

缓症链球菌属血流感染的临床特征和耐药监测

李亚娟,刘婷婷,黄颖,徐元宏

(安徽医科大学第一附属医院检验科,合肥 230022)

摘要 **目的** 研究近几年缓症链球菌属(SMG)血流感染的流行病学特征、耐药特点以及临床致病风险和趋势。**方法** 收集50例来自SMG血流感染患者血培养阳性标本,通过基质辅助激光解吸电离飞行质谱(MALDI-TOF MS)鉴定菌株;抗生素敏感性通过最小抑菌浓度和纸片扩散法(K-B法)进行试验;通过统计软件结合临床资料进行数据综合分析。**结果** 通过质谱鉴定出血流感染中SMG的5种菌株,分别是口腔/缓症链球菌、肺炎链球菌、戈登链球菌、血链球菌和副血链球菌。这些SMG对红霉素和克林霉素具有较高的耐药率,但对青霉素、氨苄西林和头孢曲松的耐药率较低。另外血红蛋白和白蛋白降低、C反应蛋白和降钙素原升高实验室指标是SMG血流感染患者常见的血液学变化。在SMG菌血症中,戈登链球菌、血链球菌和口腔/缓症链球菌是导致感染性心内膜炎的主要致病菌,心肌疾病风险因素使前两者更加盛行。口腔/缓症链球菌菌血症更多是发生在肾脏移植合并肺部感染的患者中。**结论** 在本地区, β -内酰胺类抗生素是治疗SMG的最佳选择。系统发育上相近的SMG各菌种在血流感染患者中表现出不同流行率和临床疾病的风险,SMG引起菌血症的早期预防和诊断对于临床诊断、治疗和有效控制疾病进展是必要的。

关键词 缓症链球菌属;感染;流行病学;临床特征;耐药率;风险因子

中图分类号 R 446.5

文献标志码 A **文章编号** 1000-1492(2025)04-0724-06

doi:10.19405/j.cnki.issn1000-1492.2025.04.020

缓症链球菌属(*Streptococcus mitis* group, SMG)包括多种不同的链球菌,常见的有口腔/缓症链球菌、肺炎链球菌、戈登链球菌、血链球菌和副血链球菌。近年来,作为定植菌的SMG由于组分和耐药性

的改变表现出了致病潜力^[1],尤其是侵入血流导致侵袭性感染如菌血症和感染性心内膜炎(infective endocarditis, IE),导致患者病情进展快、病死率高,威胁着人类的健康。由于SMG各菌种系统发育树相近,各组间发生基因重组和基因水平转移,生化反应很难区分其菌种^[2],临床上很少研究探讨SMG感染的临床重要性。为了更好地了解SMG的致病特点,对某省会城市三甲医院近年来SMG血流感染的分布特征、耐药率以及SMG菌种与临床疾病的关系进行研究,这可能为临床诊断治疗和有效控制疾

2024-12-17 接收

基金项目:安徽省高校科研项目重大项目(编号:2022AH040162)

作者简介:李亚娟,女,副主任技师;

徐元宏,男,教授,博士生导师,主任技师,通信作者, E-mail:xyhong1964@163.com

1.726). ④ There was no significant relationship between gene polymorphism and the occurrence of respiratory distress syndrome (RDS) and periventricular-intraventricular hemorrhage (PIVH). **Conclusion** eNOS gene polymorphism is associated with the occurrence of BPD and ROP in preterm infants. The evaluation of eNOS gene polymorphism by umbilical cord blood measurement is helpful for the prevention and correct management of some serious complications.

Key words endothelial nitric oxide synthase; gene polymorphism; bronchopulmonary dysplasia; retinopathy prematurity; preterm infants

Fund programs National Natural Science Foundation of China (No. 82100315); Research Project on Maternal and Infant Nutrition and Health, Maternal and Child Health Center, Chinese Center for Disease Control and Prevention (No. 2022FYH007); Hefei Municipal Health Commission Applied Medical Research Project (No. Hwk2021zd016); Scientific Research Project of Anhui Medical University (No. 2020xkj235)

Corresponding author Zhang Bin, E-mail:270447958@qq.com

病进展提供参考。

1 材料与方法

1.1 一般资料 收集近3年安徽医科大学第一附属医院 SMG 血流感染住院患者血培养送检标本,分离出 50 株 SMG 阳性菌株,剔除同一患者同一时期反复出现的同种菌株。所有患者的临床信息包括年龄、基础疾病和并发症、住院时间、实验室检查结果等均从医院的电子医疗系统中检索。

1.2 微生物鉴定和药物敏感性检测 血液样本在自动微生物鉴定系统(BacT/ALERT 3D 和 VIRTUO, 生物梅里埃法国股份有限公司)进行培养,确定 SMG 血流感染通过两次以上血培养阳性或仅一次血培养阳性并伴有明显临床症状。各菌株通过基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(MALDI-TOF MS, 法国梅里埃公司)进行鉴定,质控菌株使用大肠埃希菌(ATCC25922)和肺炎链球菌(ATCC49619)。菌株药物敏感性通过全自动微生物药敏分析系统(VITEK 2-Compact, 法国梅里埃)和 DL-120STREP 试剂盒(DL-96A, 珠海迪尔生物工程股份有限公司)进行最小抑菌浓度测定,以及 K-B 纸片扩散法进行,参照美国临床实验室标准(CLSI-M100)和欧洲药敏试验委员会标准(EUCAST)对结果进行耐药(R)、中介(I)和敏感(S)的判断。

1.3 统计学处理 使用 SPSS 26.0 统计学软件对数据进行分析。正态分布的连续变量表示为均数 $\pm$ 标准差($\bar{x} \pm s$),并通过 Student *t* 检验和 χ^2 检验进行比较。偏态分布的数据表示为中位数 $M(P_{25}, P_{75})$,并通过 Mann-Whitney *U* 检验。5 组或每 2 组的比较使用单因素方差分析(ANOVA)或 Kruskal-Wallis *H* 检验。分类数据以频率表示,使用 χ^2 检验。以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 SMG 血流感染患者的临床分布 50 例 SMG 血流感染的患者中,女性 22 例,男性 28 例,比例为 1:1.3。近 3 年引起血流感染的 50 例 SMG 包括口腔/缓症链球菌 26 株,肺炎链球菌 6 株,戈登链球菌 7 株,血链球菌 8 株和副血链球菌 3 株。见图 1,口腔/缓症链球菌感染患者主要分布在泌尿外科(42%)和重症医学(27%),肺炎链球菌感染患者主要分布在儿科(83%),戈登链球菌感染患者主要分布在感染科(72%),血链球菌感染患者临床分布较分散,而副血链球菌分离率较低,来源于移植患者。

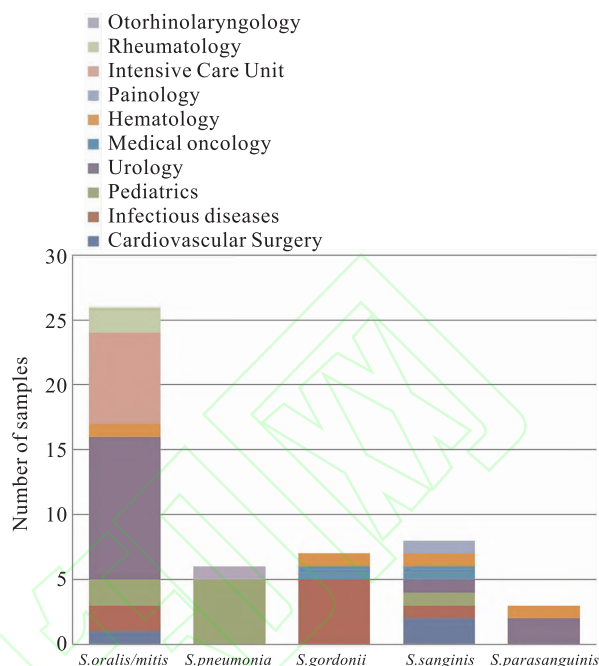


图1 缓症链球菌属血流感染的临床科室分布

Fig. 1 Distribution of clinical departments of SMG bloodstream infection

2.2 SMG 对常见抗生素药物的敏感性 根据 CLSI 和 EUCAST 指南判断标准,判定血流感染患者 SMG 分离株对常见抗菌药物的体外敏感性。见表 1,5 种常见 SMG 菌株均对万古霉素和利奈唑胺全敏感。分别对每种菌株耐药率分析表明,口腔/缓症链球菌对红霉素、头孢曲松、左氧氟沙星、克林霉素的耐药率较高(39.1%~69.2%),其次对青霉素和氨苄西林的耐药率分别为 32.0%。分离的肺炎链球菌,对红霉素、克林霉素和复方新诺明耐药率均高于 50.0%,而对青霉素和氨苄西林的耐药率较低。另外,肺炎链球菌对头孢曲松和莫西沙星没有观察到耐药情况。戈登链球菌和血链球菌对大部分检测的抗生素都较敏感,但血链球菌对红霉素和克林霉素有 50.0% 的耐药率。副血链球菌对大部分抗生素耐药率较高。

2.3 实验室检查结果 入院时 SMG 感染患者的 C 反应蛋白(CRP,44/50,88%)和降钙素原(PCT,22/45,48.9%)都明显升高,而血红蛋白(Hb)(43/50,86%)和白蛋白(ALB)降低(44/50,88%)。并且与肺炎链球菌感染组相比,戈登链球菌和血链球菌感染组的 ALB 指标 100% 降低,差异有统计学意义($P = 0.002$)。见表 2。

肺炎链球菌血流感染患者的一个流行病学特征

表 1 缓症链球菌属对常见抗生素的耐药分析

Tab.1 Analysis of the resistance of SMC to common antibiotics

Antimicrobial agent	<i>S. oral/mitis</i>			<i>S. pneumoniae</i>			<i>S. gordonii</i>			<i>S. sanguinis</i>			<i>S. parasanguinis</i>			Total		
	<i>n</i>	R(%)	S(%)	<i>n</i>	R(%)	S(%)	<i>n</i>	R(%)	S(%)	<i>n</i>	R(%)	S(%)	<i>n</i>	R(%)	S(%)	<i>n</i>	R(%)	S(%)
Erthromycin	26	69.2	11.5	6	66.7	33.3	7	28.6	71.4	8	50.0	50.0	3	33.3	0	50	58.0	28.0
Clindamycin	23	39.1	56.5	6	66.7	33.3	7	14.3	71.4	8	50.0	50.0	3	33.3	66.7	47	40.4	55.3
Levofloxacin	24	45.8	45.8	6	0	100.0	7	0	100.0	8	12.5	87.5	3	66.7	0	48	29.2	64.6
Penicillin G	25	32.0	44.0	6	16.7	83.3	6	16.7	66.7	7	14.3	85.7	3	66.7	33.3	47	27.7	57.4
Ampicillin	25	32.0	52.0	6	16.7	83.3	6	0	83.3	7	0	85.7				44	20.5	65.9
Ceftriaxone	26	53.9	46.1	5	0	100.0	7	0	85.7	8	0	87.5	3	66.7	33.3	49	32.7	63.3
Vancomycin	26	0	100.0	6	0	100.0	7	0	100.0	8	0	100.0	3	0	100.0	50	0	100.0
Linezolid	26	0	100.0	6	0	100.0	7	0	100.0	8	0	100.0	3	0	100.0	50	0	100.0
Cotrimoxazole				6	50.0	50.0										6	50.0	50.0
Moxifloxacin				5	0	100.0										5	0	100.0

N: Number of patients;R:Resistant rate;S:Susceptible rate.

表 2 缓症链球菌属血流感染患者的实验室检查结果[$n(\%)$, $\bar{x} \pm s, M(P_{25}, P_{75})$]

Tab.2 Laboratory examination results of patients with SMC infection[$n(\%)$, $\bar{x} \pm s, M(P_{25}, P_{75})$]

Laboratory results	<i>S. oral/mitis</i>	<i>S. pneumoniae</i>	<i>S. gordonii</i>	<i>S. sanguinis</i>	<i>S. parasanguinis</i>	<i>P</i>
	(<i>n</i> = 26)	(<i>n</i> = 6)	(<i>n</i> = 7)	(<i>n</i> = 8)	(<i>n</i> = 3)	value
Elevated WBC($>9.5 \times 10^9/L$)	6 (23.1)	6 (100.0)	2 (28.6)	4 (50.0)	0 (0)	0.003 ^a
WBC($10^9/L$)	6.73 $\pm$ 4.43	22.63 $\pm$ 10.03	6.58 $\pm$ 3.25	9.20 $\pm$ 2.51	3.17 $\pm$ 2.83	0.001 ^b
RBC($10^{12}/L$)	3.45 $\pm$ 0.65	4.45 $\pm$ 0.74	3.07 $\pm$ 1.03	3.31 $\pm$ 0.63	4.40 $\pm$ 0.78	0.015 ^b
Reduced Hb	22(84.6)	3 (50.0)	7 (100.0)	8 (100.0)	3 (100.0)	0.617 ^a
Hb(g/L)	100.84 $\pm$ 20.84	113.10 $\pm$ 15.76	85.00 $\pm$ 26.60	88.50 $\pm$ 17.23	17.30 $\pm$ 18.45	0.082 ^b
PLT($10^9/L$)	146.00 $\pm$ 85.26	384.80 $\pm$ 98.11	163.85 $\pm$ 138.74	181.13 $\pm$ 78.09	156.00 $\pm$ 119.50	0.001 ^b
TP(g/L)	59.23 $\pm$ 6.75	71.63 $\pm$ 10.13	61.70 $\pm$ 9.78	58.06 $\pm$ 10.65	66.07 $\pm$ 12.54	0.056 ^b
Reduced ALB	24 (92.3)	3 (50.0)	7 (100.0)	8 (100.0)	2 (66.7)	0.026 ^a
ALB(g/L)	33.00 $\pm$ 4.71	41.08 $\pm$ 6.16	31.56 $\pm$ 2.78	29.83 $\pm$ 5.72	37.67 $\pm$ 8.92	0.002 ^b
GLO(g/L)	25.85 $\pm$ 5.66	30.55 $\pm$ 5.87	30.14 $\pm$ 8.05	28.24 $\pm$ 9.08	24.40 $\pm$ 4.29	0.333 ^b
TBIL(μ mol/L)	12.55(8.45, 17.05)	10.35 $\pm$ 2.79	10.70(9.00, 20.60)	11.69 $\pm$ 4.82	8.40 $\pm$ 0.61	0.429 ^c
Elevated ALT	9 (34.6)	1 (16.7)	4 (57.1)	1 (12.5)	0 (0)	0.306 ^a
ALT(U/L)	26.50(15.50, 46.75)	16.00(12.00,50.00)	83.57 $\pm$ 67.82	19.00(10.75,21.75)	14.67 $\pm$ 7.37	0.058 ^c
Elevated ALT	13 (50.0)	4 (66.7)	3 (42.9)	1 (12.5)	1 (33.3)	0.273 ^a
AST(U/L)	39.00(21.00, 57.25)	58.33 $\pm$ 48.34	33.00(16.00,147.00)	22.00(17.00,27.50)	30.00 $\pm$ 14.93	0.263 ^c
Urea(mmol/L)	10.98 $\pm$ 7.23	3.35 $\pm$ 0.93	5.24(3.84, 12.56)	6.64 $\pm$ 5.09	6.35 $\pm$ 2.18	0.054 ^c
Elevated CRP(>10 mg/L)	21 (80.8)	5 (83.3)	7 (100.0)	8 (100.0)	2 (66.7)	0.371 ^a
CRP(mg/L)	35.11(12.93,111.93)	72.88 $\pm$ 82.32	69.28 $\pm$ 40.05	63.58 $\pm$ 43.49	151.83 $\pm$ 85.43	0.821 ^c
Elevated PCT(>0.5 ng/mL)	15 (60.0)	2 (50.0)	3 (42.9)	2 (28.6)	0 (0)	0.371 ^a
PCT(ng/mL)	1.54(0.20, 10.05)	2.25 $\pm$ 2.65	0.34(0.25, 0.96)	0.17(0.10, 0.81)	0.11 $\pm$ 0.08	0.189 ^c

^a:Fisher exact test was used due to the theoretical frequency of the data is less than 5 or N is less than 40;^b:Single factor analysis of variance (ANOVA);^c:Kruskal-Wallis *H* ranksum test.

是主要发生在 5 岁以下的儿童中,见表 3,与其他感染组相比差异有统计学意义($P < 0.05$)。与口腔/缓症链球菌($P = 0.011$)、戈登链球菌($P = 0.010$)、血链球菌($P = 0.021$)和副血链球菌($P = 0.015$)感染组相比,肺炎链球菌血流感染患者的白细胞计数(WBC)显著升高(均值高于 $22 \times 10^9/L$),而红细胞数目(RBC)和血小板计(PLT)在正常参考值范围的高值(分别为 $P = 0.015$ 和 $P = 0.001$),见表 2。其他实验室检测结果各组间没有显著性变化。

2.4 导致 IE 的 SMG 菌种特征 对本地区 SMC 感染相关疾病的分析,结果显示戈登链球菌(57.14%)、血链球菌(37.50%)和口腔/缓症链球菌(3.85%)是导致 IE 的主要致病菌($P = 0.004$)。其中与口腔/缓症链球菌相比,戈登链球菌($P = 0.004$)和血链球菌($P = 0.033$)更易引起 IE,见表 3。另外,糖尿病、心肌疾病和肾移植等潜在基础疾病是 SMG 菌株血流感染的相关因素。与口腔/缓症链球菌感染组相比,心肌疾病是戈登链球菌和血链

表3 缓症链球菌属血流感染患者的人口统计学和流行病学特征[*n*(%) ,*n* =50]

Tab.3 Baseline demographic and epidemiological characteristics of bloodstream infected patients by SMG [<i>n</i> (%) , <i>n</i> =50]						
Clinical characteristics	<i>S. oral/mitis</i> (<i>n</i> =26)	<i>S. pneumoniae</i> (<i>n</i> =6)	<i>S. gordonii</i> (<i>n</i> =7)	<i>S. sanguinis</i> (<i>n</i> =8)	<i>S. parasanguinis</i> (<i>n</i> =3)	<i>P</i> value
Gender						
Male	9	4	5	7	3	0.723 ^a
Female	17	2	2	1	0	
Age(years)						
0 – 11	1	5	0	0	0	<0.001 ^a
12 – 45	14	0	1	5	2	0.031 ^a
>45	11	1	6	3	1	0.125 ^a
Mean hospitalization time (d)						
≤7	1	2	1	2	0	0.111 ^a
7 – 14	2	2	1	1	2	0.055 ^a
> 14	23	2	5	5	1	0.017 ^a
Risk factors						
Invasive intervention/procedure	9	1	5	3	0	0.205 ^a
Catheter intubation	4	1	2	2	0	0.863 ^a
Surgery	7	1	3	4	0	0.502 ^a
Hemodialysis/Peritoneal dialysis	5	0	0	0	0	0.587 ^a
Immunosuppressive state	10	0	1	1	3	0.017 ^a
Underlying disease						
Diabetes	1	0	1	2	2	0.024 ^a
Cancer	5	1	1	3	1	0.744 ^a
Myocardial disease	4	0	4	4	0	0.017 ^a
Hepatobiliary disease	4	0	5	2	0	0.064 ^a
Nephropathy (kidney disease)	9	0	4	2	2	0.132 ^a
Cerebral vascular disease	3	0	0	2	0	0.621 ^a
Respiratory disease	15	5	3	3	2	0.484 ^a
Leukemia	1	0	1	0	1	0.207 ^a
Kidney transplant	12 (46.15)	0	0	1 (12.50)	2 (66.70)	0.012 ^a
Concomitant other bacterial infection	7	0	0	0	1	
Infective endocarditis	1 (3.85)	0	4 (57.14)	3 (37.50)	0	0.004 ^a
Outcome						
Improvement	21	6	5	8	3	0.451 ^a
Deterioration	2	0	2	0	0	0.679 ^a
Death	3	0	0	0	0	

^a:Fisher exact test.

球菌引起 IE 的独立风险因素,差异有统计学意义 ($P=0.042,P=0.040$)。

2.5 肾移植合并肺部感染患者的 SMG 感染特征

在肾移植合并肺部感染的患者中,5 种 SMG 菌株引起血流感染的潜能差异有统计学意义 ($P=0.012$),见表 3。其中,口腔/缓症链球菌(12/26, 46.15%)是肾移植进展为肺部感染患者菌血症的主要致病菌,与戈登链球菌和肺炎链球菌相比,差异有统计学意义($P=0.027,P=0.043$)。临床治疗效果显示,绝大多数(43/50,86.00%)患者通过治疗得以好转或治愈,平均住院时间为(24.02 ± 12.61)d。

3 讨论

作为定植菌的 SMG 仍然能够导致儿童、老年患者和免疫功能低下患者发生严重感染,特别是血流感染,病情进展迅速。SMG 血流感染是一个复杂的事件,通常与宿主的弱免疫状态有关。因此,从血流感染患者中分离出主要的 SMG 菌株,并研究它们的抗菌药物敏感性、临床特征和导致相关疾病的流行率和风险,将有助于预防严重感染的发生、以及对相关疾病采取有针对性的治疗方案时提供参考。

该研究显示 SMG 对万古霉素和利奈唑胺完全敏感,其次是对青霉素和氨苄西林较敏感(耐药率分别为 27.7% 和 20.5%),这与最新报道^[3]中提出

的 SMG 通常对青霉素不敏感的结论不一致,其研究分析显示链球菌菌血症患者的病死率与对青霉素不敏感有关,而该研究中 SMG 菌血症患者病死率较低(6.0%)。此外,该研究中 50 例 SMG 对红霉素和克林霉素的总耐药率较高,这一结果与之前的其他研究^[4]基本一致,提示临床上红霉素和克林霉素不适合用于 SMG 感染相关疾病。一项最新的来自阿拉伯联合酋长国报告^[5]显示,肺炎链球菌对 β -内酰胺类抗生素的耐药率下降,该研究结果与之相符。因此,左氧氟沙星、莫西沙星和头孢曲松是治疗本地区肺炎链球菌感染最有效的抗生素,敏感率很高。戈登链球菌对大部分抗生素较敏感,而血链球菌对红霉素和克林霉素耐药率增加,一项基于基因组测序的研究^[6]表明耐药血链球菌基因组存在一种新型转座子可导致大环内酯类-林可酰胺类-链阳菌素 B 类抗生素耐药。不同地区 SMG 的耐药率不同,可能是由于每个地区经验性使用抗生素和流行耐药菌株造成的。在治疗 β -内酰胺类敏感的 SMG 感染的情况下, β -内酰胺类的疗效优于万古霉素。

血培养和瓣膜培养通常是诊断 IE 的第一步。根据 Kim et al^[7]报道,61% 链球菌性 IE 都是由 SMG 导致。一项研究^[8]显示导致 IE 常见的链球菌致病菌中,变异链球菌、戈登链球菌、血链球菌、牛链球菌和口腔/缓症链球菌致病率最高,其次是唾液链球菌和无乳链球菌。除此之外,肺炎链球菌占比 1.2%。该研究结果显示 SMG 中戈登链球菌、血链球菌和口腔/缓症链球菌是导致 IE 的 3 种最常见菌株,这与以上报道的结果一致。但与西班牙物种流行病学特征数据有所不同^[9],该报道指出口腔链球菌、牛链球菌和缓症链球菌是最常见的 3 种导致链球菌性心内膜炎的致病菌。然而,肺炎链球菌和副血链球菌感染组没有导致 IE 的病例,这可能是由于病例数太少,差异无统计学意义。总之,在本地区,戈登链球菌和血链球菌是引发 IE 的最重要的 SMG 菌种。不同的是,口腔/缓症链球菌引起 IE 的病例并不多见,推测可能是 SMG 各菌种的流行率和致病性存在地区差异性。研究^[10]表明 IE 相关的口腔/缓症链球菌不是由特定的毒力或抗菌耐药谱系引起的,这说明口腔/缓症链球菌引发 IE 存在偶然致病性。目前临床上 IE 的治疗使用肠外敏感抗生素,结合早期手术干预,可以降低病死率和栓塞的发生。该文中 SMG 是从 IE 患者血液培养中分离出来的,具有相关的致病特征,未来更多的研究将集中在这些 SMG 的致病机制上。

研究^[11]强调,口腔/缓症链球菌占有口腔革兰阳性球菌的 87.3%。口腔是许多重要物种引起血流感染的部位,有更大的机会和优势进入血液,在免疫缺陷患者中引起菌血症。此外,肺部感染是肾移植受者发病和死亡的主要原因^[12],作为并发细菌感染,口腔/缓症链球菌可能与肺部感染有关。宿主免疫系统与口腔/缓症链球菌之间的相互作用机制也非常重要,需要进一步研究。该研究还有不足之处,收集到的副血链球菌和肺炎链球菌菌血症病例较少,3 例副血链球菌菌血症患者都处于移植免疫抑制状态。而 6 例肺炎链球菌菌血症病例经常发生在 5 岁以下住院儿童中,文中显著的实验室检查指标显示肺炎链球菌侵袭性血流感染儿童患者中,平均 WBC 为 $(22.63 \pm 10.0) \times 10^9/L$,PCT ≥ 2 ng/mL,与最新关于儿童侵袭性肺炎链球菌病的研究^[13]结论一致,可以作为肺炎链球菌血流感染的辅助诊断。但由于血培养送检不充分或培养前使用抗生素,限制了对儿童菌血症的研究,未来需要更多的数据来评估儿童肺炎链球菌血流感染的临床特征。

参考文献

- [1] Okahashi N, Nakata M, Kuwata H, et al. Oral mitis group streptococci: a silent majority in our oral cavity[J]. Microbiol Immunol, 2022, 66(12): 539-51. doi:10.1111/1348-0421.13028.
- [2] Velsko I M, Perez M S, Richards V P. Resolving phylogenetic relationships for *Streptococcus mitis* and *Streptococcus oralis* through core- and pan-genome analyses[J]. Genome Biol Evol, 2019, 11(4): 1077-87. doi:10.1093/gbe/evz049.
- [3] Lopardo H A, Vigliarolo L, Bonofiglio L, et al. Beta-lactam antibiotics and viridans group streptococci[J]. Rev Argent Microbiol, 2022, 54(4): 335-43. doi:10.1016/j.ram.2022.06.004.
- [4] Davidovich N V, Galieva A S, Davydova N G, et al. Spectrum and resistance determinants of oral streptococci clinical isolates[J]. Klin Lab Diagn, 2020, 65(10): 632-7. doi:10.18821/0869-2084-2020-65-10-632-637.
- [5] Senok A, Thomsen J, Abdulrazzaq N M, et al. Antimicrobial resistance in *Streptococcus pneumoniae*: a retrospective analysis of emerging trends in the united Arab emirates from 2010 to 2021[J]. Front Public Health, 2023, 11: 1244357. doi:10.3389/fpubh.2023.1244357.
- [6] Huang Y, Wen Y, Jia Q, et al. Genome analysis of a multidrug-resistant *Streptococcus sanguis* isolated from a throat swab of a child with scarlet fever[J]. J Glob Antimicrob Resist, 2020, 20: 1-3. doi:10.1016/j.jgar.2019.10.029.
- [7] Kim S L, Gordon S M, Shrestha N K. Distribution of streptococcal groups causing infective endocarditis: a descriptive study[J]. Diagn Microbiol Infect Dis, 2018, 91(3): 269-72. doi:10.1016/

- j. diagmicrobio. 2018. 02. 015.
- [8] Chamat-Hedemand S, Dahl A, Østergaard L, et al. Prevalence of infective endocarditis in streptococcal bloodstream infections is dependent on streptococcal species [J]. Circulation, 2020, 142(8): 720 – 30. doi: 10. 1161/CIRCULATIONAHA. 120. 046723.
- [9] Ercibengoa M, Goenaga M A, Ardanuy C, et al. Epidemiological and clinical characteristics of *Streptococcus tigurinus* endocarditis [J]. BMC Infect Dis, 2019, 19(1): 291. doi:10. 1186/s12879 – 019 – 3914 – 6.
- [10] Kalizang'oma A, Richard D, Kwambana-Adams B, et al. Population genomics of *Streptococcus mitis* in UK and Ireland bloodstream infection and infective endocarditis cases [J]. Nat Commun, 2024, 15(1): 7812. doi:10. 1038/s41467 – 024 – 52120 – z.
- [11] Oishi T, Muratani T, Tanaka T, et al. Study of normal flora in the pharynx of healthy children[J]. Jpn J Infect Dis, 2021, 74(5): 450 – 7. doi:10. 7883/yoken. JJID. 2020. 824.
- [12] Mangalgi S, Madan K, Das C J, et al. Pulmonary infections after renal transplantation: a prospective study from a tropical country [J]. Transpl Int, 2021, 34(3): 525 – 34. doi:10. 1111/tri. 13817.
- [13] 李志, 刘 钢, 赵保玲, 等. 儿童侵袭性肺炎链球菌病的临床特点与分离株耐药性分析[J]. 中国合理用药探索, 2022, 19(5): 17 – 22. doi:10. 3969/j. issn. 2096 – 3327. 2022. 05. 004.
- Li Z, Liu G, Zhao B L, et al. Clinical characteristics of invasive pneumococcal disease in children and analysis of drug resistance of isolates[J]. Chin J Ration Drug Use, 2022, 19(5): 17 – 22. doi:10. 3969/j. issn. 2096 – 3327. 2022. 05. 004.

Clinical characteristics and drug resistance monitoring of *Streptococcus mitis* group bloodstream infection

Li Yajuan, Liu Tingting, Huang Ying, Xu Yuanhong

(Dept of Clinical Laboratory, The First Affiliated Hospital of Anhui Medical University, Hefei 230022)

Abstract Objective To assess the epidemiological, drug resistance, and their relative risk and prevalence for yielding clinical diseases of *Streptococcus mitis* group (SMG) bloodstream infections in recent years. **Methods** A total of 50 blood culture specimens were collected from patients with SMG bloodstream infection. These SMG isolates were identified by matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS). The susceptibility to antibiotics was tested by minimal inhibitory concentrations and Kirby-Bauer (K-B) disk diffusion methods. The data were comprehensively analyzed by statistical software combined with clinical data. **Results** Five strains were identified in SMG bloodstream infection by mass spectrometry, namely *Streptococcus oralis/mitis* (*S. oralis/mitis*), *Streptococcus pneumonia* (*S. pneumonia*), *Streptococcus gordonii* (*S. gordonii*), *Streptococcus sanguinis* (*S. sanguinis*), and *Streptococcus parasanguinis*. These SMG showed high resistance to erythromycin and clindamycin, but low resistance to penicillin, ampicillin and ceftriaxone. Reduced hemoglobin and albumin, elevated C-reactive protein and procalcitonin were the common hematological changes in patients with SMG bloodstream infections. In SMG bacteremia, *S. gordonii*, *S. sanguinis* and *S. orals/mitis* were the leading group causing infective endocarditis. Patients with myocardial disease factor were more likely to cause infective endocarditis by *S. gordonii* and *S. sanguinis*, compared with *S. orals/mitis*. *S. oralis/mitis* bacteremia more occurred in patients with renal transplants progressing to pulmonary infection. **Conclusion** In this area, β -lactam antibiotics are the best choice for treating SMG. SMG species with closely related phylogenetically show different prevalence and risk of clinical disease in bloodstream infection patients. Early prevention and diagnosis of bacteremia caused by SMG are necessary for clinical diagnosis, treatment and effective control of infectious diseases progression.

Key words *Streptococcus mitis* group; infection; epidemiology; clinical characteristics; drug resistance; risk factors

Fund program Natural Science Research Project in Higher Education Institutions of Anhui Province (No. 2022AH040162)

Corresponding author Xu Yuanhong, E-mail:xyhong1964@163.com