DOI:10.12138/j.issn.1671－9638.20264490

·论著·

一种新型念珠菌显色培养基快速鉴定及筛查耳念珠菌的性能评估

方静纯[1,2],彭雅琴[1],伍众文[1],马晴华[1,2],徐鸿绪[1,2],廖 康[1],郭鹏豪[1]
(1.中山大学附属第一医院医学检验科,广东 广州 510080;2.中山大学附属第一医院南沙院区医学检验科,广东 广州 511455)

[摘 要] **目的** 评估一种新型念珠菌显色培养基(念珠菌显色平板 B 型)快速鉴定耳念珠菌的性能。**方法** 针对 245 株念珠菌(包括 5 株标准菌株、140 株耳念珠菌、25 株近平滑念珠菌复合群、75 株其他念珠菌临床菌株),以基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱鉴定结果为金标准,评估新型念珠菌显色培养基在不同温度和培养时间下鉴定耳念珠菌的能力,比较其与传统念珠菌显色培养基对常见念珠菌鉴定效能的一致性,并通过体外模拟试验,评估从混合菌群中筛查耳念珠菌的性能。**结果** 在 35 ℃ 48 h 培养条件下,与金标准鉴定结果相比,新型念珠菌显色培养基对耳念珠菌鉴定灵敏度为 100%,特异度为 94.0%,整体符合率为 97.5%。近平滑念珠菌复合群中,3 株拟平滑念珠菌(3/5)、2 株似平滑念珠菌(2/5)、1 株近平滑念珠菌(1/15)被错误鉴定为耳念珠菌。与金标准相比,新型念珠菌显色培养基与传统念珠菌显色培养基对白念珠菌、热带念珠菌、光滑念珠菌和克柔念珠菌的灵敏度、特异度、一致率均为 100%。同时,体外模拟试验证实该显色培养基能有效从混合菌群中特异性筛选出耳念珠菌。**结论** 新型念珠菌显色培养基对耳念珠菌及临床常见念珠菌均有良好的鉴定效能,可有效应用于耳念珠菌及临床常见念珠菌的初步快速鉴定及筛查。

[关 键 词] 耳念珠菌;新型念珠菌显色培养基;性能评估;快速筛查;医院感染
[中图分类号] R379.4

Performance evaluation of a novel chromogenic Candida medium for rapid identification and screening of *Candida auris*

Fang Jingchun[1,2], *Peng Yaqin*[1], *Wu Zhongwen*[1], *Ma Qinghua*[1,2], *Xu Hongxu*[1,2], *Liao Kang*[1], *Guo Penghao*[1](1. *Department of Laboratory Medicine, The First Affiliated Hospital, Sun Yat-sen University, Guangzhou* 510080, *China*; 2. *Department of Laboratory Medicine, Nansha Division, The First Affiliated Hospital, Sun Yat-sen University, Guangzhou* 511455, *China*)

[**Abstract**] **Objective** To evaluate the performance of a novel chromogenic Candida medium (Chromogenic Candida Plate B) for the rapid identification of *Candida auris*. **Methods** A total of 245 Candida isolates were included, comprising 5 reference isolates, 140 *Candida auris* isolates, 25 isolates of the *Candida parapsilosis* complex, and 75 other clinical *Candida* isolates. Using the identification results obtained by matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry as the gold standard, the ability of the novel chromogenic medium to identify *Candida auris* at different incubation temperatures and times was evaluated. The concordance between the novel and conventional chromogenic Candida medium in the identification of common *Candida* spp. was compared, and the performance of the novel medium in screening *Candida auris* from mixed microbial populations was evaluated through *in vitro* simulation experiments. **Results** After incubation at 35 ℃ for 48 h, compared with the results of the gold standard, the novel chromogenic Candida medium exhibited a sensitivity of 100%, a specificity of 94.0%, and an overall concordance rate of 97.5% for the identification of *Candida auris*. Among isolates of the

[收稿日期] 2026－04－29
[作者简介] 方静纯(1998－),女(汉族),广东省广州市人,检验技师,主要从事医院感染病原学诊断与耐药机制研究。
[通信作者] 郭鹏豪 E-mail:jackgph@163.com

Candida parapsilosis complex, 3 *Candida orthopsilosis* isolates (3/5), 2 *Candida metapsilosis* isolates (2/5), and 1 *Candida parapsilosis* isolate (1/15) were misidentified as *Candida auris*. Compared with the gold standard, both the novel and conventional chromogenic Candida medium showed sensitivity, specificity and concordance rates of 100% for the identification of *Candida albicans*, *Candida tropicalis*, *Candida glabrata*, and *Candida krusei*. In vitro simulation experiments also confirmed that the novel chromogenic Candida medium could effectively and specifically screen *Candida auris* from mixed microbial populations. **Conclusion** The novel chromogenic Candida medium shows good identification performance for both *Candida auris* and clinically common *Candida* spp., and can be effectively applied for their preliminary rapid identification and screening.

[**Key words**] *Candida auris*; novel chromogenic Candida medium; performance evaluation; rapid screening; healthcare-associated infection

耳念珠菌(*Candida auris*, *C. auris*)是一种新兴的真菌病原体,2009 年首次从 1 例 70 岁日本妇女的外耳道分离[1]。尽管根据最新分类学命名该菌已更名为耳拟念珠菌(*Candidozyma auris*),本文仍沿用"耳念珠菌"这一广泛使用的名称[2]。近十年来,耳念珠菌感染病例呈指数级增长,截至 2024 年底,全球已有 50 多个国家或地区报告该菌感染病例[3]。该菌可引起血液、肺部、尿道、伤口、耳道及内脏器官等部位的侵袭性感染[4],总体病死率为 30.0%～60.0%[5]。耳念珠菌已形成六个主要地理分支,分别为南亚分支(*Clade* Ⅰ)、东亚分支(*Clade* Ⅱ)、南非分支(*Clade* Ⅲ)、南美分支(*Clade* Ⅳ)、伊朗分支(*Clade* Ⅴ)和新加坡分支(*Clade* Ⅵ)。我国分离菌株以 *Clade* Ⅰ和 *Clade* Ⅲ 为主,亦有 *Clade* Ⅱ的报道[6-11]。

耳念珠菌对大多数可用的抗真菌药物具有耐药性,甚至存在泛耐药菌株[12],其对氟康唑的耐药率高达 100%,对两性霉素 B 的耐药率为 18%,而对棘白菌素类药物的耐药率则低于 8%[11,13]。该菌能够在医院环境和物体表面长期存活,传播能力强,给临床诊断与感染防控带来巨大挑战[14-15]。因其具有多重耐药性、高病死率及易于医院内传播等特征,被称为"超级真菌"[16]。2022 年,世界卫生组织(WHO)首次发布威胁人类健康的"真菌重点病原体清单",将耳念珠菌列入紧急优先组[17]。因此,实现耳念珠菌的快速鉴定及筛查,对指导临床用药、改善患者预后及有效控制医院感染具有重要临床意义[18]。

目前,科玛嘉念珠菌显色培养基虽常用于念珠菌的快速鉴定与筛查,但无法有效区分耳念珠菌、光滑念珠菌及近平滑念珠菌。分子生物学方法和基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(MALDI-TOF MS)虽可提供准确的鉴定结果,但设备昂贵、操作复杂,难以在基层实验室广泛开展[19]。本研究旨在系统评估一款新型念珠菌显色培养基对耳念珠菌的快速鉴定及筛查能力,以期为耳念珠菌的早期识别及医院感染防控提供一种简便、可靠的新方法。

1　材料与方法

1.1　菌株及鉴定　本研究纳入临床菌株及质控菌株。临床菌株包括耳念珠菌、白念珠菌、光滑念珠菌、热带念珠菌、克柔念珠菌、近平滑念珠菌、似平滑念珠菌、拟平滑念珠菌、新型隐球菌、希木龙念珠菌及葡萄牙念珠菌等,见表 1。其中,耳念珠菌临床菌株涵盖南亚分支(*Clade* Ⅰ)和南非分支(*Clade* Ⅲ),为本课题组前期研究分离保存,其全基因组测序数据已提交至 NCBI 数据库,登录号分别为 SAMN37711181、SAMN37711175。质控菌株包括近平滑念珠菌 ATCC 22019、光滑念珠菌 ATCC MYA-2950、白念珠菌 ATCC 14053、克柔念珠菌 ATCC 6258 及热带念珠菌 ATCC 750。

表 1　240 株临床菌株分布

Table 1　Distribution of 240 clinical Candida isolates

菌株名称	数量(株)
耳念珠菌	140
白念珠菌	21
热带念珠菌	20
光滑念珠菌	20
克柔念珠菌	10
近平滑念珠菌	15
拟平滑念珠菌	5
似平滑念珠菌	5
希木龙念珠菌	2
葡萄牙念珠菌	2

1.2 主要的试剂和仪器 VITEK MS 质谱仪(法国生物梅里埃公司)、恒温培养箱(赛默飞世尔科技有限公司)、沙保弱葡萄糖琼脂培养基(郑州安图生物工程股份有限公司,SDA)、传统念珠菌显色培养基(郑州安图生物工程股份有限公司,念珠菌显色平板 A 型)、新型念珠菌显色培养基(郑州安图生物工程股份有限公司,念珠菌显色平板 B 型)。

1.3 试验方法

1.3.1 金标准鉴定 所有菌株均在 SDA 上复苏、传代和分纯,于 28 ℃培养 48 h 后使用 VITEK MS 系统进行菌种鉴定。操作过程严格按照制造商说明书进行,数据库版本为 V3.2。采用光滑念珠菌 ATCC MYA-2950 作为质控菌株。对于质谱系统无法鉴定或鉴定得分<60 分的菌株,进行核糖体 DNA ITS 分子测序,以确保菌种鉴定的准确性。

1.3.2 新型念珠菌显色培养基鉴定 传统念珠菌显色培养基是目前国内医疗机构常用于念珠菌鉴定的显色培养基,新型念珠菌显色培养基在其基础上增加了对耳念珠菌的鉴定能力,因此,比对研究两种培养基的鉴定效能,观察新型念珠菌显色培养基是否影响对其他 4 种临床常见念珠菌的鉴定能力。将临床菌株及质控菌株复苏、传代和分纯后,挑取单个菌落,采用分区划线法接种于新型念珠菌显色培养基,35 ℃培养 24~48 h,观察并记录菌落生长特征及颜色变化。菌落颜色的判读依据制造商提供的产品说明书,如菌落呈现“白色或紫色,伴蓝色晕圈”的菌株鉴定为耳念珠菌。鉴于预试验发现近平滑念珠菌复合群存在错误鉴定情况,为评估培养温度对鉴定效果的影响,本研究分别于 28、35 ℃ 条件下比较了耳念珠菌与近平滑念珠菌复合群的生长特性差异。同时,刮取单菌落制备涂片,严格按照说明书进行革兰染色,于光学显微镜下观察其形态学特征。

1.3.3 传统念珠菌显色培养基鉴定 临床菌株及质控菌株复苏、传代、纯化后,挑取单菌落至传统念珠菌显色培养基,35 ℃培养 24~48 h,观察并记录菌落生长特征及颜色。参考培养基产品说明书进行菌种鉴定。

1.3.4 体外混合模拟试验 为模拟临床混合感染或定植场景,本研究构建了耳念珠菌分别与白念珠菌、光滑念珠菌、热带念珠菌、近平滑念珠菌的双菌混合模型。将耳念珠菌与各常见菌株的菌悬液分别按 1∶1 和 1∶50 的体积比混合,各取 10 μL 混合菌液,采用分区划线法接种于新型念珠菌显色培养基,35 ℃培养 48~72 h。通过观察不同混合比例下耳念珠菌特征性菌落(白色或紫色,伴蓝色晕圈)的显现情况,评估该培养基在混合菌群中对耳念珠菌的可识别性。所有判读结果,均进一步经 MALDI-TOF MS 进行复核确认,以验证新型念珠菌显色培养基鉴定结果的准确性。

1.4 统计分析 采用四格表统计法对耳念珠菌及 4 种临床常见念珠菌的鉴定数据进行分析,计算灵敏度、特异度和符合率。应用 SPSS 24.0 软件,采用 *McNemar* 检验,比较新型念珠菌显色培养基和传统念珠菌显色培养基对 4 种临床常见念珠菌鉴定效能的差异,以 $P\leqslant0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 新型念珠菌显色培养基对耳念珠菌的鉴定效能 在 35 ℃ 48 h 培养条件下,标准菌株在新型念珠菌显色培养基上均符合其说明书上的颜色特征(图 1A):白念珠菌菌落呈绿色或翠绿色;热带念珠菌菌落呈铁蓝色;光滑念珠菌菌落呈湿润的粉紫色;近平滑念珠菌菌落呈白色或淡紫色;克柔念珠菌呈粉色或浅紫色,菌落较大、模糊有微毛。耳念珠菌正面菌落呈白色或浅粉色,菌落周围有典型的蓝色晕圈,背面菌落呈蓝色,因此能有效区分耳念珠菌与其他念珠菌。

140 株耳念珠菌采用新型念珠菌显色培养基的鉴定结果与金标准相比,灵敏度为 100%,未发生漏检,但存在与耳念珠菌颜色特征相近的菌株,特异度为 94.0%,整体符合率为 97.5%。见表 2。

由于近平滑念珠菌复合群颜色特征与耳念珠菌相似,有 6 株被错误鉴定为耳念珠菌,分别是 3 株拟平滑念珠菌(图 2a、b、c)、2 株似平滑念珠菌(图 2d、e)、1 株近平滑念珠菌(图 2f)。新型念珠菌显色培养基上被错误鉴定为耳念珠菌的菌株的颜色特征见图 2。

2.2 新型念珠菌显色培养基对临床常见念珠菌的鉴定效能及与传统念珠菌显色培养基比较 35 ℃ 48 h 培养条件下,标准菌株在新型念珠菌显色培养基的菌落颜色特征与传统念珠菌显色培养基相近,白念珠菌菌落呈绿色,热带念珠菌菌落呈铁蓝色,光滑念珠菌呈粉色至紫色的光滑湿润菌落,克柔念珠菌呈粉色模糊菌落,均能实现准确鉴定(图 1B),而耳念珠菌在传统念珠菌显色培养基上呈粉色,无法与光滑念珠菌区分。

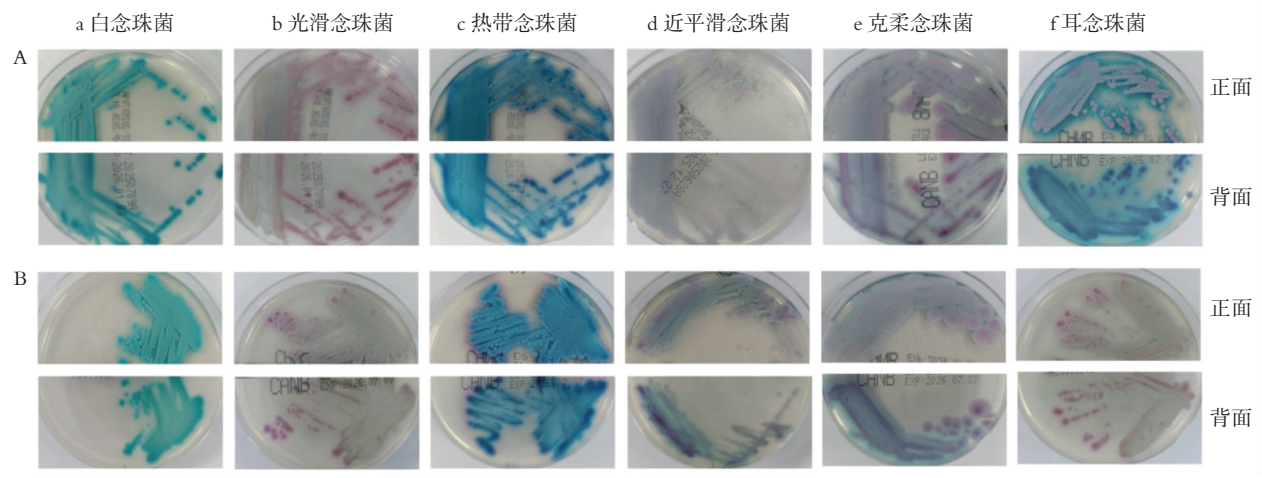


图 1　标准菌株及耳念珠菌在新型念珠菌显色培养基(A)和传统念珠菌显色培养基(B)上的颜色特征(35 ℃,48 h)

Figure 1　Color characteristics of reference isolates and *Candida auris* on the novel chromogenic Candida medium (A) and conventional chromogenic Candida medium (B) (35 ℃, 48 h)

表 2　新型念珠菌显色培养基与金标准检测耳念珠菌的鉴定效能(株;35 ℃,48 h)

Table 2　Identification performance of the novel chromogenic Candida medium versus the gold standard for *Candida auris* (No. of isolates; 35 ℃, 48 h)

新型念珠菌显色培养基鉴定结果	金标准鉴定结果		灵敏度(%)	特异度(%)	符合率(%)
	耳念珠菌	其他念珠菌			
耳念珠菌	140	6	100	94.0	97.5
其他念珠菌	0	94			

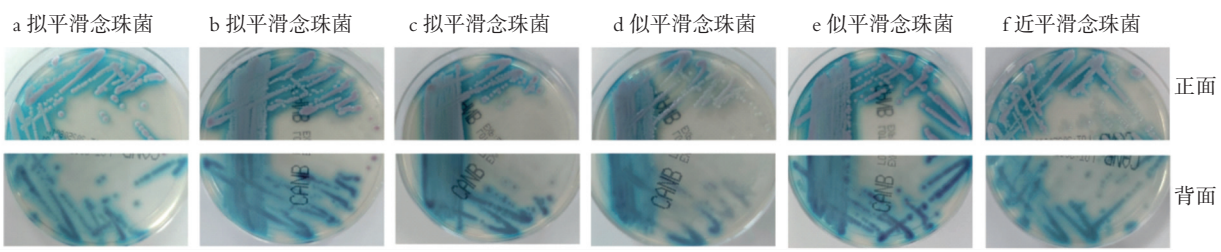


图 2　新型念珠菌显色培养基错误鉴定为耳念珠菌的菌株颜色特征(35 ℃,48 h)

Figure 2　Color characteristics of isolates misidentified as *Candida auris* on the novel chromogenic Candida medium (35 ℃, 48 h)

与金标准鉴定结果相比,新型念珠菌显色培养基和传统念珠菌显色培养基对白念珠菌、光滑念珠菌、热带念珠菌和克柔念珠菌的鉴定灵敏度、特异度、符合率均为 100%。*McNemar* 检验结果显示新型念珠菌显色培养基和传统念珠菌显色培养基鉴定上述 4 种菌的差异无统计学意义(均 $P>0.05$)。

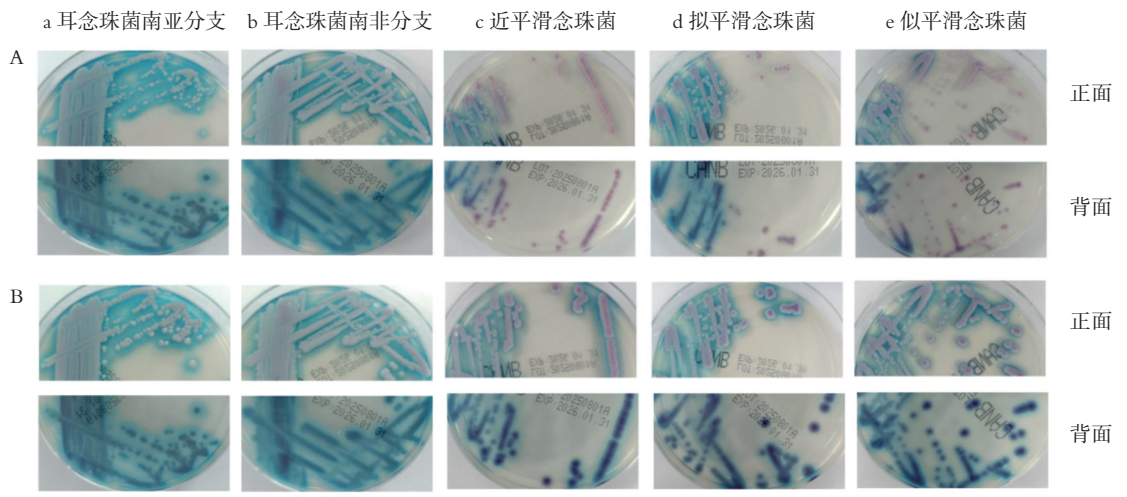
2.3　培养时间和温度对新型念珠菌显色培养基鉴定效果的影响

2.3.1　培养时间　耳念珠菌在 35 ℃培养 24 h 后呈淡蓝色,菌落较小,未见蓝色晕圈,此时难以进行菌种鉴定。培养 48 h 时,耳念珠菌呈现典型特征,即白色或粉色菌落伴明显蓝色晕圈(图 3A a、b),近平滑念珠菌复合群单菌落呈白色或浅粉色,密集区域菌落出现蓝色晕圈(图 3A c、d、e)。72 h 后,近平滑念珠菌复合群菌落颜色加深,呈粉色,伴蓝色晕圈(图 3B c、d、e),此时与耳念珠菌颜色特征相似,易被错误鉴定为耳念珠菌。

2.3.2　培养温度　35 ℃培养 48 h 条件下,耳念珠菌与近平滑念珠菌复合群的生长速度未见明显差异。当培养温度降至 28 ℃ 培养 48 h 时,两者生长速度(通过平板第三区单菌落的直径判断)出现可区分差异。同时,28 ℃条件下,近平滑念珠菌复合群菌落颜色变化减缓,呈紫色或浅粉色,单菌落均不形成蓝色晕圈,而耳念珠菌仍呈粉色菌落伴蓝色晕圈,

两者可通过该表型差异进行有效区分，见图 4。

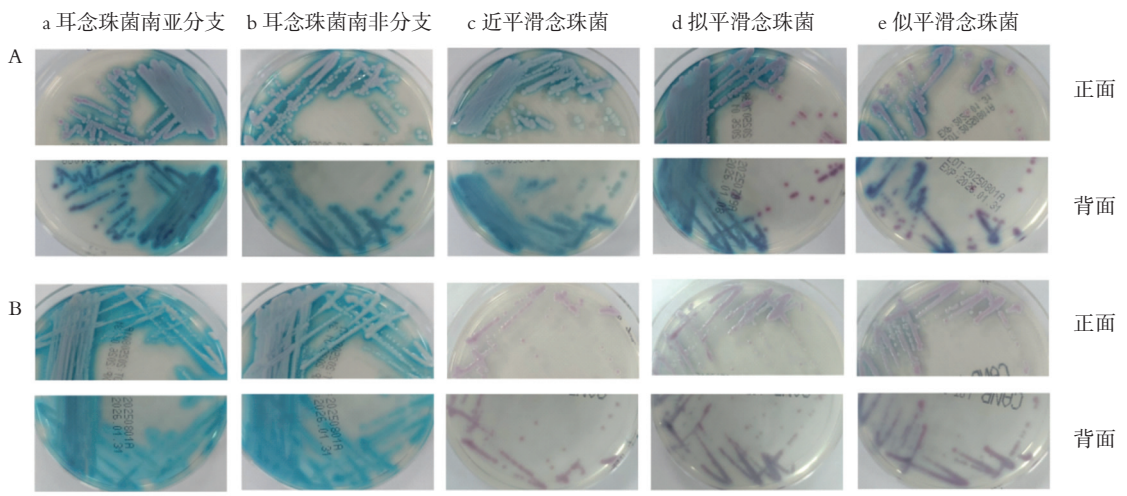
此外，在不同培养时长及温度下，耳念珠菌南亚分支（*Clade* Ⅰ）与南非分支（*Clade* Ⅲ）在新型念珠菌显色培养基上的菌落形态未观察到显著差异（图 3A a、b，3B a、b；图 4A a、b，4B a、b）。



注：A 为 35 ℃ 培养 48 h 正反菌落形态特征；B 为 35 ℃ 培养 72 h 正反菌落形态特征。

图 3　不同培养时间下耳念珠菌和近平滑念珠菌复合群在新型念珠菌显色培养基的菌落特征

Figure 3　Colony characteristics of *Candida auris* and the *Candida parapsilosis* complex on the novel chromogenic Candida medium at different incubation times

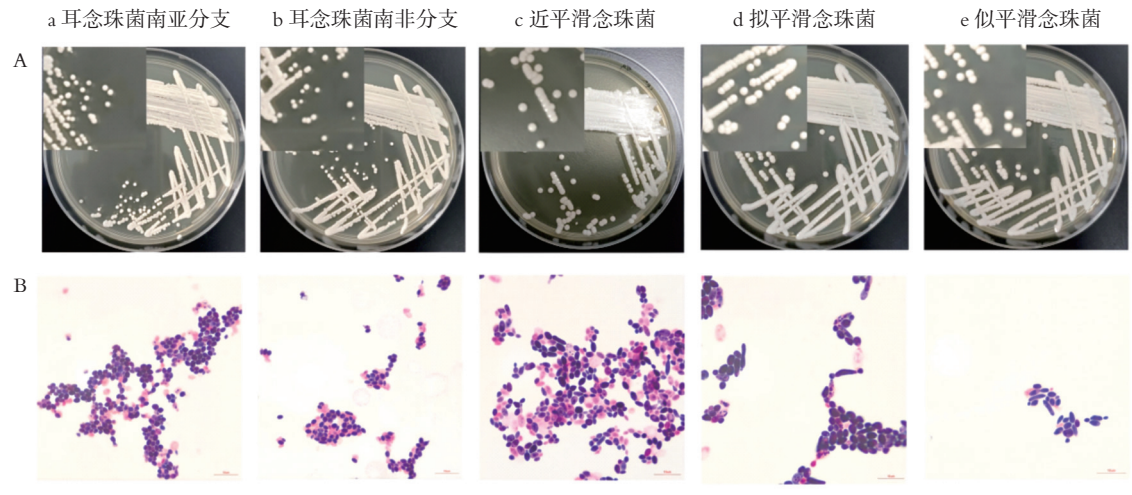


注：A 为 35 ℃ 培养 48 h 正反菌落形态特征，B 为 28 ℃ 培养 48 h 正反菌落形态特征。

图 4　不同培养温度下耳念珠菌和近平滑念珠菌复合群在新型念珠菌显色培养基的正反菌落特征

Figure 4　Obverse and reverse colony characteristics of *Candida auris* and the *Candida parapsilosis* complex on the novel chromogenic Candida medium at different incubation temperatures

2.4　耳念珠菌与近平滑念珠菌复合群在 SDA 上的菌落特征及镜下形态　在 SDA 上，耳念珠菌菌落呈纯白色，生长缓慢，菌落较小（图 5A a、b）；而近平滑念珠菌复合群菌落则呈奶黄色，生长较快，菌落直径明显大于耳念珠菌（图 5A c、d、e）。革兰染色镜检显示：耳念珠菌以小卵圆形孢子为主，偶见出芽（图 5B a、b）；近平滑念珠菌可见卵圆形至长卵圆形的芽生孢子（图 5B c）；拟平滑念珠菌与似平滑念珠菌则可见长卵圆形孢子及短菌丝（图 5B d、e）。



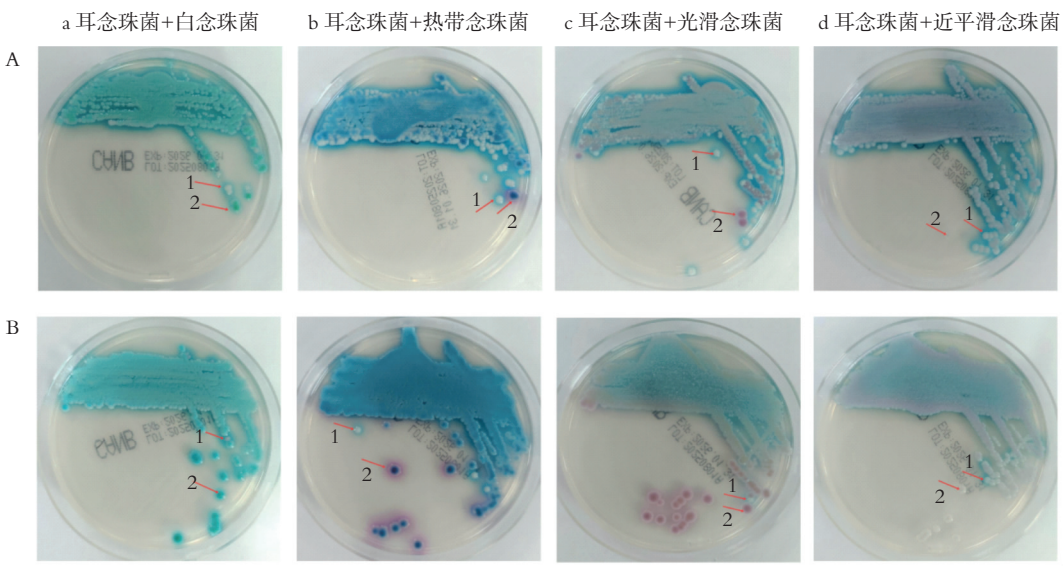
注：A 为 35 ℃培养 48 h 的菌落形态，B 为革兰染色镜检形态特征（1 000 ×）。

图 5　耳念珠菌和近平滑念珠菌复合群在 SDA 上的菌落形态和革兰染色镜下特征

Figure 5　Colony morphology on SDA and Gram-stained microscopic features of *Candida auris* and the *Candida parapsilosis* complex

综合培养时间和温度对新型念珠菌显色培养基上耳念珠菌与近平滑念珠菌复合群鉴定效果的影响，认为 28 ℃培养 48 h 能够更好区分二者，并且，结合 SDA 上的菌落颜色、大小及镜下形态，能够最大程度地提高对耳念珠菌的鉴定能力。

2.5　耳念珠菌与临床常见念珠菌混合生长鉴定情况　耳念珠菌分别与白念珠菌或热带念珠菌等临床常见念珠菌 1∶1 混合培养时，在新型念珠菌显色培养基上菌落分离效果良好（图 6A）。其中，耳念珠菌呈白色至浅粉色菌落并伴有蓝色晕圈，与白念珠菌（绿色菌落）、热带念珠菌（铁蓝色菌落）、光滑念珠菌（粉紫色菌落）及近平滑念珠菌（白色或浅粉色菌落）均可形成鲜明对比，各菌种特征性颜色互不干扰，易于判读。低比例（初始接种比例低至 2%）耳念珠菌在新型念珠菌显色培养基上培养 48～72 h 后，仍可在平板划线区域观察到其特有的带蓝色晕圈的菌落，提示该培养基具备从优势菌群中高效检出少量耳念珠菌的能力（图 6B）。



注：A 为耳念珠菌与其他常见念珠菌按 1∶1 比例混合培养 72 h 的菌落特征；B 为耳念珠菌与其他常见念珠菌按 1∶50 比例混合培养 72 h 的菌落特征。箭头 1 所指均为耳念珠菌；箭头 a 2 为白念珠菌，b 2 为热带念珠菌，c 2 为光滑念珠菌，d 2 为近平滑念珠菌。

图 6　耳念珠菌与常见念珠菌混合生长菌落特征（35 ℃，72 h）

Figure 6　Colony characteristics of *Candida auris* grown in mixed culture with common *Candida* spp.（35 ℃，72 h）

3 讨论

近年来，耳念珠菌引起的临床感染在全球范围内呈持续上升趋势[20]。美国、英国、印度等国家均报道[21-23]过高度耐药耳念珠菌及其引发的医院感染暴发事件。我国耳念珠菌感染报道相对较晚，自2018 年北京市报告首例病例以来，沈阳、厦门、广东等地相继发现相关感染[24-26]。2023 年以前，我国耳念珠菌感染发病率维持在极低水平，年新增病例不超过 40 例[3]；然而，2023—2024 年间，全国新增病例骤增至 1 391 例，增幅超过 300%[7]，呈明显快速扩散态势。与国外流行株不同，我国报道的耳念珠菌主要对氟康唑耐药，对棘白菌素类及两性霉素 B 仍普遍敏感[28-29]。尽管其耐药特征与欧美地区菌株有所差异，但耳念珠菌所带来的真菌感染医学挑战仍不容忽视[30]。

病原体的准确鉴定是实施有效治疗、感染控制及防止疾病暴发的重要前提[31]。现有鉴定方法中，传统生化鉴定系统易将耳念珠菌误判为希木龙念珠菌、双形希木龙念珠菌或葡萄牙念珠菌等[32-33]；MALDI-TOF MS 通过数据库更新后虽可实现高精度鉴定，准确率可达 100%，鉴定分值均≥2.0[34]，但该技术对设备和数据库有较高要求，难以在常规实验室中普及。相比之下，显色培养基鉴定操作简便，成本较低，更适合临床初步筛查。

显色培养基利用微生物自身代谢产生的特异性酶与培养基中底物发生反应，使不同种类的念珠菌菌落呈现特征性颜色[35]。传统科玛嘉念珠菌显色培养基主要针对白念珠菌、热带念珠菌等常见念珠菌菌种的初步鉴别[36]，而新型念珠菌显色培养基在此基础上进一步优化了对耳念珠菌的识别能力。鉴于我国耳念珠菌既往流行率低、分离株数量有限，目前针对新型显色培养基鉴定能力的系统评估研究仍相对匮乏。因此，开展相关验证研究具有重要临床意义。

近年来，新型念珠菌显色培养基被陆续开发[37]。本研究中，耳念珠菌在传统念珠菌显色培养基上呈浅粉色，难与光滑念珠菌、近平滑念珠菌区分，不适用于其鉴定，但在安图新型念珠菌显色培养基上，耳念珠菌菌落呈白色或浅粉色，周围可见蓝色晕圈，与 Borman 等[38]报道一致。耳念珠菌菌落直径在传统显色培养基上仅为 2.2 mm，但在该类培养基上较大（平均 2.5 mm）[39]，推测新型培养基可能营养更丰富，适于监测与培养。此外，本研究发现南亚分支与南非分支耳念珠菌在新型念珠菌显色培养基上无明显形态差异，与 Bentz 等[40]报道一致。该研究同时指出，分支 II（B11809）和分支 IV（B12101）菌株培养 48 h 呈奶油色且常无蓝色晕圈，延长培养时间可能出现浅蓝色晕圈。另有研究[41]报道，耳念珠菌在 37 ℃孵育 48 h 后可形成浅蓝色菌落伴蓝色晕圈。本研究亦发现 35 ℃培养时菌落颜色较 28 ℃更深，但不影响蓝色晕圈的形成，提示温度可影响显色表现。

耳念珠菌以接触传播为主，感染患者及无症状定植者是主要传染源。既往研究[42]表明，腋窝与腹股沟为主要定植部位，鼻孔、肛周、指尖、手掌亦为常见定植区域，其中，前鼻孔的筛查敏感度更高。推荐对重症监护病房（ICU）等高危区域患者至少采集双侧腋窝与腹股沟皮肤标本[9, 43-44]。本研究显示，该新型念珠菌显色培养基对耳念珠菌的灵敏度为 100%，鉴定符合率为 97.5%，可作为快速初筛工具，助力高危病房患者及转院者的早期筛查与防控。同时，该培养基对白念珠菌、热带念珠菌、光滑念珠菌及克柔念珠菌的鉴定符合率均＞98%，提示其在常见念珠菌鉴别方面亦性能良好。

近平滑念珠菌复合群中的似平滑念珠菌与拟平滑念珠菌可能呈现与耳念珠菌相近的颜色特征，存在一定的表型交叉与误判风险，但该两种菌临床少见，不影响该培养基作为初筛工具的适用性。为进一步提高鉴别准确性，建议联合分析蓝色晕圈、SDA 菌落形态与色泽、生长速度及革兰染色镜下形态进行综合判读。对于不确定的菌株，最终仍需经分子生物学鉴定或 MALDI-TOF MS 予以确认。

本研究存在一定局限性。菌株分支以国内优势的南非和南亚分支为主，未涵盖东亚、南美等其他分支，但鉴于我国流行现状，该选择仍具本土代表性。此外，试验仅采用 28 ℃和 35 ℃常规培养条件，未探索 42 ℃等高温条件对耳念珠菌与近缘菌种鉴别优化的可能性，这将是后续研究的重要方向。

综上所述，该新型念珠菌显色培养基可通过菌落颜色与形态特征实现耳念珠菌的快速、直观初筛，兼具操作简便、成本低廉等优势，具有良好的临床推广可行性。本研究结果表明，该培养基不仅适用于临床标本中念珠菌分离株的初步鉴定，亦具有用于主动筛查及环境监测的潜力。其推广应用将有助于提升对耳念珠菌的早期识别能力，为医院感染的主动防控提供有力的技术支撑。

作者贡献声明：方静纯负责试验分析、解释数据和论文撰写；彭雅琴负责试验设计；伍众文负责菌株收集；马晴华负责试验实施、结果收集；徐鸿绪、廖康负责技术、材料支持；郭鹏豪负责论文审阅、最终定稿。

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] Liu Feng, Hu Zhidong, Zhao Xinmei, et al. Phylogenomic analysis of the *Candida auris-Candida haemuli* clade and related taxa in the *Metschnikowiaceae*, and proposal of thirteen new genera, fifty-five new combinations and nine new species[J]. Persoonia, 2024, 52: 22－43.

[3] Bing Jian, Huang Yanfeng, Du Han, et al. Rapid spread of Candida auris in China after COVID-19[J]. J Infect, 2025, 90(4): 106476.

[4] Azar M M, Turbett S E, Fishman J A, et al. Donor-derived transmission of *Candida auris* during lung transplantation[J]. Clin Infect Dis, 2017, 65(6): 1040－1042.

[5] Lockhart S R, Etienne K A, Vallabhaneni S, et al. Simultaneous emergence of multidrug-resistant *Candida auris* on 3 continents confirmed by whole-genome sequencing and epidemiological analyses[J]. Clin Infect Dis, 2017, 64(2): 134－140.

[6] Hu Shan, Zhu Feilong, Jiang Weiwei, et al. Retrospective analysis of the clinical characteristics of *Candida auris* infection worldwide from 2009 to 2020[J]. Front Microbiol, 2021, 12: 658329.

[7] Chowdhary A, Jain K, Chauhan N. *Candida auris* genetics and emergence[J]. Annu Rev Microbiol, 2023, 77: 583－602.

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

[9] 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.

[10] Tian Sufei, Bing Jian, Chu Yunzhuo, et al. Genomic epidemiology of *Candida auris* in a general hospital in Shenyang, China: a three-year surveillance study[J]. Emerg Microbes Infect, 2021, 10(1): 1088－1096.

[11] Guo Penghao, Fang Jingchun, Wang Ruizhi, et al. Emergence of multidrug-resistant *Candidozyma auris* in southern China: a multicenter study on genetic diversity and antifungal resistance[J]. Front Microbiol, 2025, 16: 1689176.

[12] Chaabane F, Graf A, Jequier L, et al. Review on antifungal resistance mechanisms in the emerging pathogen *Candida auris*[J]. Front Microbiol, 2019, 10: 2788.

[13] 陈碧霞，冯文强. 178 例耳念珠菌的鉴定和药敏及患者临床资料分析[J]. 标记免疫分析与临床，2025，32(7)：1414－1417，1485.
Chen Bixia, Feng Wenqiang. An analysis of the identification, drug sensitivity and clinical dataset of 178 cases of *Candida auris*[J]. Labeled Immunoassays and Clinical Medicine, 2025, 32(7): 1414－1417, 1485.

[14] Chakrabarti A, Singh S. Multidrug-resistant *Candida auris*: an epidemiological review[J]. Expert Rev Anti Infect Ther, 2020, 18(6): 551－562.

[15] Chowdhary A, Sharma C, Meis J F. *Candida auris*: a rapidly emerging cause of hospital-acquired multidrug-resistant fungal infections globally[J]. PLoS Pathog, 2017, 13(5): e1006290.

[16] 黄倩，邴健，岳慧珍，等. “超级真菌”耳念珠菌研究进展[J]. 菌物学报，2018，37(10)：1278－1286.
Huang Qian, Bing Jian, Yue Huizhen, et al. Recent progress of the study on the "superbug fungus" *Candida auris*: a review[J]. Mycosystema, 2018, 37(10): 1278－1286.

[17] WHO. WHO fungal priority pathogens list to guide research, development and public health action[R/OL]. (2022－10－25)[2026－03－27]. https://www.who.int/publications/i/item/9789240060241.

[18] Lockhart S R, Lyman M M, Sexton D J. Tools for detecting a "superbug": updates on *Candida auris* testing[J]. J Clin Microbiol, 2022, 60(5): e0080821.

[19] 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 Yu, Chen Zongyao, E Jianfei, et al. Research progress on laboratory identification methods of *Candida auris*[J]. Chinese Journal of Mycology, 2022, 17(5): 414－420, 424.

[20] Sanyaolu A, Okorie C, Marinkovic A, et al. *Candida auris*: an overview of the emerging drug-resistant fungal infection[J]. Infect Chemother, 2022, 54(2): 236－246.

[21] CDC. Tracking C. auris[EB/OL]. (2026－03－03)[2026－04－13]. https://www.cdc.gov/candida-auris/tracking-c-auris/.

[22] Clancy C J, Nguyen M H. Emergence of *Candida auris*: an international call to arms[J]. Clin Infect Dis, 2017, 64(2): 141－143.

[23] Eyre D W, Sheppard A E, Madder H, et al. A *Candida auris* outbreak and its control in an intensive care setting[J]. N Engl J Med, 2018, 379(14): 1322 - 1331.

[24] Tian Sufei, Rong Chen, Nian Hua, et al. First cases and risk factors of super yeast *Candida auris* infection or colonization from Shenyang, China[J]. Emerg Microbes Infect, 2018, 7(1): 128.

[25] Bing Jian, Wang Sijia, Xu Heping, et al. A case of *Candida auris* candidemia in Xiamen, China, and a comparative analysis of clinical isolates in China[J]. Mycology, 2022, 13(1): 68 - 75.

[26] Peng Yaqin, Liu Yue, Yu Xuegao, et al. First report of *Candida auris* in Guangdong, China: clinical and microbiological characteristics of 7 episodes of candidemia [J]. Emerg Microbes Infect, 2024, 13(1): 2300525.

[27] Wei Mingjing, Guo Jian, Li Li, et al. The epidemiology and infection control of Candida auris in Shanghai[J]. Mycoses, 2026, 69(4): e70176.

[28] Chen Yong, Zhao Jingya, Han Li, et al. Emergency of fungemia cases caused by fluconazole-resistant *Candida auris* in Beijing, China[J]. J Infect, 2018, 77(6): 561 - 571.

[29] Wang Xiaojuan, Bing Jian, Zheng Qiushi, et al. The first isolate of *Candida auris* in China: clinical and biological aspects [J]. Emerg Microbes Infect, 2018, 7(1): 93.

[30] 徐英春, 黄晶晶, 肖盟, 等. 中国耳念珠菌临床感染现状[J]. 协和医学杂志, 2019, 10(5): 442 - 445.
Xu Yingchun, Huang Jingjing, Xiao Meng, et al. Current status of clinical infection of *Candida auris* in China[J]. Medical Journal of Peking Union Medical College Hospital, 2019, 10(5): 442 - 445.

[31] Lone S A, Ahmad A. *Candida auris*-the growing menace to global health[J]. Mycoses, 2019, 62(8): 620 - 637.

[32] Ambaraghassi G, Dufresne P J, Dufresne S F, et al. Identification of *Candida auris* by use of the updated Vitek 2 yeast identification system, version 8.01: a multilaboratory evaluation study[J]. J Clin Microbiol, 2019, 57(11): e00884 - 19.

[33] Mizusawa M, Miller H, Green R, et al. Can multidrug-resistant *Candida auris* be reliably identified in clinical microbiology laboratories? [J]. J Clin Microbiol, 2017, 55(2): 638 - 640.

[34] Vatanshenassan M, Boekhout T, Meis J F, et al. *Candida auris* identification and rapid antifungal susceptibility testing against echinocandins by MALDI-TOF MS[J]. Front Cell Infect Microbiol, 2019, 9: 20.

[35] 吴清平, 周艳红, 蔡芷荷. 卫生微生物特异性显色培养基的研究与应用[J]. 中国卫生检验杂志, 2005, 15(1): 124 - 126.
Wu Qingping, Zhou Yanhong, Cai Zhihe. Application and research of chromogenic culture media in detection and identification of sanitary microorganisms [J]. Chinese Journal of Health Laboratory Technology, 2005, 15(1): 124 - 126.

[36] 王瑶, 徐英春. 临床酵母样真菌实验室检查[J]. 临床检验杂志, 2017, 35(10): 765 - 769.
Wang Yao, Xu Yingchun. Laboratory examination of clinical yeast-like fungi[J]. Chinese Journal of Clinical Laboratory Science, 2017, 35(10): 765 - 769.

[37] de Jong A W, Dieleman C, Carbia M, et al. Performance of two novel chromogenic media for the identification of multidrug-resistant *Candida auris* compared with other commercially available formulations[J]. J Clin Microbiol, 2021, 59(4): e03220 - 20.

[38] Borman A M, Fraser M, Johnson E M. CHROMagar™ Candida plus: a novel chromogenic agar that permits the rapid identification of *Candida auris*[J]. Med Mycol, 2021, 59(3): 253 - 258.

[39] Mulet Bayona J V, Salvador García C, Tormo Palop N, et al. Novel chromogenic medium CHROMagar™ Candida plus for detection of *Candida auris* and other Candida species from surveillance and environmental samples: a multicenter study [J]. J Fungi (Basel), 2022, 8(3): 281.

[40] Bentz M L, Le N, Min B, et al. Evaluation of CHROMagar *Candida* plus for the detection of C. *auris* with a panel of 206 fungal isolates and 83 colonization screening skin-swabs[J]. Microbiol Spectr, 2024, 12(4): e0356423.

[41] Mulet Bayona J V, Salvador García C, Tormo Palop N, et al. Evaluation of a novel chromogenic medium for *Candida* spp. identification and comparison with CHROMagar™ *Candida* for the detection of *Candida auris* in surveillance samples[J]. Diagn Microbiol Infect Dis, 2020, 98(4): 115168.

[42] Proctor D M, Dangana T, Sexton D J, et al. Integrated genomic, epidemiologic investigation of *Candida auris* skin colonization in a skilled nursing facility[J]. Nat Med, 2021, 27(8): 1401 - 1409.

[43] Leonhard S E, Chong G M, Foudraine D E, et al. Proposal for a screening protocol for *Candida auris* colonization[J]. J Hosp Infect, 2024, 146: 31 - 36.

[44] Schelenz S, Hagen F, Rhodes J L, et al. First hospital outbreak of the globally emerging *Candida auris* in a European hospital[J]. Antimicrob Resist Infect Control, 2016, 5: 35.

（本文编辑：翟若南）

本文引用格式：方静纯，彭雅琴，伍众文，等. 一种新型念珠菌显色培养基快速鉴定及筛查耳念珠菌的性能评估[J]. 中国感染控制杂志，2026，25(10)：1516 - 1524. DOI：10.12138/j.issn.1671 - 9638.20264490.

Cite this article as: Fang Jingchun, Peng Yaqin, Wu Zhongwen, et al. Performance evaluation of a novel chromogenic Candida medium for rapid identification and screening of *Candida auris* [J]. Chin J Infect Control, 2026, 25(10): 1516 - 1524. DOI: 10.12138/j.issn.1671 - 9638.20264490.