四川大学学报（医学版） 2026，57（3）：801－806
J Sichuan Univ（Med Sci） doi: 10.12182/20260560105

在线全文

某三甲医院肺外非结核分枝杆菌感染的微生物学特征分析

周 丹，熊 丽，邓 劲，肖玉玲△
四川大学华西医院 实验医学科（成都 610041）

【摘要】 目的 本研究旨在分析某三甲医院肺外非结核分枝杆菌（extrapulmonary nontuberculous mycobacterial, ENTM）感染的微生物学特征，为ENTM感染的临床诊疗提供数据支撑。**方法** 回顾性分析四川大学华西医院2020–2023年分枝杆菌培养结果，共纳入ENTM感染确诊病例68例，所有纳入病例均符合《非结核分枝杆菌病诊断与治疗指南（2020年版）》中肺外感染的诊断标准。分析纳入病例的人口学特征、菌种分布特征及药敏试验结果。采用质谱技术进行微生物菌种鉴定，采用微量肉汤稀释法进行药敏试验。**结果** 68例ENTM感染病例中，男女比例为1∶1.2，40～59岁为主要感染人群，感染部位以皮肤软组织最常见。标本主要来源为脓液（33.8%，23例），其次为病理组织（26.5%，18例）；确诊患者主要来源于感染科（29.4%，20例）。68例ENTM中，快速生长型分枝杆菌（rapid-growing mycobacterial, RGM）占32.4%（22例），最常见菌种为脓肿分枝杆菌；缓慢生长型分枝杆菌（slowly-growing mycobacterial, SGM）占比67.6%（46例），最常见菌种为胞内分枝杆菌和海分枝杆菌。RGM对利福平、利福布汀等抗生素具有较高的最低抑菌浓度（minimal inhibitory concentration, MIC），对克拉霉素、阿米卡星具有较低MIC值；SGM对大多数抗生素均具有较低的MIC值。**结论** 本研究中ENTM感染最常累及皮肤软组织，病原菌以SGM为主，其中胞内分枝杆菌占据主导地位。RGM对克拉霉素和阿米卡星敏感，可为经验性抗感染治疗提供参考依据；SGM虽对多数受试药物表现出较低的MIC，但临床治疗时仍需采用联合用药方案，并充分评估治疗失败的风险。

【关键词】 非结核分枝杆菌感染 微生物敏感性试验 抗菌药

Microbiological Characteristics of Extrapulmonary Nontuberculous Mycobacterial Infections in a Tertiary Hospital

ZHOU Dan, XIONG Li, DENG Jin, XIAO Yuling△. *Department of Laboratory Medicine, West China Hospital, Sichuan University, Chengdu 610041, China*
△ Corresponding author, E-mail: xyl@scu.edu.cn

[Abstract] Objective To analyze the microbiological characteristics of extrapulmonary nontuberculous mycobacterial (ENTM) infections in a tertiary hospital and to provide data to support clinical diagnosis and treatment of ENTM infections. **Methods** A retrospective analysis was conducted on mycobacterial culture results from West China Hospital, Sichuan University from 2020 to 2023. A total of 68 confirmed cases of ENTM infection were enrolled, with all of which meeting the diagnostic criteria for extrapulmonary infection outlined in the *Guidelines for the Diagnosis and Treatment of Nontuberculous Mycobacterial Disease (2020)*. Demographic data, strain distribution, and drug susceptibility test results were analyzed. Microbial species identification was performed using mass spectrometry, and drug susceptibility was assessed using the microbroth microdilution method. **Results** Among the 68 ENTM cases, the male-to-female ratio was 1 to 1.2, with individuals aged 40-59 years being the main affected group population. The most common sites of infection were the skin and soft tissues. The primary specimen source was pus (33.8%, 23 cases), followed by pathological tissues (26.5%, 18 cases). The Department of Infectious Diseases was the main source of confirmed cases (29.4%, 20 cases). Among the 68 EMTM cases, rapid-growing mycobacteria (RGM) accounted for 32.4% (22 cases), with *Mycobacterium abscessus* being the predominant species, while slowly-growing mycobacteria (SGM) accounted for 67.6% (46 cases), with *Mycobacterium intracellulare* and *Mycobacterium marinum* being the predominant species. RRGM exhibited higher minimum inhibitory concentration (MICs) for rifampicin and rifabutin but lower MICs for clarithromycin and amikacin. In contrast, SGM demonstrated low MICs for most antibiotics tested. **Conclusion** In this study, ENTM infections most commonly involve the skin and soft tissues, with SGM being the predominant pathogens and *Mycobacterium intracellulare* being the dominant species. RGM shows susceptibility to clarithromycin and amikacin, which provides a basis for empirical anti-infective therapy. Although SGM exhibits low MICs to most tested antimicrobial

△ 通信作者，E-mail: xyl@scu.edu.cn
出版日期：2026-05-20

agents, combination regimens remain necessary in clinical practice, and the risk of treatment failure should be thoroughly evaluated.

[Key words] Mycobacterial infections, nontuberculous Microbial sensitivity tests Anti-bacterial agents

非结核分枝杆菌(nontuberculous mycobacteria, NTM)是一种条件致病菌,由于其临床表现和病理改变与结核病相似,易被误诊为结核病[1]。近年来,NTM的检出率在全球范围内呈上升趋势,这可能与NTM培养与检测技术的进步、临床医务人员对NTM疾病认知水平的提升、人口老龄化趋势的加剧,以及抗菌药物的广泛使用等因素存在一定关系[2-4]。流行病学数据显示,苏格兰地区2011–2019年间NTM感染的发病率显著上升,从每10万人年3.4例升至6.5例,其中肺外感染的比例亦不容忽视[3];我国西南地区2017–2022年NTM分离率同样呈逐年增长态势,提示NTM感染已成为重要的公共卫生问题[4]。

NTM感染虽以肺部最为常见,但也可累及肺外部位,包括皮肤、淋巴结及播散性感染等[5-6]。日本一项单中心回顾性研究显示,肺外非结核分枝杆菌(extrapulmonary nontuberculous mycobacteria, ENTM)感染在NTM相关疾病中占比为9.6%,且合并免疫抑制状态的患者更易发生播散性感染[5]。皮肤NTM病主要累及皮肤及皮下组织,临床表现常缺乏特异性,易导致误诊或漏诊[7];NTM淋巴结病好发于儿童,近年来发病率呈上升趋势,多表现为局部淋巴结病变,若未接受规范治疗可迁延不愈;播散性NTM病主要见于免疫受损患者[8]。NTM感染的治疗方案因致病菌种和患者个体差异而异,通常需要持续数月至数年的长期治疗。因此,早期发现和精准治疗对改善患者预后至关重要。

目前关于肺部NTM感染的实验室特征已有广泛的研究,但是缺乏对ENTM感染的研究。因此,本研究通过对ENTM感染的人口学、菌种分布及耐药情况等方面进行分析,旨在为临床诊疗提供参考。

1 资料与方法

1.1 一般资料

本研究通过实验室信息系统检索了四川大学华西医院临床微生物室2020年1月–2023年12月期间符合以下标准的标本:

纳入标准:①初始目标检测:检验目的明确为“分枝杆菌培养”的标本。②意外分离株:检验目的为非分枝杆菌培养(包括但不限于一般细菌培养、血培养、尿培养),但最终分离培养出NTM的标本。排除标准:满足上述纳入标准的标本,若符合以下任一条件则予以排除:①呼吸道来源:标本类型为呼吸道来源(包括痰液、支气管肺泡灌洗液、肺组织或胸水)。②重复分离株:同一患者分离获得的重复菌株(仅保留首次有效分离株进行分析)。③菌种鉴定不充分:分离株未成功鉴定至菌种水平。④结核分枝杆菌阳性:分离株经鉴定为结核分枝杆菌复合群。⑤污染或定植:综合临床表现、影像学及病理结果,判定为标本污染或定植状态的NTM菌株。

经上述纳入与排除标准筛选后,本研究最终纳入ENTM确诊病例68例。本研究经四川大学华西医院生物医学伦理审查委员会批准(2025年审368号),批件有效期一年,伦理委员会审查意见“同意豁免知情同意书”。

1.2 培养、鉴定及药敏试验

分枝杆菌培养:尿液标本3 000×*g*离心15 min后采用消化液(NaOH和N-乙酰半胱氨酸混合液)去污染,加入磷酸盐缓冲液重悬;病理组织剪碎研磨后加入磷酸盐缓冲液重悬;体液标本(脑脊液、关节液、腹水等)3 000×*g*离心15 min加入磷酸盐缓冲液重悬;分泌物标本、脓液标本采用消化液去污染后加入磷酸盐缓冲液重悬。经预处理后,将菌悬液接种于添加油酸-白蛋白-葡萄糖-过氧化氢酶(OADC)的MGIT 960液体培养基〔碧迪医疗器械(上海)有限公司〕和罗氏培养基(Löwenstein-Jensen,珠海贝索生物技术有限公司)中进行培养。

分枝杆菌鉴定:对疑似NTM的抗酸染色阳性培养物采用基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱仪(matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry, MALDI-TOF MS, Bruker microflex)进行鉴定。挑取固体培养基上的阳性培养物于300 μL纯水中,震荡混匀后95 ℃加热30 min进行灭活。灭活后的样本于13 000 r/min离心2 min后弃上清。加入300 μL纯水洗涤后13 000 r/min离心2 min弃上清,重复2次。沉淀加入300 μL纯水和900 μL无水乙醇混匀后13 000 r/min离心2 min,弃上清,开盖于生物安全柜内晾干。加入30 μL乙腈和适量硅珠,震荡混匀8 min后加入30 μL 70%甲酸,震荡混匀2 min,13 000 r/min离心2 min后取1 μL上清点板,重复点样3次,室温晾干后立即覆盖1 μL α-氰基-4-羟基肉桂酸(α-Cyano-4-hydroxycinnamic acid, HCCA)基质溶液,晾干后进行MALDI-TOF MS鉴定。质谱检测参数设置如下:激光频率60 Hz,离子源IS1电压20 kV,离子源IS2电压18.20 kV,Lens电压6 kV。每个样本采集40次质谱图,若未获得合

格谱图, 则追加采集40次, 最多采集240次, 直至获得有效谱图。质谱检测的质荷比(m/z)范围为2 000 ~ 20 000。鉴定分值≥1.8的结果判定为高置信度鉴定并予以采纳。

药敏试验: 采用非结核分枝杆菌药敏试剂盒(珠海市银科医学工程股份有限公司)进行快速生长型分枝杆菌(rapid-growing mycobacteria, RGM)和缓慢生长型分枝杆菌(slowly-growing mycobacteria, SGM)药敏试验。用无菌盐水稀释对数生长期的纯菌落配成1 mg/mL (1.0 MCF)的菌悬液。向药敏培养基中加入200 μL混合均匀的杂菌抑制剂后再加入200 μL菌悬液, 充分混匀。以不含菌液的药敏培养基为阴性对照, 含菌液的药敏培养基为阳性对照, 阴阳对照及含菌液的药敏培养基各加200 μL至药敏板。接种后加盖并用封口膜密封, 置于培养箱中培养至相应时间。孔底出现白色菌体沉淀为阳性, 无菌体沉淀为阴性。药敏结果参照美国临床和实验室标准协会(Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI)推荐标准进行判读[9]。

质量控制: 结核分枝杆菌ATCC27294(分枝杆菌培养); Bacterial Test Standard(BTS, 分枝杆菌鉴定); 海分枝杆菌ATCC927, 外来分枝杆菌ATCC700686(药敏试验)。

1.3　统计学方法

采用SPSS 26.0统计软件进行数据分析。计数资料以例数或百分率形式表示, 组间比较采用Fisher确切概率法, P<0.05为差异有统计学意义。计量资料采用描述性分析。

2　结果

2.1　ENTM感染的人群分布特征

2020–2023年共送检分枝杆菌培养标本25 460份, 标本送检量逐年增多。经纳入与排除标准筛选后, 共纳入68例ENTM确诊病例。纳入的ENTM确诊病例中, 门诊患者33例(48.5%), 住院患者35例(51.5%); 皮肤软组织为最常见的ENTM感染部位(36例, 52.9%)。确诊病例中男性31例, 女性37例, 男女比例1 ∶ 1.2。患者平均年龄40.5岁, 以40 ~ 59岁人群占比最多(表1)。

对68例ENTM感染病例的标本类型进行分析, 结果显示, 脓液标本最为常见(n=23, 33.8%), 其次为病理组织标本(n=18, 26.5%), 穿刺液和分泌物标本各占10.3% (n=7), 其他标本类型占19.1%(n=13)。科室分布结果显示, ENTM感染病例主要分布于感染科、皮肤科和结核科等科室, 其中感染科占比最高, 为29.4%(20/68), 其次为皮肤科, 占25.0%(17/68), 结核科占比为8.8%(6/68), 整形外科占5.9%(4/68), 其他科室的病例合计占比30.9% (21/68)。

2.2　ENTM感染菌种分布情况

本研究纳入的68例ENTM感染患者中, SGM感染46例(67.6%), RGM感染22例(32.4%)。胞内分枝杆菌(23.5%)、海分枝杆菌(22.1%)及脓肿分枝杆菌(17.6%)是检出率排名前三的菌种, 合计占比达63.2%。不同菌种的感染部位具有明显差异性: 胞内分枝杆菌感染谱最广, 可引起颅内、播散性、皮肤软组织等多部位感染; 海分枝杆菌则具有高度组织特异性, 15例均为皮肤软组织感染(表2)。

不同患者群体的菌种分布特征存在差异: 海分枝杆菌感染多见于门诊患者(门诊14例, 住院1例), 而胞内分枝杆菌感染则更常见于住院患者(门诊4例, 住院12例), 两种菌株在门诊与住院患者中的分布差异均有统计学意义(P<0.05)。这一结果进一步印证了海分枝杆菌主要引起

表 1　68例ENTM感染患者的人群分布特征

Table 1　Population distribution characteristics of 68 patients with ENTM infections

Characteristic	Infection sites/case (%)						
	Skin and soft tissues	Arthrosis	Intracranial	Disseminated	Urinary	Others	Total
Patient type							
Outpatient	25 (36.8)	1 (1.5)	0	0	3 (4.4)	4 (5.9)	33 (48.5)
Hospitalization	11 (16.2)	5 (7.4)	6 (8.8)	5 (7.4)	2 (2.9)	6 (8.8)	35 (51.5)
Sex							
Male	14 (20.6)	2 (2.9)	2 (2.9)	4 (5.9)	3 (4.4)	6 (8.8)	31 (45.6)
Female	22 (32.4)	4 (5.9)	4 (5.9)	1 (1.5)	2 (2.9)	4 (5.9)	37 (54.4)
Age/yr.							
< 18	2 (2.9)	1 (1.5)	0	1 (1.5)	0	1 (1.5)	5 (7.4)
18-39	8 (11.8)	1 (1.5)	3 (4.4)	0	2 (2.9)	4 (5.9)	18 (26.5)
40-59	15 (22.1)	4 (5.9)	3 (4.4)	2 (2.9)	2 (2.9)	2 (2.9)	28 (41.2)
⩾ 60	11 (16.2)	0	0	2 (2.9)	1 (1.5)	3 (4.4)	17 (25.0)

Others included infections involving the abdominal cavity, lymph nodes, and breast.

相对局限的皮肤软组织感染,而胞内分枝杆菌更易导致需要住院治疗的复杂或深部感染。

2.3 ENTM感染病例的药敏特征

在68例ENTM感染病例中,对进行药敏试验的46株临床分离菌株(16株RGM和30株SGM)的药敏结果进行分析。如图1所示,两组菌株呈现出显著不同的药敏特征。总体而言,SGM菌株的MIC普遍低于RGM菌株。对于利福霉素类药物,SGM菌株对利福平和利福布汀的MIC分别集中在≤1 μg/mL(*n*=27, 90.0%)和≤0.5 μg/mL(*n*=25, 83.3%),表现出较高的敏感性;而RGM菌株对利福平的MIC多≥16 μg/mL(*n*=15, 93.8%),对利福布汀的MIC也多集中在8 μg/mL(*n*=9, 56.3%)。对于大环内酯类药物,

表 2 68例ENTM感染的菌种分布情况

Table 2 Bacterial species distribution of 68 cases of ENTM infections

Species	Infection sites/case (%)						
	Skin and soft tissues	Arthrosis	Intracranial	Disseminated	Urinary	Other	Total
SGM							
M.intracellulare	2 (2.9)	2 (2.9)	5 (7.4)	0	2 (2.9)	5 (7.4)	16 (23.5)
M.marseillense	3 (4.4)	0	1 (1.5)	1 (1.5)	0	0	5 (7.4)
M.colombiense	0	1 (1.5)	0	2 (2.9)	0	0	3 (4.4)
M.paraintracellulare	0	1 (1.5)	0	0	1 (1.5)	0	2 (2.9)
M.avium	1 (1.5)	0	0	0	0	1 (1.5)	2 (2.9)
M.marinum	15 (22.1)	0	0	0	0	0	15 (22.1)
M.kansasii	1 (1.5)	0	0	0	0	1 (1.5)	2 (2.9)
M.lentiflavum	0	0	0	0	1 (1.5)	0	1 (1.5)
RGM							
M.abscessus	8 (11.8)	0	0	2 (2.9)	1 (1.5)	1 (1.5)	12 (17.6)
M.fortuitum	1 (1.5)	1 (1.5)	0	0	0	2 (2.9)	4 (5.9)
M.chelonae	3 (4.4)	0	0	0	0	0	3 (4.4)
M.aubagnense	0	1 (1.5)	0	0	0	0	1 (1.5)
M.farcinogenes	1 (1.5)	0	0	0	0	0	1 (1.5)
M.porcinum	1 (1.5)	0	0	0	0	0	1 (1.5)

M: mycobacterium. Others included infections involving the abdominal cavity, lymph nodes, and breast.

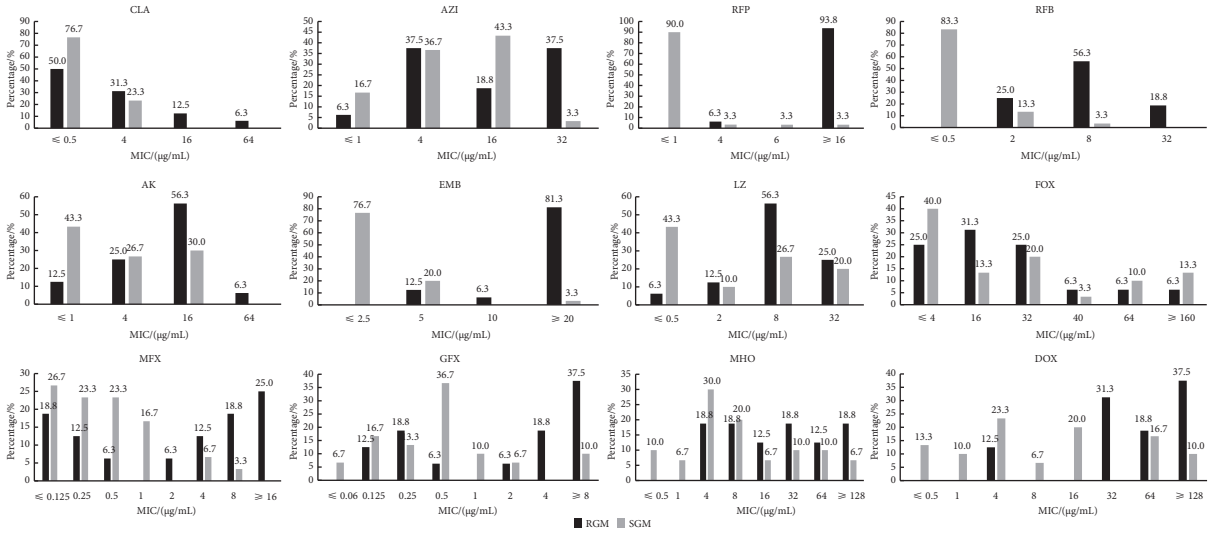


图 1 46株ENTM临床分离株的药敏特征

Fig 1 The drug susceptibility characteristics of 46 clinical isolates of ENTM infections

CLA: clarithromycin; AZI: azithromycin; RFP: rifampin; RFB: rifabutin; AK: amikacin; EMB: ethambutol; LZ: linezolid; FOX: cefoxitin; MFX: moxifloxacin; GFX: gatifloxacin; MHO: minocycline; DOX: doxycycline; RGM: rapid-growing mycobacterial; SGM: slowly-growing mycobacterial.

SGM菌株对克拉霉素表现出较高的敏感性(敏感率100%), MIC主要集中在≤0.5 μg/mL(*n*=23, 76.7%), 而RGM菌株对克拉霉素耐药率为18.8%(*n*=3), MIC则在≤0.5 μg/mL至64 μg/mL均有分布, MIC分布范围更广泛。对于阿米卡星, RGM菌株MIC以16 μg/mL占比最高, 耐药率为6.3%(*n*=1); SGM菌株则以≤1 μg/mL占比最高, 敏感率为100%, 两组菌株对阿米卡星均保持较好的敏感性。对于利奈唑胺, RGM菌株耐药率为25.0%(*n*=4), SGM菌株耐药率为20.0%(*n*=6); 莫西沙星在RGM和SGM菌株中的耐药率分别为56.3%(*n*=9)和10.0%(*n*=3)。

3　讨论

NTM在土壤、尘埃等自然环境中广泛存在, 也可定植于人体表面[10-11]。由于部分NTM菌种(如戈登分枝杆菌和土分枝杆菌)通常为非致病菌或致病性较低, 因此实验室分离出NTM时应区分感染、定植和标本污染, 并结合临床表现进行综合判断。当患者出现特征性临床表现且从血液、骨髓、脑脊液等无菌体液或深部组织(如肝、脾、淋巴结)中分离出NTM时, 可确诊为播散性NTM感染[12]。对病灶标本或血液进行NTM相关的分子检测可提供辅助诊断依据。本研究所有确诊病例均符合ENTM感染的诊断标准。

采集合格的病变部位的样本以及适宜的样本前处理条件均可以提高NTM检出率。在本研究68例病例中, 脓液和病理组织(均为直接从病灶获取的合格标本)占比最高。样本预处理通常采用NaOH溶液, 但其浓度需精确优化: 浓度过低无法抑制污染菌, 过高则会抑制NTM生长。本实验室采用添加N-乙酰半胱氨酸的NaOH溶液, 可以有效液化标本和去污染。我室同时还采用液体培养基和固体培养基进行培养以增加NTM检出率。本研究中分枝杆菌培养使用BACTEC MGIT 960系统, 但该系统无法分析血液样本, 从血液中分离的2例RGM系采用Bact/Alert 3D全自动血培养系统(法国生物梅里埃公司)检出。

菌种鉴定对NTM疾病的精准诊断具有关键作用, 不仅有助于判定临床相关性, 更能指导治疗方案的选择。传统鉴定方法包括对硝基苯甲酸培养基培养法, 目前采用MPT64抗原检测初步区分结核分枝杆菌复合群与NTM[13]。随着检测技术的进步, 质谱分析和分子生物学方法已应用于NTM鉴定。其中, MALDI-TOF MS因其快速、准确的特点, 已成为微生物检测的常用技术[14-16]。该技术在分枝杆菌鉴定中表现优异, 目前已有经美国食品药品监督管理局批准的商品化MALDI-TOF MS系统用于分枝杆菌鉴定[17-18]。本研究采用MALDI-TOF MS技术进行菌种鉴定, 结果表明, 脓肿分枝杆菌是我院ENTM感染最常见的RGM, 而胞内分枝杆菌则是SGM中的优势菌种, 这一结果与既往报道相符[6,19]。全面掌握本地区ENTM菌种分布特征, 对临床早期诊断和治疗至关重要。

本研究依据CLSI指南开展NTM药敏试验并进行结果判读。需特别指出的是, RGM与SGM的克拉霉素药敏判读折点存在差异: RGM以≤2 μg/mL为敏感、4 μg/mL为中介、≥8 μg/mL为耐药; SGM以≤8 μg/mL为敏感、16 μg/mL为中介、≥32 μg/mL为耐药。针对阿米卡星和大环内酯类药物等NTM核心治疗药物的研究显示, 安徽地区NTM菌株对克拉霉素和阿米卡星的敏感率均超过90%; 广州地区RGM对阿米卡星敏感率达100%, 对克拉霉素敏感率为81.8%[20-21]。本研究的样本虽仅限于肺外来源的NTM分离株, 但SGM菌株对克拉霉素和阿米卡星均保持高度敏感(敏感率均为100%), 而RGM菌株对克拉霉素和阿米卡星的耐药率分别为18.8%和6.3%, 与国内研究报道基本一致。

本研究存在一定的局限性: 首先, 本研究仅分析了2020–2023年的ENTM分离株, 样本量相对较小, 可能影响结果的稳定性和外推性。其次, 由于进行药敏试验的菌株有限, 本研究不得不采用RGM和SGM的MIC值范围分析替代全面的耐药谱分析。第三, 本实验室目前采用的分枝杆菌培养法在检测血液样本方面存在技术限制。但当前临床微生物学领域正迅速发展, 以分子诊断为代表的新技术为突破传统培养法的局限提供了可能。例如, 已有研究证实, 基于PCR或宏基因组学的检测方法能显著提高NTM检测的灵敏度, 大大缩短了检测时间, 适用于包括血液在内的多种临床标本类型[22-23]。因此, 本实验室将积极探索分子检测技术在分枝杆菌检测方面的应用, 目前我室已引入PCR方法以增加播散性感染的检出率, 从而提升播散性NTM感染的早期诊断能力。

本研究结果显示, ENTM感染的部位分布以皮肤软组织最为常见, 病原菌构成以SGM为主。ENTM感染的菌种分布具有明显的部位异质性和临床特征差异: 海分枝杆菌以局部皮肤感染为主, 门诊患者多见; 胞内分枝杆菌可引起多部位感染, 住院患者比例更高。RGM对克拉霉素和阿米卡星具有较好的敏感性, 可为经验性治疗提供参考; SGM对多数受试抗菌药物均呈现较低的MIC值, 但临床实践中仍需联合用药并警惕治疗失败风险。本研究提示, 临床应结合感染部位和菌种类型制定个体化治疗方案, 尤其应重视对不同菌种(如海分枝杆菌、胞内分枝杆菌、脓肿分枝杆菌)的临床特征差异予以鉴别, 实施分层管理与个体化抗感染治疗。

* * *

作者贡献声明 周丹负责论文构思、正式分析和初稿写作，熊丽负责调查研究、研究方法和提供资源，邓劲负责数据审编和验证，肖玉玲负责监督指导和审读与编辑写作。所有作者已经同意将文章提交给本刊，且对将要发表的版本进行最终定稿，并同意对工作的所有方面负责。

Author Contribution ZHOU Dan is responsible for conceptualization, formal analysis, and writing--original draft. XIONG Li is responsible for investigation, methodology, and resources. DENG Jin is responsible for data curation and validation. XIAO Yuling is responsible for supervision and writing--review and editing. All authors consented to the submission of the article to the Journal. All authors approved the final version to be published and agreed to take responsibility for all aspects of the work.

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

Declaration of Conflicting Interests All authors declare no competing interests.

参 考 文 献

[1] LIANG Q, JIANG X, JIA J, *et al*. An early and trustable indicator suggestive of non-tuberculosis mycobacteria isolation in a high tuberculosis burden setting. J Infect, 2024, 88(5): 106149. doi: 10.1016/j.jinf.2024.106149.

[2] METERSKY M L, FRAULINO D, MONDAY L, *et al*. Current challenges in pulmonary nontuberculous mycobacterial infection: a case series with literature review. Postgrad Med, 2024, 136(7): 770-781. doi: 10.1080/00325481.2024.2401766.

[3] JARCHOW-MACDONALD A, SMITH M, SEAGAR A L, *et al*. Changing incidence and characteristics of nontuberculous mycobacterial infections in scotland and comparison with *Mycobacterium tuberculosis* complex incidence (2011 to 2019). Open Forum Infect Dis, 2023, 10(1): ofac665. doi: 10.1093/ofid/ofac665.

[4] WANG D M, LIU H, ZHENG Y L, *et al*. Epidemiology of nontuberculous mycobacteria in tuberculosis suspects, Southwest of China, 2017-2022. Front Cell Infect Microbiol, 2023, 13: 1282902. doi: 10.3389/fcimb.2023.1282902.

[5] OMORI K, KITAGAWA H, YAMAGUCHI K, *et al*. Clinical characteristics of extrapulmonary nontuberculous mycobacteria infections in comparison with pulmonary infections: a single-center, retrospective study in Japan. J Infect Chemother, 2023, 29(9): 875-881. doi: 10.1016/j.jiac.2023.05.013.

[6] KIM S, KIM A R, BAE M, *et al*. Clinical characteristics and outcomes of extrapulmonary nontuberculous mycobacterial infections in a tertiary-care hospital: a retrospective study. J Clin Med, 2024, 13(15): 4373. doi: 10.3390/jcm13154373.

[7] FUJISHIMA C, TAHARA J, MUNEMOTO S, *et al*. Cutaneous nontuberculous mycobacterial infections in Japan: review of the Japanese literature. J Dermatol, 2022, 49(11): 1075-1084. doi: 10.1111/1346-8138.16531.

[8] TANG M, ZENG W, QIU Y, *et al*. Clinical features of rare disseminated *Mycobacterium colombiense* infection in nine patients who are HIV-negative in Guangxi, China. Int J Infect Dis, 2023, 128: 321-324. doi: 10.1016/j.ijid.2023.01.002.

[9] Clinical and Laboratory Standards Institute. Performance standards for susceptibility testing of *Mycobacteria, Nocardia* spp. , and other *Aerobic actinomycetes* (CLSI document M62). Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute, 2018.

[10] SI Z, SUN Y, TAN C, *et al*. A cationic main-chain poly(carbonate-imidazolium) potent against *Mycobacterium abscessus* and other resistant bacteria in mice. Biomaterials, 2025, 316: 123003. doi: 10.1016/j.biomaterials.2024.123003.

[11] LEESTEMAKER-PALMER A, BERMUDEZ L E. *Mycobacteroides abscessus* ability to interact with the host mucosal cells plays an important role in pathogenesis of the infection. Crit Rev Microbiol, 2025, 51(5): 792-804. doi: 10.1080/1040841X.2024.2418130.

[12] Chinese Society for Tuberculosis, Chinese Medical Association. The Guidelines for diagnosis and treatment of non-tuberculous mycobacteria disease (2020 edition). Chin J Tuberc Respir Dis, 2020, 43(11): 918-946. doi: 10.12025/j.issn.1008-6358.2023.20230998.

[13] HELLE O M B, KANTHALI M, ISHTIAQ S, *et al*. Diagnosing adult and pediatric extrapulmonary tuberculosis by MPT64 antigen detection with immunohistochemistry and immunocytochemistry using reproduced polyclonal antibodies. J Pathol Clin Res, 2024, 10(3): e12373. doi: 10.1002/2056-4538.12373.

[14] RINDI L, PUGLISI V, FRANCONI I, *et al*. Rapid and accurate identification of *Nontuberculous Mycobacteria* directly from positive primary MGIT cultures by MALDI-TOF MS. Microorganisms, 2022, 10(7): 1447. doi: 10.3390/microorganisms10071447.

[15] BAGNARINO J, BARBARINI D, RUSSELLO G, *et al*. *Mycobacterium chimaera* identification using MALDI-TOF MS technology: a practical approach for the clinical microbiology laboratories. Microorganisms, 2022, 10(6): 1184. doi: 10.3390/microorganisms10061184.

[16] 秦雪娅, 林勇, 周聪, 等. 基于MALDI-TOF MS对脓肿分枝杆菌脓肿亚种和马赛亚种的鉴别及特征分析. 临床检验杂志, 2025, 43(2): 81-87. doi: 10.13602/j.cnki.jcls.2025.02.01.
QIN X Y, LIN Y, ZHOU C, *et al*. Identification of *Mycobacterium abscessus* subsp. abscessus and subsp. massiliense based on MALDI-TOF MS and analysis for their characteristics. Chin J Clin Lab Sci, 2025, 43(2): 81-87. doi: 10.13602/j.cnki.jcls.2025.02.01.

[17] BROWN-ELLIOTT B A, FRITSCHE T R, OLSON B J, *et al*. Comparison of two commercial matrix-assisted laser desorption/ionization-time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) systems for identification of *Nontuberculous Mycobacteria*. Am J Clin Pathol, 2019, 152(4): 527-536. doi: 10.1093/ajcp/aqz073.

[18] 宋启飞, 戴仲秋, 杜宝中, 等. 结核分枝杆菌复合体VNTR位点多态性与菌株MALDI-TOF MS蛋白谱差异的关系. 四川大学学报(医学版), 2019, 50(6): 872-877.
SONG Q F, DAI Z Q, DU B Z, *et al*. Relationship between the VNTR loci polymorphism and MALDI-TOF MS protein profile diversity in *Mycobacterium tuberculosis* complex. J Sichuan Univ (Med Sci Edi), 2019, 50(6): 872-877.

[19] 罗佳, 喻秋菊, 林钰灵, 等. 2016-2021年四川地区非结核分枝杆菌感染临床特点分析. 四川大学学报(医学版), 2022, 53(5): 890-895. doi: 10.12182/20220960503.
LUO J, YU Q J, LIN Y L, *et al*. Clinical characteristics of *Nontuberculous Mycobacterium* infection cases in Sichuan, China in 2016-2021: a retrospective study. J Sichuan Univ (Med Sci Edi), 2022, 53(5): 890-895. doi: 10.12182/20220960503.

[20] LIN W H, YAO C, MEI L, *et al*. Screening, epidemic trends and drug sensitivity analysis of nontuberculous mycobacteria in a local area of China. Am J Transl Res, 2024, 16(7): 3298-3305. doi: 10.62347/MAJY5046.

[21] LIU X, LIN Z, LI Y, *et al*. Analysis of Clinical Isolation Characteristics of *Nontuberculous Mycobacteria* and drug sensitivity of rapidly growing Mycobacteria in the General Hospital of Guangzhou, China. Infect Drug Resist, 2024, 17: 4079-4088. doi: 10.2147/IDR.S465468.

[22] CHEN P, MENG Y, LIU T, *et al*. Sensitive urine immunoassay for visualization of Lipoarabinomannan for noninvasive tuberculosis diagnosis. ACS Nano, 2023, 17(7): 6998-7006. doi: 10.1021/acsnano.3c01374.

[23] LI L, HENKLE E, YOUNGQUIST B M, *et al*. Serum cell-free DNA-based detection of *Mycobacterium avium* complex infection. Am J Respir Crit Care Med, 2024, 209(10): 1246-1254. doi: 10.1164/rccm.202303-0401OC.

（2025－07－08收稿，2026－03－28修回）

编辑 余 琳

开放获取 本文使用遵循知识共享署名—非商业性使用4.0国际许可协议（CC BY-NC 4.0），详细信息请访问https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/。

OPEN ACCESS This article is licensed for use under Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International license (CC BY-NC 4.0). For more information, visit https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/.

© 2026《四川大学学报(医学版)》编辑部

Editorial Office of *Journal of Sichuan University (Medical Sciences)*