ICU 确诊的 6 例（P1～P6）耳念珠菌阳性患者开展临床追踪，同时对患者周边的环境物体表面和接触的医务工作者进行扩大筛查。采集标本进行真菌培养，其中 39 份采用实时荧光定量聚合酶链式反应（PCR）法进行检测，并对结果进行比较分析。**结果** 6 例患者均为男性，年龄中位数为 72.5 岁（范围 56～95 岁）。5 例来自 ICU，1 例来自神经外科 ICU。死亡 3 例，好转 1 例，自动出院 2 例。流行病学调查显示，ICU 5 例患者在时间（2025 年 1 月—2026 年 2 月）和空间上存在明显聚集和暴露关联。其中，P4 与 P5 曾先后入住同一床位（5 床），提示该床位环境持续污染可能是主要传播媒介。环境及人员筛查发现，医疗设备设施阳性率最高（19.6%），其次为床单元设施（19.4%）。39 份同步检测的标本中，PCR 法阳性检出率（33.3%）高于传统培养法（12.8%），差异具有统计学意义（$P=0.039$）。**结论** ICU 耳念珠菌感染存在环境交叉传播风险，PCR 法在隐匿性污染检测中具有优势。建议从检测筛查、环境消毒、人员防护三方面构建一体化综合防控体系。

［关 键 词］ 耳念珠菌；重症监护病房；医院感染；环境监测；聚合酶链式反应；感染防控
［中图分类号］ R181.3+2 R379.4

Environmental surveillance and spatiotemporal association analysis of *Candida auris*-positive patients in the ICUs

ZHU Chunmei[1,2], *KANG Xiuhua*[1], *LIU Jing*[1], *TU Jiaxin*[1], *ZENG Lingbing*[3], *LIU Minyu*[1]
(1. *Infection Control Center, The First Affiliated Hospital of Nanchang University, Nanchang* 330002, *China*; 2. *Jiangxi Hospital of China-Japan Friendship Hospital, Nanchang* 330052, *China*; 3. *Clinical Laboratory Center, The First Affiliated Hospital of Nanchang University, Nanchang* 330002, *China*)

［**Abstract**］ **Objective** To investigate the distribution characteristics, environmental transmission patterns, and performance of different detection methods for *Candida auris*-positive patients in the intensive care units (ICUs), and to provide evidence for developing targeted prevention and control strategies. **Methods** From January 2025 to March 2026, clinical follow-up was conducted for 6 *Candida auris*-positive patients (P1－P6) identified in the ICU and the neurosurgical ICU of a hospital. Expanded screening was also performed on environmental surfaces around the patients and healthcare workers who had contact with them. All collected samples underwent fungal culture, of which 39 were additionally tested using real-time quantitative polymerase chain reaction (qPCR). The results of the two methods were compared. **Results** All six patients were male, with a median age of 72.5 years (range, 56－95 years). Five cases were from the ICU and one was from the neurosurgical ICU. Three patients died, one improved, and two were discharged against medical advice. Epidemiological investigation showed marked temporal and spatial

［收稿日期］ 2026－04－17
［基金项目］ 江西省卫生健康委科技计划项目（202610322、202510292）
［作者简介］ 朱春梅（1992－），女（汉族），江西省吉安市人，主治医师，主要从事医院感染预防与控制相关研究。
［通信作者］ 刘珉玉 E-mail：ndyfy03324@ncu.edu.cn

clustering and exposure association among the five patients in the ICU from January 2025 to February 2026. Notably, patients P4 and P5 had sequentially occupied the same bed (Bed 5), suggesting that persistent contamination of the bed environment may have served as a primary vehicle for transmission. Environmental and personnel screening showed that medical equipment and facilities had the highest positivity rate (19.6%), followed by bed-unit facilities (19.4%). Among the 39 samples tested using both methods, the positive rate of qPCR (33.3%) was higher than that of conventional culture (12.8%), with a statistically significant difference ($P = 0.039$). **Conclusion** *Candida auris* in the ICU posed a risk of environmental cross-transmission, and qPCR showed an advantage in detecting occult contamination. An integrated comprehensive prevention and control system encompassing three aspects—testing and screening, environmental disinfection, and personnel protection—is recommended.

[**Key words**] *Candida auris*; intensive care unit; healthcare-associated infection; environmental surveillance; polymerase chain reaction; infection prevention and control

耳念珠菌(*Candida auris*, *C. auris*)是一种新兴的多重耐药真菌,自 2009 年日本首次报道以来,已在全球 40 多个国家和地区引起医院感染暴发,逐渐成为公共卫生领域的一项重要挑战[1-2]。该菌具有三个突出特点:一是固有的多重耐药性,对临床常用的三大类抗真菌药物(如唑类、棘白菌素类及多烯类)均可呈现不同程度的耐药性,治疗选择极为有限,相关感染病死率较高[3];二是鉴定困难,传统生化方法(如 VITEK 2 系统)常将其误判为其他念珠菌(如解脂假丝酵母、近平滑念珠菌等),需借助基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(MALDI-TOF MS)或分子测序进行精准识别,容易漏诊或误诊[4];三是环境存活能力强,研究表明该菌可在干燥或潮湿的医院物体表面(如床栏、床垫、监护设备、门把手等)长期存留,形成持续性污染源,并通过接触途径在患者之间、患者与环境之间传播,以及经医务工作者传播[5-6]。重症监护病房(intensive care unit, ICU)是耳念珠菌暴发的高风险区域[7-8]。ICU 患者通常病情危重、免疫功能低下、住院时间长,且普遍接受各类侵入性操作与广谱抗菌药物治疗,这些都为耳念珠菌的定植和感染创造了条件[9]。一旦该菌进入 ICU,其环境持久性容易造成传播链的建立并引起暴发,给患者安全与医院感染防控带来较大压力。

2025 年 1 月某三级甲等医院 ICU 1 例 90 岁高龄患者的血标本中分离出耳念珠菌。医院立即启动医院感染暴发应急响应,开展全维度环境追踪监测。本研究分析阳性患者的临床资料、体表定植、环境物体表面(物表)污染及医务工作者体表监测数据,比较培养法与荧光定量聚合酶链式反应(PCR)法的检测效能,明确 ICU 内耳念珠菌的传播规律及关键防控节点,以期为临床制定科学有效的防控策略提供实验依据和实践参考。

1 对象与方法

1.1 *研究对象* 纳入 2025 年 1 月 1 日—2026 年 3 月 22 日某三级甲等医院住院并经实验室确认的耳念珠菌阳性患者。确诊标准为:从患者的无菌部位(如血液)或非无菌部位(如痰、尿、创面分泌物等)标本中,通过真菌培养或二代测序(NGS)等方法检出耳念珠菌。本研究已通过该院伦理委员会审批(批号:IIT[2026]临伦审第 107 号)。所有受试者(患者由本人或代理人,医务工作者由本人)均签署书面知情同意书。检测结果以口头形式反馈给医务工作者本人及患者主治医师,阳性结果按医院感染管理制度落实隔离防控措施。个人信息以代码替代,未经研究参与者授权,不向第三方透露无关信息。

1.2 *研究方法* 本研究为基于指示病例的前瞻性环境流行病学调查与回顾性临床病例分析相结合的混合设计。以 2025 年 1 月检出的耳念珠菌阳性患者为调查起点,建立预警响应机制,对后续新发病例同步启动环境采样监测和临床信息收集。

1.2.1 *临床资料与流行病学信息收集* 通过查阅电子病历系统、实验室信息系统(LIS)和医院感染管理监测系统,回顾性收集所有患者的基本信息(性别、年龄、床号)、临床特征(入院诊断、预后、侵入性操作类型)、抗微生物药物使用情况,以及微生物送检情况(标本类型、送检时间)等。

1.2.2 *患者体表采样* 参照美国疾病预防控制中心(CDC)耳念珠菌筛查指南及相关文献[10-12],对患者腋窝、腹股沟、鼻腔、外耳道、口腔 5 个核心部位进行靶向采样。采用无菌拭子擦拭采样部位后置于无菌采样管中,常温下 2 h 内送检。

1.2.3 *环境物表采样* 按使用功能将环境物表分为医疗设备设施、床单元设施、手卫生设施、织物和

其他物表，涵盖脉氧套、呼吸机管路、心电监护仪、床单元、吊塔、洗手液按压泵、空调出风口等点位。根据《医院消毒卫生标准》(GB 15982—2012)要求，采用无菌拭子涂抹法采样，每个点位采样面积约 10 cm×10 cm，无菌操作后送检。

1.2.4 医务工作者体表采样 对与阳性患者高频接触的医务工作者(主管医生、责任护士及保洁人员)腋窝、手部、鼻腔、外耳道、腹股沟 5 个部位进行采样，采样方法同患者体表采样，严格遵循无菌操作原则。

1.3 检测方法

1.3.1 培养法 将采样拭子标本振荡后取 100 μL 接种于沙保罗琼脂培养基，30～35 ℃培养 2～5 d，每日观察菌落生长情况。可疑菌落采用 MALDI-TOF MS 进行菌种鉴定。

1.3.2 实时荧光定量 PCR 法 使用 QIAamp DNA Mini Kit(德国 QIAGEN 公司)提取 DNA，采用耳念珠菌特异性引物探针，同时扩增人源 RNase P 基因作为内参(CY5 通道)。反应体系 20 μL，在 ABI 7500 Fast 荧光定量 PCR 仪上运行。循环条件：95 ℃预变性 2 min；95 ℃ 15 s，60 ℃ 30 s，共 40 个循环。Ct 值≤38，且扩增曲线呈典型的 S 型，则判定为耳念珠菌阳性[13]。

1.4 质量控制 所有采样操作均由经过培训的医院感染专职人员完成，严格遵循无菌操作规范。每批次同步设置阳性对照(阳性对照采用实验室保存、经 MALDI-TOF MS 及分子生物学方法鉴定确认的耳念珠菌临床分离株)和阴性对照(无菌生理盐水)，所有检测操作均在临床微生物实验室二级生物安全柜中进行，避免交叉污染。

1.5 统计学方法 应用 SPSS 26.0 统计软件进行数据分析，计数资料以例数(率)表示，两种检测方法阳性率的比较采用配对四格表资料的 *McNemar* 检验，$P \leqslant 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 确诊病例临床与流行病学特征 研究共纳入 6 例耳念珠菌阳性患者，编号为 P1～P6，其中 5 例(P1～P5)来自 ICU，1 例(P6)来自神经外科 ICU。感染与定植分别为 5、1 例。患者均为男性，年龄 56～95 岁，病情危重，均有长期住院史和多种侵入性操作史，且均使用过广谱抗菌药物。首例患者 P1 为血流感染，病情最为凶险，最终死亡。其余患者(P2～P5)主要从非无菌部位(痰、尿)检出耳念珠菌。6 例患者的总体预后不佳，病死率高达 50.00%(3/6)。见表 1。

表 1 6 例耳念珠菌阳性患者临床特征

Table 1 Clinical characteristics of 6 *Candida auris*-positive patients

病例	性别	年龄(岁)	首次检出日期	标本类型	感染/定植状态	所在科室	侵入性操作情况	住院时间	入院诊断	最终转归
P1	男	90	2025 年 1 月 3 日	血	感染	ICU	呼吸机辅助呼吸、中心静脉置管、留置导尿管	2024 年 2 月 6 日—2025 年 4 月 14 日	肺部感染、脑出血后遗症	死亡
P2	男	64	2025 年 5 月 3 日	痰	感染	ICU	呼吸机辅助呼吸、中心静脉置管、留置导尿管	2025 年 4 月 15 日—2025 年 6 月 25 日	开放性上肢骨折	好转
P3	男	74	2025 年 9 月 15 日	痰	感染	ICU	呼吸机辅助呼吸、中心静脉置管、留置导尿管	2025 年 9 月 5 日—2025 年 9 月 30 日	肺部感染、脓毒血症	自动出院
P4	男	95	2025 年 12 月 6 日	尿	定植	ICU	呼吸机辅助呼吸、中心静脉置管、留置导尿管	2025 年 4 月 6 日—2026 年 1 月 7 日	肺部感染、昏迷、慢性肾衰竭	死亡
P5	男	71	2026 年 2 月 12 日	尿	感染	ICU	呼吸机辅助呼吸、中心静脉置管、留置导尿管	2025 年 12 月 6 日—2026 年 3 月 24 日	肺部感染	自动出院
P6	男	56	2026 年 2 月 19 日	痰	感染	神经外科 ICU	呼吸机辅助呼吸、中心静脉置管、留置导尿管	2026 年 2 月 11 日—2026 年 2 月 28 日	大面积脑梗死	死亡

时间分布上，5 例 ICU 病例分布于 2025 年 1 月—2026 年 2 月，呈持续低强度聚集。空间分布上，5 床与 62 床为核心污染传播点。时空分析显示，P4 与 P5 共同暴露于 5 床，提示该床位可能存在持续性环境污染。同时，P2 与 P4 均曾入住 62 床(间隔 5 个月)，提示 62 床亦可能为潜在的传播媒介。这种交叉入住特征提示了环境物表在传播链中的关键作用。P1 与 P3 无直接床位重叠，提示可能存在间接接触传播。见图 1。P6 为神经外科 ICU 独立散发病例，与 ICU 病例无明确流行病学关联。

2.2 患者体表定植分布特征 对 5 例阳性患者及同批次高危患者开展体表靶向采样，部位包括腋窝、腹股沟、鼻腔、外耳道、口腔等，累计采集标本 35 份，共检出阳性标本 11 份，患者体表总体定植阳性率为 31.4%，腹股沟最高(55.6%)，其次为鼻腔和口腔(均为 50.0%)，腋窝为 22.2%，外耳道未检出，见表 2。



图 1　5 例耳念珠菌阳性患者时空关联示意图

Figure 1　Schematic diagram of the spatiotemporal associations among 5 *Candida auris*-positive patients

表 2　患者体表不同部位耳念珠菌采样阳性情况

Table 2　Positivity rates of *Candida auris* sampling from different body sites in patients

体表采样部位	采样数(份)	阳性数(份)	阳性率(%)
腋窝	9	2	22.2
腹股沟	9	5	55.6
鼻腔	6	3	50.0
外耳道	9	0	0
口腔	2	1	50.0
合计	35	11	31.4

2.3　环境物表耳念珠菌污染分布特征　共采集环境物表标本 141 份，按功能分为 5 类，共 20 份标本检出阳性，总体环境污染阳性率 14.2%。其中医疗设备设施阳性率(19.6%)最高，其次为床单元设施(19.4%)、手卫生设施(10.0%)和其他物表(3.2%)，织物未检出阳性。见表 3。

2.4　医务工作者体表监测结果　对阳性患者主管医生、责任护士及保洁人员共 19 人进行体表采样，采样部位包括腋窝、手部、鼻腔、外耳道、腹股沟，共采集标本 71 份。结果显示，仅 1 名主管医生腋窝标本 PCR 检测阳性，且培养法检测为阴性。

2.5　培养法与 PCR 法诊断效能对比　选取 39 份有效标本(含患者体表、环境物表、医务工作者体表标本)，同步采用培养法与 PCR 法检测。培养法检测阳性 5 份，阳性率 12.8%，主要集中于患者体表部位；PCR 法检测阳性 13 份，包括患者体表 2 份、环境物表 10 份、医务工作者体表 1 份，阳性率 33.3%。PCR 法阳性率高于培养法，差异有统计学意义($P=0.039$)。见表 4。

表 3　各类环境物表耳念珠菌检出阳性及分布情况

Table 3　Positivity rates and distribution of *Candida auris* on different categories of environmental surfaces

环境设施分类	采样数(份)	阳性数(份)	阳性率(%)	核心阳性点位
医疗设备设施	56	11	19.6	呼吸机管路(近切口)、脉氧套、导尿管口、气切套管、吊塔、心电监护仪、40 床冰毯机
床单元设施	36	7	19.4	5 床左侧轮、62 床床栏/床头/床垫、57 床床栏、40 床左床栏
手卫生设施	10	1	10.0	31 床手消毒剂按压泵
织物	8	0	0	-
其他物表	31	1	3.2	40 床空调出风口
合计	141	20	14.2	-

注：- 表示无内容或未标注。

表 4 培养法与 PCR 法检测耳念珠菌效能对比

Table 4 Comparison of *Candida auris* detection rates between culture and qPCR

检测方法	检测标本数(份)	阳性数(份)	阳性率(%)	阳性检出标本分布
培养法	39	5	12.8	患者体表部位(腋窝、腹股沟、口腔)4 份,物表 1 份
PCR 法	39	13	33.3	患者体表 2 份,环境物表 10 份,医务工作者体表 1 份(医生腋窝)

3 讨论

本研究采用基于指示病例的前瞻性环境流行病学调查与回顾性临床病例分析相结合的混合设计,对 ICU 内 6 例耳念珠菌阳性患者及其周边环境、接触医务工作者进行为期 14 个月的追踪调查。结果显示,6 例患者均分布于 ICU 及神经外科 ICU,与国内外相关研究[14-15]结论一致。ICU 患者普遍存在免疫功能低下、高龄、基础疾病复杂、多项侵入性操作以及广谱抗菌药物长期使用等危险因素,为耳念珠菌的定植和感染创造了条件。值得注意的是,本研究中 ICU 的 5 例患者在时间(2025 年 1 月—2026 年 2 月)和空间上存在聚集和暴露关联,提示可能存在医院交叉传播。

环境物表采样结果显示,医疗设备设施与床单元设施的污染率均较高(分别为 19.6%、19.4%),是主要的高危污染区域。医疗设备设施的阳性点位主要集中在呼吸机管路、脉氧套、导尿管口、气切套管、心电监护仪等与患者直接接触的仪器设备。这类设备因与患者皮肤、黏膜密切接触,容易被体表定植的耳念珠菌污染;同时部分精密设备结构复杂,消毒难度较大,易形成消毒盲区。病床设施中,床轮与床垫也是主要污染点位。床轮具有可移动性,提示可能成为病原体在病房内扩散的重要载体;而床垫直接接触患者皮肤且难以彻底消毒,易造成持续性污染。研究[16]显示,耳念珠菌在塑料、不锈钢、织物等医疗环境常见材质表面可存活超过 3 周,且对单季铵盐类消毒剂敏感性较低,容易形成持续的污染源。

结合环境采样发现高危点位,流行病学调查进一步揭示了传播的空间关联:P4 于 2025 年 10 月 18 日入住 5 床,2025 年 12 月 6 日体表采样检出耳念珠菌,2025 年 12 月 10 日迁出;P5 于 2026 年 1 月 16 日迁入同一 5 床,2026 年 2 月 12 日体表采样检出耳念珠菌。2 例患者先后使用同一床位,间隔约 5 周。结合两者标本类型均为尿液,推测 P4 在住期间已导致 5 床及周边环境污染,尽管执行了常规终末消毒,但污染环境物表未被彻底清除,成为连接不同患者传播链的“桥梁”。P5 迁入后接触污染环境而感染,感染后亦可能进一步加重环境污染。此发现提示,对于存在多床位流转史的患者,应对其所有曾经使用过的床位进行重点排查,而非仅关注最终检出床位。此外,神经外科 ICU 40 床的空调出风口也检出了耳念珠菌。空调通风系统通常不在常规清洁消毒的覆盖范围内,但一旦发生污染,气流可能将病原体扩散至病房多个区域,增加传播的复杂性。提示在耳念珠菌医院感染防控中,空调通风系统应纳入日常监测与消毒范畴。

比较检测方法,PCR 法阳性率高于培养法,与国内外多项研究[17-18]结论一致。本研究中,培养法的阳性检出全部集中于患者体表部位,环境物表及医务工作者体表标本均未检出阳性。分析其原因,主要受限于其对菌量和活菌状态的高度依赖性。耳念珠菌在环境中的存活状态多为低菌量或处于休眠状态(VBNC),在常规培养条件下很容易被忽视。虽然本研究中未采用富集培养,但已有文献[19-20]表明,使用含 10%氯化钠的高盐沙氏葡萄糖肉汤(Salt Sabouraud Dextrose Broth)或 CHRO Magar Candida Plus 等特异性培养基可提高环境标本的检出率。相比之下,PCR 法在本研究中检出了更多的阳性标本,这些“PCR 阳性-培养阴性”的结果可能反映低菌量、非可培养状态或残留核酸,仍需结合质控、重复检测和培养结果解释。对于环境监测而言,此特性恰好具有重要的预警价值:PCR 阳性提示该点位曾发生过污染,存在潜在的传播风险或环境存留,需及时进行消毒干预。而培养法阳性更具临床意义,表明标本中存在具备繁殖能力的活菌,直接提示实际的传播风险。鉴于二者的互补性,建议在暴发期采用 PCR 法进行大规模快速筛查,阳性标本需进一步采用培养法(必要时采用富集培养)进行复核,以确认是否存在活菌存活,从而更精准地指导感染防控措施的制定。

本研究仅发现 1 名主管医生腋窝标本 PCR 检测阳性,该结果与耳念珠菌倾向于定植于腋窝等皮肤褶皱部位的研究[21]结果一致。尽管该标本的培

养结果为阴性，但此现象进一步提示医务工作者体表可能成为耳念珠菌医院内传播的潜在媒介。耳念珠菌的主要传播途径为接触传播，医务工作者在诊疗操作过程中，手部及体表易接触患者体表或污染的环境物表，若手卫生及体表防护不到位，可能造成体表定植，进而通过后续操作将病原体传播给其他患者[22-23]。本研究仅检出医务工作者腋窝阳性而未发现手部阳性，推测可能与暴发期间该科加强了手卫生管理有关，手部因频繁清洁消毒而降低了定植概率。但 31 床速干手消毒剂按压泵采样阳性，间接反映了手卫生执行环节可能存在交叉污染风险，进一步佐证了手部在传播链中的潜在作用。本研究结果与相关专家共识[24-25]推荐一致，在暴发调查中，对密切接触者进行腋窝等关键部位的筛查有助于识别隐匿性携带者，为传播链追溯提供线索。

基于以上研究结果，结合《医院感染管理办法》及耳念珠菌防治相关指南，提出 ICU 耳念珠菌感染的综合防控策略，构建“检测筛查－环境消毒－人员防护”三位一体的防控体系：一是优化检测筛查体系。将 PCR 法作为耳念珠菌感染暴发期环境监测及医务工作者体表监测的首选方法，与培养法联合使用以提高检出率；对 ICU 高危患者开展腋窝、腹股沟靶向筛查，做到早发现、早隔离、早治疗。二是强化环境消毒管理。针对医疗设备、病床设施等高危污染类别，制定针对性消毒方案，对脉氧套、呼吸机管路等一次性医疗用品做到一用一换，对心电监护仪、吊塔台面等可重复使用设备，采用含氯消毒剂擦拭并保证足够作用时间；对床轮、床垫等易形成消毒盲区的部位，增加消毒频次，采用专用消毒工具进行彻底消毒；加强病房环境的终末消毒，做到床单元、环境物表、医疗器械全覆盖；将空调通风系统纳入日常清洁消毒范围。三是加强人员防护管理。对高频接触感染患者的医务工作者，加强手卫生及个人防护培训，诊疗操作时严格穿戴隔离衣、手套，操作后及时进行手卫生。发生医院感染暴发时，应将腋窝等易被忽视的部位纳入医务工作者体表防护范围，增加体表清洁消毒频次；并对医务工作者开展体表筛查，及时发现定植者，采取隔离防护措施，避免成为传播媒介。

本研究存在一定的局限性：一是医务工作者采样标本量较少，仅覆盖 19 名高频接触人员，可能存在漏检；二是未对检出的耳念珠菌菌株进行分子分型，无法完全确认不同患者、环境、医务工作者之间的菌株同源性，难以精准构建传播链。后续研究将扩大样本量，延长监测时间，开展菌株分子分型研究，进一步明确 ICU 耳念珠菌的传播规律，优化防控策略。

作者贡献声明：朱春梅负责数据整理、分析及论文撰写；康秀华参与课题优化、论文润色；刘静、涂嘉欣参与数据收集；曾令兵负责试验；刘珉玉负责课题设计、终稿审核、资源协调。

利益冲突：所有作者均声明不存在利益冲突。

[参 考 文 献]

[1] Satoh K, Makimura K, Hasumi Y, et al. *Candida auris* sp. nov., a novel ascomycetous yeast isolated from the external ear canal of an inpatient in a Japanese hospital[J]. Microbiol Immunol, 2009, 53(1): 41－44.

[2] Escandón P, Lockhart SR, Chow NA, et al. *Candida auris*: a global pathogen that has taken root in Colombia[J]. Biomedica, 2023, 43(Sp. 1): 278－287.

[3] Abe M, Koizumi A, Umeyama T, et al. Microbiological characteristics and drug resistance rates of *Candida auris* isolates in Japan[J]. Jpn J Infect Dis, 2025, 78(6): 179－185.

[4] Kordalewska M, Zhao Y, Lockhart SR, et al. Rapid and accurate molecular identification of the emerging multidrug-resistant pathogen *Candida auris*[J]. J Clin Microbiol, 2017, 55(8): 2445－2452.

[5] Dire O, Ahmad A, Duze S, et al. Survival of *Candida auris* on environmental surface materials and low-level resistance to disinfectant[J]. J Hosp Infect, 2023, 137: 17－23.

[6] De Gaetano S, Midiri A, Mancuso G, et al. *Candida auris* outbreaks: current status and future perspectives[J]. Microorganisms, 2024, 12(5): 927.

[7] 黄小强，王广芬，孙庆芬，等. 耳念珠菌感染研究进展[J]. 中华医院感染学杂志，2020，30(2)：317－320.
Huang XQ, Wang GF, Sun QF, et al. *Candida auris* infection and progress of research[J]. Chinese Journal of Nosocomiology, 2020, 30(2): 317－320.

[8] Zerrouki H, Ibrahim A, Rebiahi SA, et al. Emergence of *Candida auris* in intensive care units in Algeria[J]. Mycoses, 2022, 65(7): 753－759.

[9] Wasylyshyn A, Stoneman EK. Management of *Candida auris*[J]. JAMA, 2024, 331(7): 611－612.

[10] Danielsen AS, Ødeskaug LE, Raastad R, et al. Key factors to consider for *Candida auris* screening in healthcare settings: a systematic review[J]. Mycoses, 2025, 68(3): e70043.

[11] Aldejohann AM, Wiese-Posselt M, Gastmeier P, et al. Expert recommendations for prevention and management of *Candida auris* transmission[J]. Mycoses, 2022, 65(6): 590－598.

[12] U. S. Centers for Disease Control and Prevention. Screening Recommendations for Healthcare Facilities[EB/OL]. [2026-08-18]. https://www.cdc.gov/fungal/candida-auris/c-auris-screening.html.

[13] Malczynski M, Dowllow N, Rezaeian S, et al. Optimizing a real-time PCR assay for rapid detection of *Candida auris* in nasal and axillary/groin samples[J]. J Med Microbiol, 2020, 69(6): 824-829.

[14] 马小轩，高硕，沈瀚. 耳念珠菌：新兴多重耐药性病原体的挑战[J]. 中国真菌学杂志，2026，21(1)：97-101.
Ma XX, Gao S, Shen H. *Candida auris*: challenges of an emerging multidrug-resistant pathogen[J]. Chinese Journal of Mycology, 2026, 21(1): 97-101.

[15] Rhodes J, Fisher MC. Global epidemiology of emerging *Candida auris*[J]. Curr Opin Microbiol, 2019, 52: 84-89.

[16] 麻翠翠，林佳艺，秦娅玲，等. 耳念珠菌病原学及其消毒研究进展[J]. 中华医院感染学杂志，2024，34(2)：315-320.
Ma CC, Lin JY, Qin YL, et al. Progress of research on etiological characteristics and disinfection of *Candida auris*[J]. Chinese Journal of Nosocomiology, 2024, 34(2): 315-320.

[17] 邹玉，陈宗耀，鄂建飞，等. 耳念珠菌实验室鉴定方法的研究进展[J]. 中国真菌学杂志，2022，17(5)：414-420，424.
Zou Y, Chen ZY, E JF, et al. Research progress in laboratory identification of *Candida auris*[J]. Chinese Journal of Mycology, 2022, 17(5): 414-420, 424.

[18] Franco LC, Ahmed M, Kendra CG, et al. Validation of a qualitative real-time PCR assay for the detection of *Candida auris* in hospital inpatient screening[J]. J Clin Microbiol, 2024, 62(6): e0015824.

[19] Korsten K, Gerrits van den Ende B, Pique RD, et al. Keep the hospital clean: diagnostic performance of ten different molecular and culture-based methods to detect *Candidozyma* (*Candida*) *auris*[J]. Mycopathologia, 2025, 190(3): 37.

[20] Welsh RM, Bentz ML, Shams A, et al. Survival, persistence, and isolation of the emerging multidrug-resistant pathogenic yeast *Candida auris* on a plastic health care surface[J]. J Clin Microbiol, 2017, 55(10): 2996-3005.

[21] Bravo Ruiz G, Lorenz A. What do we know about the biology of the emerging fungal pathogen of humans *Candida auris*? [J]. Microbiol Res, 2021, 242: 126621.

[22] Bing J, Du H, Guo PH, et al. *Candida auris*-associated hospitalizations and outbreaks, China, 2018-2023[J]. Emerg Microbes Infect, 2024, 13(1): 2302843.

[23] Escandón P, Chow NA, Caceres DH, et al. Molecular epidemiology of *Candida auris* in Colombia reveals a highly related, countrywide colonization with regional patterns in amphotericin B resistance[J]. Clin Infect Dis, 2019, 68(1): 15-21.

[24] 中华医学会检验分会临床微生物学学组. 成人耳念珠菌感染诊治防控专家共识[J]. 临床检验杂志，2020，38(8)：564-570.
Clinical Microbiology Group of the Laboratory Branch of the Chinese Medical Association. Expert consensus on diagnosis, treatment and prevention of adult *Candida auris* infections[J]. Chinese Journal of Clinical Laboratory Science, 2020, 38(8): 564-570.

[25] 全国医疗机构感染监测网，中华预防医学会医院感染控制分会，全国医院感染监控管理培训基地. 耳念珠菌医院感染预防与控制专家共识[J]. 中华医学杂志，2025，105(23)：1907-1917.
National Medical Institution Infection Surveillance System of China, Healthcare associated Infection Control Branch of Chinese Preventive Medicine Association, National Training Center of Hospital Infection in China. Consensus of experts on healthcare-associated infection prevention and control of *Candida auris*[J]. National Medical Journal of China, 2025, 105(23): 1907-1917.

（本文编辑：左双燕）

本文引用格式：朱春梅，康秀华，刘静，等. ICU 耳念珠菌阳性患者环境追踪监测与时空关联分析[J]. 中国感染控制杂志，2026，25(9)：1362-1368. DOI：10.12138/j.issn.1671-9638.20263393.

Cite this article as: ZHU Chunmei, KANG Xiuhua, LIU Jing, et al. Environmental surveillance and spatiotemporal association analysis of *Candida auris*-positive patients in the ICUs[J]. Chin J Infect Control, 2026, 25(9): 1362-1368. DOI: 10.12138/j.issn.1671-9638.20263393.