

局呈线性正相关,具有重要临床研究意义,值得推广应用。因此,临床上需对妊娠期糖尿病产妇及早诊断,且采取及时有效的血糖控制手段,尽量恢复产妇的正常血糖水平,从而确保母婴安全。

## 参考文献

- [1] O'SULLIVAN E P, AVALOS G, O'REILLY M W, et al. Erratum to: Atlantic diabetes in pregnancy (Dip): the prevalence and outcomes of gestational diabetes mellitus using new diagnostic criteria [J]. *Diabetologia*, 2016, 59 (4):873.
- [2] 王颖,顾平,朱珠.运动和饮食控制法对妊娠期糖尿病孕妇血糖和妊娠结局影响分析[J]. *中国妇幼保健*, 2015, 30 (21):3575-3577.
- [3] SALOMON C, SCHOLZ-ROMERO K, SARKER S, et al. Gestational diabetes mellitus is associated with changes in the concentration and bioactivity of Placenta: derived exosomes in maternal circulation across gestation [J]. *Diabetes*, 2016, 65(3):598-609.
- [4] 符怡.妊娠期糖尿病孕妇血糖与妊娠结局的关系研究[J]. *中国妇幼保健*, 2015, 30(30):5116-5118.
- [5] KAYAL A, MOHAN V, MALANDA B, et al. Women in India with gestational diabetes mellitus strategy (WINGS): methodology and development of model of care for gestational diabetes mellitus (WINGS 4) [J]. *Indian J Endocrinol Metab*, 2016, 20(5):707-715.
- [6] 王依静.妊娠期糖尿病孕妇的血糖控制水平对妊娠结局

的影响[J]. *中国妇幼保健*, 2016, 31(5):937-938.

- [7] 刘威,李淑娟,陈俊红,等.自我管理日记对妊娠期糖尿病孕妇血糖控制与妊娠结局的影响研究[J]. *实用临床医药杂志*, 2017, 21(10):124-126.
- [8] 孙丹丹,沈华祥,曹云飞,等.妊娠期糖尿病患者 120 例的血糖状况及其妊娠结局分析[J]. *中国高等医学教育*, 2017, 17(6):134-135.
- [9] 杨琴.综合护理干预对糖尿病孕妇妊娠期的血糖控制及妊娠结局的影响分析[J]. *转化医学电子杂志*, 2016, 3 (1):78-80,82.
- [10] 刘娅.妊娠期糖尿病孕妇血糖控制对妊娠结局的影响[J]. *中国卫生标准管理*, 2015, 4(32):47-48.
- [11] 鲁花丽,于坚伟,程雪芹.妊娠期糖尿病不同血糖水平孕妇的临床特点与妊娠结局分析[J]. *中国计划生育和妇产科*, 2016, 8(5):12-15.
- [12] 冯艳红.妊娠期糖尿病(GDM)孕妇不同血糖指标异常的母婴结局研究[J]. *糖尿病新世界*, 2016, 19(5):71-73.
- [13] 陈小丽.妊娠期糖尿病孕妇各项血糖指标异常对妊娠结局的影响[J]. *深圳中西医结合杂志*, 2015, 25(10):24-26.
- [14] 谢玲.妊娠期糖尿病孕妇不同血糖指标异常与妊娠结局的相关性研究[J]. *中国当代医药*, 2016, 23(21):26-28.
- [15] 柳伟伟,丁科亮,罗海霞,等.妊娠期糖尿病孕妇不同血糖指标异常与妊娠结局的关系[J]. *临床和实验医学杂志*, 2016, 48(2):899-902.

(收稿日期:2017-12-16 修回日期:2018-02-12)

## 一起流行性出血热疫情的病原学检测与分析

戴莹<sup>1</sup>,刘力<sup>2</sup>,胡兵<sup>1△</sup>

(1.湖北省疾病预防控制中心卫生检验检测研究所,湖北武汉 430079;2.湖北省疾病预防控制中心传染病防治研究所,湖北武汉 430079)

**摘要:**目的 对 2014 年湖北省咸宁市嘉鱼县一起流行性出血热(EHF)疫情的病例血清标本及患者居住地周围捕获的动物鼠的鼠血、鼠肺组织开展汉坦病毒病原学检测及病毒的分子进化研究。方法 采用汉坦病毒 IgG 和 IgM 抗体检测试剂对 2 例患者及 56 例密切接触者开展血清学和核酸检测。对于核酸阳性的标本进一步分型确定其基因型别。在此基础上,对 M 片段基因序列进行测序并构建进化树。结果 2 份送检的患者血清 IgM 抗体均为阳性,所有密切接触者血清 IgM 和 IgG 均为阴性,汉坦病毒核酸全部为阴性;在捕获的 8 只鼠标本中,3 只鼠检出汉坦病毒核酸,阳性率为 37.5%,基因分型结果为汉城型(SEO)型。M 片段测序及系统发生情况表明该地鼠携带的汉坦病毒位于汉城病毒(SEOV)所在的支系,进化上同武汉分离株 WuhanRf02、江西分离株 JiangxiXinjianRn-07-2011D 亲缘关系最近。结论 通过对病例标本及居住地动物鼠进行病原学检测与分析,发现该次出血热疫情很有可能是由 SEO 型汉坦病毒经鼠造成向人传播。因此,通过加强对该地区汉坦病毒宿主动物的监测对于 EHF 的防控十分重要。

**关键词:**流行性出血热; 汉坦病毒; 分子进化

**DOI:**10.3969/j.issn.1673-4130.2018.14.033

**文章编号:**1673-4130(2018)14-1775-05

**中图法分类号:**R446.9

**文献标识码:**B

流行性出血热(EHF)又称肾综合征出血热,是由

布尼亚病毒科汉坦病毒属(HV)的多种血清型病毒引

△ 通信作者, E-mail:253183347@qq.com。

本文引用格式:戴莹,刘力,胡兵.一起流行性出血热疫情的病原学检测与分析[J]. *国际检验医学杂志*, 2018, 39(14):1775-1779.

起的<sup>[1]</sup>。在中国存在的汉滩病毒(HTNV)、汉城病毒(SEOV)、大别山病毒、阿穆尔病毒、普马拉病毒、符拉迪沃斯托克病毒、哈巴罗夫斯克病毒和泸西病毒中,学者发现仅 HTNV 和 SEOV 可以感染人并引发 EHF<sup>[2]</sup>。该病主要是以鼠为主要传染源,可通过多种途径传播自然疫源性疾疾病<sup>[3]</sup>。目前在多个国家和地区流行,疫源地主要集中在亚洲的韩国、中国以及欧洲的俄罗斯、芬兰、南斯拉夫等。目前,我国已明确存在汉坦型(HTN)、汉城型(SEO)和混合型 3 种疫区<sup>[4]</sup>。湖北省历史上曾经是出血热的重要疫区,2001—2015 年湖北省累计报告 EHF 病例 4 943 例,死亡 139 例,平均发病率 0.564 2/10 万,平均病死率 3.04%,发病率总体呈逐年下降趋势<sup>[5]</sup>,这与全国报道的情况一致<sup>[6]</sup>。病原学监测黑线姬鼠检出以 HTN 型为主,褐家鼠为 SEO 型汉坦病毒为主,LIU 等<sup>[7]</sup>研究表明湖北省为 EHF 混合型疫区。

2014 年 12 月湖北省咸宁市嘉鱼县发生一起 EHF 疫情,采集了患者及部分密切接触者的血液进行病原学检测,并对患者居住地进行捕鼠以开展鼠带毒情况调查。同时采用 IgM、IgG 及汉坦病毒核酸 RT-PCR 荧光检测试剂对病例标本开展检测。解剖捕获的鼠标本取出肺组织,肺组织标本经组织匀浆后

连同鼠血标本分别进行 PCR 检测,对检出病毒核酸阳性的标本进一步分型明确其基因型别。采用 RT-PCR 法对 M 片段部分区段进行扩增与测序、分析,在此基础上对病毒进行了分子进化研究,本研究为该地区更好地防控 EHF 提供了科学依据。

**1 材料与方**

**1.1 一般资料** 采集病例血清标本 2 份,密切接触者血清标本 56 份。在患者居住房屋周边采用夹夜法捕鼠,傍晚布鼠夹次日凌晨收。共捕获鼠 9 只,其中黑线姬鼠 2 只,褐家鼠 6 只,黄胸鼠 1 只。捕获的鼠带回实验室,无菌操作解剖取出鼠肺组织置于 2 mL 冻存管中,加入 1 mL 病毒维持液,分类编号后,至于 -80 °C 冰箱长期冷冻保存、备用。

**1.2 主要试剂** EHF IgM 和 IgG 抗体检测试剂盒购于北京万泰药业股份有限公司;汉坦病毒 I、II 型通用型核酸检测试剂及汉坦病毒 I、II 型核酸分型检测试剂盒均购于上海之江生物科技有限公司;cDNA 第一链合成试剂盒购于 TAKARA 公司;EX taq DNA 聚合酶购于 TAKARA 公司。

**1.3 引物的设计与合成** 根据中国疾病预防控制中心发布的《全国肾综合征出血热监测方案》中推荐的引物序列进行病毒基因扩增,序列见表 1。

表 1 汉坦病毒巢式 PCR 扩增用引物序列

引物	序列(5'~3')	位置
逆转录引物	TAG TAG TAG ACT CC	1~14
通用上游引物	AAA GTA GGT GIT AYA TCY TIA CAA TGT GG	1 910~1 939
通用下游引物	GTA CAI CCT GTR CCI ACC CC	2 373~2 354
汉滩病毒上游引物	GAA TCG ATA CTG TGG GCT GCA AGT GC	1 958~1 984
汉滩病毒下游引物	GGA TTA GAA CCC CAG CTC GTC TC	2 318~2 340
汉城病毒上游引物	GTG GAC TCT TCT TCT CAT TAT T	1 936~1 957
汉城病毒下游引物	TGG GCA ATC TGG GGG GTT GCA TG	2 331~2 353

**1.4 HV 特异性 IgM 及 IgG 抗体检测** 对采集的 58 份血清标本(其中 2 份为病例标本,56 份为密切接触者标本),使用汉坦病毒抗体检测试剂盒(北京万泰药业股份有限公司)来进行 HV 特异性 IgM 及 IgG 抗体检测,具体检测方法按照试剂盒操作说明书操作。

**1.5 HV 荧光定量 RT-PCR 检测** 采用 QIAGEN Viral RNA Mini Kit 对所有样本提取总 RNA,先采用汉坦病毒 I、II 型通用型核酸检测试剂进行核酸检测,对于核酸检测阳性的标本再采用汉坦病毒分型检测试剂进行检测以确定基因型别,荧光定量 RT-PCR 反应体系及反应条件按试剂盒中使用说明书进行,具体操作程序按照相应的试剂盒使用说明书操作,荧光定量 PCR 仪采用安捷伦 MX3000P。

**1.6 M 片断部分区段的 RT-PCR 扩增** 反转录采用 TAKARA 第一链合成试剂盒,步骤按试剂盒中操

作说明书进行,反转录按照表 1 中推荐的引物进行。使用通用引物进行第 1 轮 PCR 反应,反应体系为:2×EX taq Mix 12.5 μL,通用上游引物(10 μmol/L)、通用下游引物(10 μmol/L)各 1.0 μL,反转录 cDNA 2 μL,去离子水 8.5 μL,总体积 25 μL。扩增反应条件为 95 °C 预变性 5 min,94 °C 60 s,55 °C 60 s,72 °C 45 s,扩增 35 个循环,72 °C 延伸 10 min。第 2 轮反应使用汉滩病毒/汉城病毒分型引物扩增,反应体系:2×EX taq Mix 12.5 μL;汉城病毒上下游引物(10 μmol/L)各 1.0 μL;第 1 轮反应产物 2.0 μL,去离子水 8.5 μL,总体积 25 μL,反应条件同第 1 轮 PCR 反应。

**1.7 琼脂糖凝胶电泳分析** 采用 2.0% 的琼脂糖进行电泳,用 TAKARA DL2000 作为相对分子质量标准品进行定量,采用凝胶电泳检测系统观察电泳结果

并拍照并将电泳结果并拍照并将电泳条带明亮且特异的标本送北京天一辉远公司进行 DNA 测序。

**1.8 部分 M 片段的测序及进化树构建** 序列整理和生物信息学分析,将测序中的引物序列去除后,应用 DNASTar 软件进行序列的拼接、比对和分析。采用 MEGA 4.0 软件进行序列间的核苷酸和氨基酸同源性比较,并用邻结法构建系统发生树,用于构建系统进化树,汉坦病毒各基因型代表株的参比序列来自 NCBI 的 GenBank。

**2 结 果**

**2.1 病例标本血清学检测** 本次实验共采集 58 份血清标本(其中 2 份为病例标本,56 份为密切接触者标本),使用汉坦病毒抗体检测试剂盒同时检测 IgM 和 IgG 抗体,2 份病例血清样本出血热 IgM 抗体均为阳性提示为急性期感染,根据《流行性出血热诊断标准》(WS278-2008),可判定为确诊病例。进一步检测 IgG 抗体,其中一份血清标本的 IgG 抗体为阳性,另一份血清标本的 IgG 抗体为阴性。所有密切接触者血清 IgM 检测结果均为阴性。

**2.2 病例标本的 Real time RT-PCR 检测** 对所有的血清学标本采用汉坦病毒 I、II 型通用型核酸检测试剂盒进行 PCR 鉴定,所有的标本汉坦病毒核酸扩增结果均为阴性(I 型为 HTN 型、II 型为 SEO 型)。

**2.3 宿主动物汉坦病毒核酸检测** 在病例居住地周围布鼠夹子 100 个,共捕获宿主动物鼠 9 只,命名为鼠 Xianning01-2014~Xianning09-2014。其中黑线姬鼠 2 只,褐家鼠 6 只,黄胸鼠 1 只。在无菌操作情况下,取出鼠肺组织进行研磨得到组织匀浆并将鼠心脏破碎取血检测。将采集的所有标本送实验室开展汉坦病毒核酸检测。先采用汉坦病毒 I、II 型通用型核酸检测试剂盒进行检测,鼠 Xianning05-2014 全血、鼠 Xianning01-2014 全血扩增 Ct 值为 34.86、33.16,根据试剂盒使用说明书,结果判为阳性。鼠 Xianning01-2014 肺组织(Ct=19.78)、鼠 Xianning02-2014 肺组织(Ct=22.34)、鼠 Xianning05-2014 肺组织(Ct=19.46)标本 HV 核酸检测结果为阳性。见图 1。

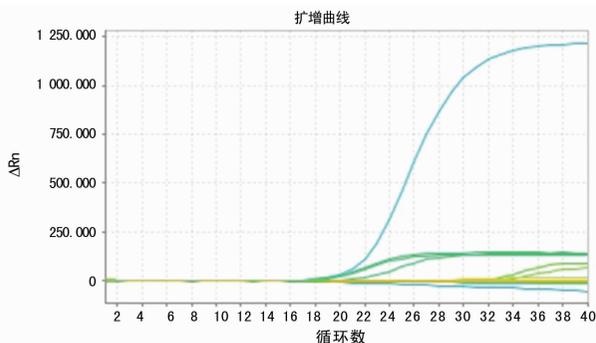


图 1 8 份鼠肺组织标本用通用型汉坦病毒核酸检测试剂盒扩增图

(鼠 Xianning01-2014、鼠 Xianning02-2014、鼠 Xianning05-2014)进一步用汉坦病毒 I、II 型核酸分型检测试剂盒进行检测,结果见图 2、3。采用 I 型核酸检测试剂盒进行扩增未检测到扩展 Ct,结果为阴性。同时采用汉坦病毒 II 型核酸检测试剂盒进行扩增,扩增 Ct 值分别为 19.17、22.23、19.25,具有十分典型的“S”型扩增曲线,结果判为阳性。

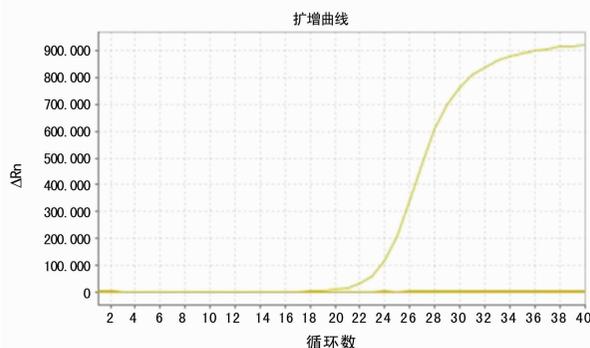


图 2 8 份鼠肺组织标本用 HTNV 型汉坦病毒分型试剂盒扩增图

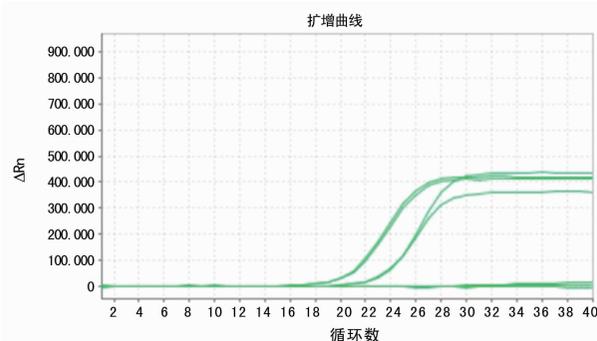
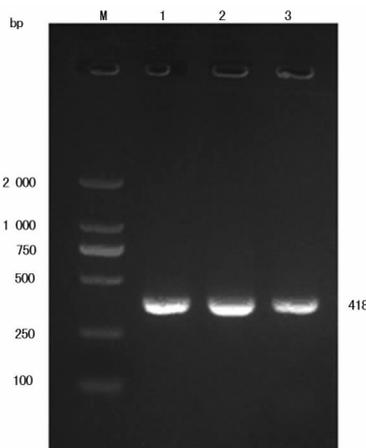


图 3 8 份鼠肺组织标本用 SEOV 型汉坦病毒分型试剂盒扩增图

对捕获的 9 只宿主动物鼠进行检测,结果表明,在 3 只褐家鼠中检测到汉坦病毒核酸结果为阳性,进一步分型为 II 型(SEO 型)汉坦病毒核酸阳性。



注:M 表示 DNA Marker DL2000,1 表示鼠 Xianning01-2014 鼠肺组织扩增,2 表示鼠 Xianning02-2014 鼠肺组织扩增,3 表示鼠 Xianning05-2014 鼠肺组织扩增

图 4 凝胶电泳图

将以上 PCR 检测结果阳性的鼠肺组织匀浆标本

**2.4 阳性标本的部分 M 片段的测序** 将鼠 Xianning01-2014、鼠 Xianning02-2014、鼠 Xianning05-2014 的 3 份鼠肺组织匀浆标本的 RNA 经过反转录后合成 cDNA 第一条链,反转录引物采用表 1 中推荐的引物进行。采用通用型引物作为巢式 PCR 外侧引物进行扩增,以巢式 PCR 第一轮扩增产物为模板用 SEO 型特异性引物进行第 2 轮 PCR,扩增产物经电泳在 418 bp 左右处出现 1 条特异 PCR 条带,电泳结果见图 4。

**2.5 M 片段的测序及进化树的构建** 通过对测序获得的 418 bp 核苷酸序列分析,SEOV 和 HTNV 型汉坦病毒在进化上分为 2 个明显独立的进化支系,见图 5。系统发生树也表明,3 份鼠肺标本基因型别为 SEOV 型,在进化上同武汉分离株 WuhanRf02、江西分离株 JiangxiXinjianRn-07-2011D 的亲缘关系最近;与新疆分离株 Urumuqi55、福建分离株 Fj372-2013、河南分离株 26M-2014Henan、浙江分离株 K24-V2 等亲缘关系较远,其中与吉林珲春分离株 H156 处于同一亚分支的 2 个独立的小分支。3 份鼠标本中的病毒在进化上是同 SEOV 型分离株 Gou3 及 YongjiaRn14 不在一个亚分支上,亲缘关系最远。

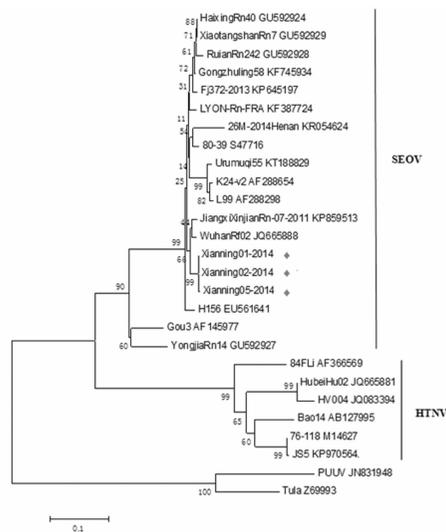


图 5 SEOV 部分 M 片段核苷酸序列所构建的系统发生树

**3 讨 论**

本研究同时采用荧光定量 PCR 和血清学检测法对疑似病例血清标本进行检测,2 份疑似病例标本血清 IgM 抗体均为阳性,但荧光定量 PCR 法未检出病毒核酸,可能原因是患者处于病程晚期,发病时间较长。研究表明,由于 EHF 的病毒血症期一般在发热的前 5 d,且 HV 核酸在常温条件下极易降解,对储运条件要求较高,单纯采用核酸检测试剂比较容易造成漏检,因此十分有必要同时辅助于血清学的检测方法。本研究中的 2 份病例标本核酸检测结果均为阴性,但是 IgM 抗体为阳性,亦可实验室确诊<sup>[8]</sup>。汉坦病毒属较难分离的病毒,细胞病变不明显,分离周期较长且分离成功率非常低,特别是对于动物组织标本的分离,虽然也有文献报道在褐家鼠肺组织中分离到

了 SEOV,在黑线姬鼠中分离到了 HTNV<sup>[9]</sup>,笔者为了避免繁杂的细胞分离操作而采用巢式 RT-PCR 技术手段扩增出病毒 M 片段中部分基因序列快速用于病毒基因分型及分子流行病学研究。

湖北省自 1957 年发现首例 EHF 患者至今 60 多年,历经几个自然流行高峰。近 10 年来,湖北地区 EHF 的流行特征出现了明显改变,流行强度也明显下降。作为一种自然疫源性疾病,EHF 的流行与其自然宿主动物密切相关。通常宿主动物的类型、分布决定了汉坦病毒基因型别及分布。张明霞<sup>[10]</sup>对湖北省 2000—2009 年汉坦病毒流行及自然宿主分布进行了调查,发现湖北等地区汉坦病毒的自然宿主为黑线姬鼠和褐家鼠混合型疫区,其中褐家鼠为优势宿主,褐家鼠所携带的 SEOV 为主要的病毒型别。在本研究中,该省嘉鱼县捕获的宿主动物以褐家鼠为主,且仅检出 SEOV 基因型别,这与此前对湖北地区的研究一致<sup>[10-12]</sup>。相较于其他亚型的自然宿主,褐家鼠十分活跃,且人类活动增加了携带 SEOV 型汉坦病毒与人接触的概率。当前,湖北省虽已不是流行性出血热的主要疫区,但是出血热疫情仍时有发生,严重危害了群众身体健康。因此,加强对流行性出血热疫情防控尤其是对相关宿主动物的监测显得十分必要。

**4 结 论**

通过对发现的汉城型汉坦病毒 SEOV 的部分 M 基因序列进行同源性和系统发生树分析,选取 NCBI 中有代表性的 SEOV 毒株同源性在 90.8%~99.3% 之间。系统发生树分析表明,在本次疫情中捕获的动物鼠中病毒与武汉分离株 WuhanRf02、江西分离株 JiangxiXinjianRn-07-2011D 亲缘关系很近;与新疆分离株 Urumuqi55、福建分离株 Fj372-2013、河南分离株 26M-2014Henan、浙江分离株 K24-V2 等毒株亲缘关系较远,同 SEOV 型分离株 Gou3 及 YongjiaRn14 亲缘关系最远。同时,在湖北咸宁地区本次采集的鼠标本中携带的 SEO 型汉坦病毒与该省武汉市及周边江西省毒株在进化上高度同源,与熊海萍等<sup>[13]</sup>在武汉市分离到的 Seoul virus 毒株与 L99 株(AF288298)及 K24-v2(AF288654)在进化上同处于一个进化亚分支。但本次采集的汉坦病毒自然宿主鼠数量不多,不能全面地反映该地区鼠带毒情况,再加上在患者标本中也未检测病毒核酸更难以将患者标本中病毒基因信息同鼠携带病毒进行比较。因此,这提示我们需要在以后的疾病控制工作中进一步加强对该病自然宿主的监测。

**参考文献**

[1] 宋干. 肾综合征出血热流行病学研究与防治[J]. 中国公共卫生,2004,20(6):766-768.  
 [2] 张海林,张云智. 中国汉坦病毒基因型及分布[J]. 中国媒介生物学及控制杂志,2011,22(5):417-418.

- [3] 周济华,张海林. 汉坦病毒分型及致病性的研究进展[J]. 国际病毒学杂志, 2008, 25(2): 37-42.
- [4] 王世文,杭长寿,王华,等. 我国汉坦病毒基因型和基因亚型的分布研究[J]. 病毒学报, 2002, 18(3): 211-216.
- [5] 白晶晶,王晓南,刘力,等. 2001—2015 年湖北省肾综合征出血热流行病学特征分析[J]. 现代预防医学, 2016, 43(20): 3655-3660.
- [6] 王芹,周航,韩仰欢,等. 中国 2005—2008 年肾综合征出血热监测及疫情分析[J]. 中华流行病学杂志, 2010, 31(6): 675-680.
- [7] LIU J, LIU DY, CHEN W, et al. Genetic analysis of hantaviruses and their rodent hosts in central-south China [J]. Virus Res, 2012, 163(2): 439-447.
- [8] 吴守丽,严延生,颜莘莘,等. 肾综合征出血热抗体快速诊断试剂盒的应用研究[J]. 海峡预防医学杂志, 2009, 15(3): 1007-2705.
- [9] 曹苏亚. 黑龙江口岸城市啮齿类动物感染汉坦病毒的分子流行病学研究[D]. 东北林业大学, 2016.
- [10] 张明霞,李琦,韩占英,等. 汉坦病毒的进化及与宿主动物的关系[J]. 现代预防医学, 2006, 33(7): 1115-1117
- [11] 刘师文,徐刚,龚甜,等. 江西省鼠类携带汉坦病毒基因特征研究[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2015, 26(5): 475-479.
- [12] 刘师文,龚甜,施勇,等. 江西省 1 株汉滩型汉坦病毒的分离与鉴定[J]. 现代预防医学, 2016, 43(18): 3394-3397.
- [13] 侯炜,杨占秋,杨继江. 湖北省不同地区汉坦病毒的基因型研究[J]. 中国公共卫生, 2002, 18(6): 667-669.
- [14] 熊海萍,李明慧,朱莹,等. 武汉市啮齿动物中汉坦病毒分子流行病学研究[J]. 中国热带医学, 2010, 10(6): 658-660.

(收稿日期:2017-12-25 修回日期:2018-03-12)

• 短篇论著 •

## 血清胱抑素 C 与 2 型糖尿病周围神经病变的相关性探讨

李新亮

(徐州市矿山医院, 江苏徐州 221000)

**摘要:**目的 探讨胱抑素 C(CysC)与 2 型糖尿病周围神经病变的相关性,客观评价 CysC 在糖尿病周围神经病变早期诊断中的应用价值。方法 选取该院就诊的 122 例 2 型糖尿病患者,根据电生理检查(NET)诊断结果,将其分为不伴周围神经病变组(65 例)与伴周围神经病变组(57 例),根据肾小球滤过率分为 A1、A2、B1、B2 组。另从同期体检健康者中选取 60 名志愿者为健康对照组。对入组对象行血清 CysC 检测、NET 检查,观测各组检测结果。结果 2 型糖尿病伴周围神经病变组血清 CysC 水平显著高于健康对照组、2 型糖尿病不伴周围神经病变组( $P < 0.05$ ); B2 组血清 CysC 水平显著高于健康对照组、A1 组、A2 组、B1 组, B1 组血清 CysC 水平高于健康对照组、A1 组、A2 组, A2 组血清 CysC 水平高于健康对照组、A1 组( $P < 0.05$ ); 血清 CysC 水平 -50%、-75%、-100% 组的正中神经潜伏期与 -25% 组对比有显著差异; 血清 CysC 水平 -100% 的腓肠神经神经传导速度(SCV)与 -25%、-50%、-75% 组对比有统计学意义( $P < 0.05$ ); 血清 CysC 水平 -25%、-50%、-75%、-100% 周围神经病变发生率分别为 30.00%、41.46%、41.46%、63.33%。结论 2 型糖尿病周围神经病变患者血清 CysC 水平呈现为高表达,且血清 CysC 水平可影响运动传导波幅、腓肠神经 SCV,故血清 CysC 水平可用于周围神经病变程度的预测。

**关键词:** 2 型糖尿病; 周围神经病变; 血清胱抑素 C; 相关性

**DOI:** 10.3969/j.issn.1673-4130.2018.14.034

**中图法分类号:** R446.11

**文章编号:** 1673-4130(2018)14-1779-04

**文献标识码:** B

糖尿病周围神经病变是一种常见的糖尿病慢性并发症,男女发病率相近,并且伴随着糖尿病病程的延长,其发病率也呈现出非常显著的递增趋势。调查数据显示,2 型糖尿病患者中,61.8% 的患者均并发周围神经病变<sup>[1]</sup>。这不仅使得糖尿病的致残率和病死率升高,也造成了一系列的复杂的医疗和护理等问题,同时也是导致糖尿病患者反复住院的主要原因。除此之外,周围神经病变也是引起糖尿病足等独立危险因素<sup>[2]</sup>。由于糖尿病周围神经病变起病具有较高隐匿性,并且呈现为逐步渐进的过程,其病理改变的严

重性与症状的出现及其严重性往往不一致,患者通常表现为感觉异常,继而出现足部坏疽、溃疡等<sup>[3]</sup>。为此,加强对糖尿病周围神经病变的早期诊断,对有效实施特异性治疗和血糖控制,预防足部溃疡、截肢及死亡等均有重要意义<sup>[4]</sup>。本文对胱抑素 C(CysC)与 2 型糖尿病周围神经病变的相关性进行研究,旨在客观评价 CysC 在糖尿病周围神经病变诊断中的应用价值。

### 1 资料与方法

**1.1 一般资料** 本研究病例均来自 2015 年 1 月至 2016 年 12 月该院内分泌科接诊住院 2 型糖尿病患