

类风湿因子是存在于类风湿关节炎^[11]患者血浆中的一类以自身变性 IgG 为靶细胞的抗体,能够与 IgG 分子 Fc 片段上的抗原决定簇反应,使 IgG 致敏胶乳颗粒出现非特异性凝集。类风湿因子与天然 IgG 结合能力较差,但易与免疫复合物中的 IgG 发生聚合 IgG 反应。因此当临床中遇到类风湿因子阳性标本时,应对标本进行预处理,即在类风湿因子阳性标本中加入变性 IgG 以中和类风湿因子,混匀后置 37 ℃ 水浴 30 min,离心取上清液,再测 D-二聚体,减少对测定结果的影响。

实验室使用类风湿因子敏感试剂盒,原则和程序上必须评价有类风湿因子引起 D-二聚体结果升高的可能性。实验室在下列情况下应怀疑干扰物的存在:患者产生类风湿因子可能性的病史或与类风湿因子产生有关的疾病;临床医生根据其他的临床试验数据开始怀疑弥漫性血管内凝血(DIC),在这种情况下,实验室能通过直接测量类风湿因子的水平监测干扰物的存在,若结果正常,排除干扰的可能,升高的结果可怀疑由类风湿因子引起的 D-二聚体结果升高。

类风湿因子引起的一些 D-二聚体检测的假性升高,能够导致 DIC 的错误诊断和不当治疗。只有排除了类风湿因子的干扰,D-二聚体的测定结果与 DIC 才有密切关系。

参考文献

- [1] 黄荣宁,陈显源,林英,等. D 二聚体、血气分析测定在慢性阻塞性
• 检验技术与方法 •

- 肺疾病中的价值探讨[J]. 海南医学,2012,23(1):82.
[2] Shankaran K, Desai HG. Helicobacter pylori in dental plaque[J]. J Clin Gastroenterol, 1995, 21(2): 82-84.
[3] 王鸿利. 血液学及血液学检验[M]. 2 版. 北京: 人民卫生出版社, 1997: 295-296.
[4] 包承鑫. D-二聚体测定的生理基础和临床意义[J]. 血栓与止血杂志, 1995, 2(3): 122.
[5] 吴晓莲. 肝病患者 D-二聚体水平观察[J]. 浙江临床医学杂志, 2008, 10(1): 91.
[6] 张春荣. D-二聚体的检测及其临床应用[J]. 现代中西医结合杂志, 2009, 18(12): 1440-1442.
[7] 曾白华, 吕连华, 刘利华, 等. D-二聚体的检测方法及临床应用进展[J]. 现代医学, 2013, 41(3): 216-219.
[8] 夏汛生, 唐宁, 张碧玉, 等. D-二聚体两种定量检测方法的评价[J]. 血栓与止血学, 2007, 13(2): 82-85.
[9] 崔焕波, 侯晓杰, 荣爱红. 两种 D-二聚体检测方法的比较[J]. 中国实验诊断学, 2007, 11(4): 500-501.
[10] Dempfle CE. Validation, calibration and specificity of quantitative D-dimer assays[J]. Semin Vasc Med, 2005, 5(4): 315-320.
[11] 赵金霞, 孙琳, 张霞, 等. 血 D-二聚体检测在类风湿关节炎中的临床意义[J]. 中华风湿病学杂志, 2011, 15(3): 168-171.

(收稿日期: 2013-04-28)

某院多重耐药鲍曼不动杆菌菌株亲缘性分析

季 萍, 热依汗·谢依提, 张 琼[△]

(新疆医科大学第一附属医院, 新疆乌鲁木齐 830054)

摘要:目的 了解新疆地区鲍曼不动杆菌(*A. baumannii*, ABA)β-内酰胺酶、氨基糖苷类修饰酶编码基因、氯己定-磺胺耐药基因存在状况。方法 对 20 株 ABA 菌进行了 9 种 β-内酰胺酶基因、3 种氨基糖苷类修饰酶基因和氯己定-磺胺耐药基因检测。以耐药基因为分子标记作检测结果的样本聚类分析, 分析菌株亲缘性。结果 20 株 ABA 菌中 blaTEM 阳性 13 株(65%)、blaADC 阳性 12 株(60%)、blaSHV 阳性 1 株(5%), 其余 β-内酰胺酶基因均阴性; 20 株 ABA 菌中氨基糖苷类修饰酶基因 aac(3)-I 阳性 12 株(60%)、aac(6')-I 阳性 13 株(65%)、ant(3'')-I 阳性 14 株(70%); 14 株检出 qacEΔ1-sul1 基因(70%)。以耐药基因为分子标记作检测结果的样本聚类分析显示, 其中 9 株为克隆传播。结论 该 20 株菌 β 内酰胺类、氨基糖苷类抗菌药物耐药与产 β 内酰胺酶和氨基糖苷类修饰酶密切相关, 并存在克隆传播。

关键词: 鲍曼不动杆菌; 医院感染; 药物耐受性

DOI: 10. 3969/j. issn. 1673-4130. 2013. 18. 043

文献标识码: A

文章编号: 1673-4130(2013)18-2444-02

鲍曼不动杆菌(*Acinetobacter baumannii*, Ab)属于条件致病菌, 该菌具有很强的环境适应能力和获得外源性耐药基因的能力, 因此, 极易引起医院感染的集散流行和菌株耐药^[1]。近年来该菌的分离率和耐药率逐渐增高, 已成为医院内感染暴发流行中的主要细菌^[2]判断病原菌散在性感染还是暴发流行性感染(尤其是医院内感染)和分析传播途径的有用方法是同种病原菌作菌株间的亲缘性分析, 进而为采取控制措施提供依据。因此, 研究者对 20 株从 ICU 病分离到的多药耐药鲍氏不动杆菌(MDR-ABA)进行了 β-内酰胺酶基因和氨基糖苷类耐药基因(含氨基糖苷类修饰酶基因、16S rRNA 基因甲基化酶基因)以及质粒、转座子、I 类整合子遗传标记检测。并以该 36 种基因为分子标记, 对检测结果作样本聚类分析讨论菌株亲缘性。现报道如下。

1 材料与方法

1.1 菌株来源 20 株 MDR-ABA(已剔除重复株)均分离自

2010 年 9~12 月本院 ICU 住院患者临床标本, 分别为: 痰液 10 份, 尿液 7 份, 血液 3 份。全部菌株均使用 VITEK-2 细菌鉴定仪鉴定菌种。标准菌株为大肠埃希菌 ATCC25922 和铜绿假单胞菌 ATCC27853。

1.2 抗菌药物敏感性试验 为微量肉汤稀释法和 K-B 法测定 24 种抗菌药物的敏感性。并根据美国 CLSI 2010 年版要求进行敏感性判断。

1.3 细菌处理 挑纯培养菌落置入 0.5 mL 离心管内(内预置 200 ng/mL 蛋白酶 K 溶液 200 μL), 56 ℃ 水浴 2 h, 改 95 ℃ 水浴 10 min, 加入 Chelex-100 40 μL, 离心(15 000 r/min)30 s。上清液即为基因检测的模板液, -20 ℃ 冰箱保存备用。

1.4 基因检测 均为 PCR 法。各种靶基因引物序列和目的产物长度见表 1(见《国际检验医学杂志》网站主页“论文附件”)。各种靶基因 PCR 扩增体系均为: 每反应体系 P1、P2 引物各 0.5 μmol/L, dNTPs 200 各 mmol/L, KCl 10 mmol/L,

[△] 通讯作者, E-mail: zhangqun@163. com。

(NH₄)₂SO₄ 8 mmol/L, MgCl₂ 2 mmol/L, Tris-HCl (pH9.0) 10 mmol/L, NP40 0.5%, BSA 0.02% (wt/vol), Taq DNA pol 1 U。总反应体积 20 μL (其中模板液 5 μL)。PCR 扩增产物大于 500 bp 热循环参数均为: 93 ℃ 预变性 2 min, 然后 93 ℃ 60 s→55 ℃ 60 s→72 ℃ 60 s, 循环 35 周期, 最后一个 72 ℃ 延长至 5 min, 其余均为: 93 ℃ 预变性 2 min, 然后 93 ℃ 30 s→55 ℃ 30 s→72 ℃ 60 s, 循环 35 周期, 最后一个 72 ℃ 延长至 5 min。产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳, 出现与阳性对照分子相当的目的条带为阳性。基因检测试剂盒、靶基因 PCR 引物序列和阳性对照 DNA 由无锡市克隆遗传技术研究所提供。

1.5 菌株亲缘性分析 为多基因聚类分析法(邻接法)。以耐药基因以及质粒、转座子、I 类整合子遗传标记为分子标记作检测结果的样本聚类分析。

2 结果

20 株 MDR-ABA 菌中 TEM 阳性 5 株(25%), OXA-23 群阳性 10 株(50%); aac(3)-I 阳性 4 株(20%), aac(3)-II 阳性 8 株(40%), aac(6')-I b 阳性 4 株(20%), ant(3')-I 阳性 4 株(20%), ant(2'')-I 阳性 1 株(20%); tnpU 阳性 5 株(25%), int I 1 阳性 4 株(20%), qacEΔ1-sulI 基因阳性 7 株(35%)。其余基因均阴性。以耐药基因以及质粒、转座子、I 类整合子遗传标记为分子标记作检测结果的样本聚类分析, 见图 1 (见《国际检验医学杂志》网站主页“论文附件”)。

3 讨论

不动杆菌为条件致病菌, 可以引起医内感染, 在重症监护病房中分离率最高, 主要与患者接受各种侵袭性操作有关。由于不动杆菌在环境中极强的生存能力为多药耐药鲍曼不动杆菌在院内的克隆传播造就了良好的生物学基础。在欧洲已经发现同一克隆株突破国界在不同国家流行传播^[3-8]。本院近 4 个月临床分离的医院感染鲍曼不动杆菌主要来自 ICU, 怀疑存在医院感染的院内流行, 故分析其耐药机制和同源性。本研究以 36 种基因以及质粒、转座子、I 类整合子遗传标记为分子标记作检测结果的样本聚类分析, 结果显示 20 株 MDR-ABA 菌

• 检验技术与方法 •

可分二群。并存在多个克隆传播, 其中 1-3-6-14 克隆(A 克隆)携带 TEM、aac(3)-I、aac(6')-I b、ant(3')-I、tnpU、int I 1、qacEΔ1-sulI 基因; 2-12-15-16-17-18-19-20 克隆(B 克隆)携带 OXA-23、aac(3)-II 基因; 8-13 克隆(C 克隆)携带 OXA-23 基因。A、B 克隆已为院内感染流行株存在, 是本院医院感染鲍曼不动杆菌多药耐药迅速发生的一个重要原因。在此次多重耐药鲍曼不动杆菌流行的控制中, 用分子标记作检测结果的样本聚类分析, 可判断医院感染较方便简单的方法同时可明确耐药株传播来源, 而且对研究者有针对性采取控制措施有重大意义。

参考文献

- [1] 俞云松. 多药耐药鲍曼不动杆菌——21 世纪革兰阴性菌的“MR-SA”[J]. 中华临床感染病杂志, 2009, 2(2): 65-68.
- [2] 戴春梅, 郑兰香, 陈辉. 129 株鲍曼不动杆菌所致医院感染的耐药性分析[J]. 实用预防医学, 2006, 13(1): 62-63.
- [3] 冯叶珠, 张杨, 姚堃, 等. 多重耐药鲍曼不动杆菌耐药性与整合子、转座子遗传标记研究[J]. 南京医科大学学报: 自然科学版, 2008, 28(7): 876-880.
- [4] 王春新, 金辉, 糜祖煌, 等. 铜绿假单胞菌医院感染株二种亲缘性分析方法比较[J]. 世界感染杂志, 2007, 7(4): 281-284.
- [5] 王伟, 金辉, 糜祖煌. 多重耐药绿脓假单胞菌耐药基因及菌株亲缘性分析[J]. 中华检验医学杂志, 2006, 29(9): 843.
- [6] 王继东, 金辉, 糜祖煌, 等. 医院感染铜绿假单胞菌菌株亲缘性分析[J]. 中华医院感染学杂志, 2006, 16(12): 1137-1139.
- [7] 金辉, 糜祖煌, 钱小毛, 等. 铜绿假单胞菌耐药基因的分子流行病学研究[J]. 中华医院感染学杂志, 2007, 17(2): 134-136.
- [8] Perez F, Hujer AM, Hujer KM, et al. Global challenge of multi-drug-resistant *Acinetobacter baumannii* [J]. Antimicrob Agents Chemother, 2007, 51(10): 3471-3484.

(收稿日期: 2013-04-08)

全自动毛细管电泳技术在多发性骨髓瘤诊断及分型中的应用

朱红艳[△], 欧阳红梅[△], 张芹, 甸自金, 宋建新, 杨曦, 蒋雅先

(云南省第一人民医院/昆明理工大学附属昆华医院检验科, 云南昆明 650032)

摘要:目的 探讨全自动毛细管电泳技术在多发性骨髓瘤(MM)诊断及分型中的应用。方法 利用全自动毛细管电泳仪对 61 例 MM 患者进行血清蛋白电泳及免疫分型电泳; 同时利用免疫散射比浊法进行免疫球蛋白含量测定。结果 69 例 MM 患者中有 65 例在血清蛋白电泳中检出 M 蛋白峰, 血清蛋白电泳检出率为 94.2%。69 例 MM 患者中 IgG 型 29 例(42.0%), IgA 型 23 例(33.3%), 轻链型 17 例(24.6%), 不分型 1 例(1.45%)。血清蛋白免疫分型电泳检出率为 95.7%。M 蛋白所属免疫球蛋白显著增高, 非 M 蛋白所属免疫球蛋白下降或正常, 轻链型免疫球蛋白均减低。血清免疫球蛋白定量检出率为 84.1%。结论 血清蛋白电泳、免疫球蛋白及轻链定量可对 MM 进行初步筛查, 血清蛋白免疫分型电泳则是 MM 的诊断及分型的重要手段, 而全自动毛细管电泳技术是一种简便的技术, 能为临床快速提供可靠的结果。

关键词:多发性骨髓瘤; M 蛋白; 血清蛋白电泳; 血清蛋白免疫分型电泳; 毛细管电泳技术

DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2013.18.044

文献标识码: A

文章编号: 1673-4130(2013)18-2445-03

多发性骨髓瘤(MM)是一种骨髓浆细胞恶性增殖性疾病, 发病以中老年人为主。由于该病起病隐匿, 临床表现复杂多样, 极易漏诊或误诊。因此, 对 MM 的早期诊断和鉴别显得极其重要。本文通过对 69 例 MM 患者进行血清蛋白电泳及血

清蛋白免疫分型电泳、血清免疫球蛋白及尿本周蛋白定量检测分析, 旨在探讨毛细管电泳技术在 MM 诊断及分型中的应用。

1 资料与方法

1.1 一般资料 全部病例来自 2010 年 7 月至 2012 年 6 月本

[△] 通讯作者, E-mail: ouyhmei@163.com。