

· 论 著 ·

贵州省 14 株猪链球菌毒力基因及脉冲场凝胶电泳分型研究*

马青¹, 彭添碧², 刘英¹, 王月¹, 韦小瑜¹, 李世军¹

1. 贵州省疾病预防控制中心, 贵州贵阳 550004; 2. 织金县疾病预防控制中心, 贵州毕节 552102

摘要:目的 了解贵州省 2010—2020 年猪链球菌的脉冲场凝胶电泳(PFGE)带型分布和分子流行病学特征。方法 采用 PCR 实验技术和脉冲场凝胶电泳(PFGE)对 14 株猪链球菌(猪源 4 株, 人源 10 株)进行毒力基因检测和 PFGE 分子分型分析。结果 所有菌株毒力基因 sly 和 epf 基因检出率为 100.0%, 而在 10 株猪链球菌中未检出 mrp 基因。PFGE 结果显示, 14 株菌经 Sma I 酶酶切后产生 9~10 条 DNA 条带, 聚类分析显示 14 株猪链球菌呈现出 9 种 PFGE 带型, 菌株间的相似度在 74.5%~100.0%; 2013 年与 2016 年的菌株 PFGE 带型相同, 其他各年的菌株 PFGE 带型均不相同; 丹寨县一株菌株与兴义市菌株 PFGE 带型相同, 其余各地区 PFGE 带型均各不相同。结论 贵州省猪链球菌优势毒力基因型为 mrp-sly+epf+。贵州省猪链球菌基因组 DNA 呈多样性, 暂未发现 PFGE 带型分布与菌株分离的时间、地域和致病血清型有明显相关性。

关键词: 猪链球菌; 脉冲场凝胶电泳; 毒力基因; 分子分型

DOI: 10.3969/j.issn.1673-4130.2026.06.006

中图法分类号: R446.5

文章编号: 1673-4130(2026)06-0674-05

文献标志码: A

Virulence genes and pulsed-field gel electrophoresis typing of 14 strains of *Streptococcus suis* in Guizhou Province*MA Qing¹, PENG Tianbi², LIU Ying¹, WANG Yue¹, WEI Xiaoyu¹, LI Shijun¹

1. Guizhou Center for Disease Control and Prevention, Guiyang, Guizhou 550004, China;

2. Zhijin Center for Disease Control and Prevention, Bijie, Guizhou 552102, China

Abstract: Objective To explore the pulse field gel electrophoresis (PFGE) band distribution and molecular epidemiological characteristics of *Streptococcus suis* in Guizhou Province from 2010 to 2020. **Methods** Polymerase chain reaction (PCR) and pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) were used to detect the virulence genes and molecular typing of 14 strains of *Streptococcus suis* (4 strains from swine and 10 strains from human). **Results** The detection rates of virulence genes sly and epf for all strains were 100.0%, while the mrp gene was not detected in 10 strains of *Streptococcus suis*. The PFGE results showed that 14 strains were cut into 9–10 DNA bands after Sma I enzyme digestion. Cluster analysis revealed that the 14 strains of *Streptococcus suis* presented 9 types of PFGE band patterns, with the similarity among the strains ranging from 74.5% to 100.0%. The PFGE band patterns of the strains in 2013 were the same as those in 2016, while those in other years were different. One strain from Danzai County had the same PFGE band pattern as the strain from Xingyi City, while the PFGE band patterns of the strains from other regions were all different. **Conclusion** The dominant virulence genotype of *Streptococcus suis* in Guizhou Province is mrp-sly+epf+. The genomic DNA of *Streptococcus suis* in Guizhou Province shows diversity, and no significant correlation has been found between the distribution of PFGE band patterns and the time, region and pathogenic serotype of the isolates.

Key words: *Streptococcus suis*; pulse field gel electrophoresis; virulence genes; molecular typing

自 1968 年丹麦首次出现人感染猪链球菌病的病例以来, 世界上陆续出现人感染猪链球菌病的相关报道^[1-2]。既往研究显示, 2005 年中国江苏、四川暴发了大规模的人感染猪链球菌的病例^[3]。近几年虽然国内未出现大规模疫情, 但在海南、河北、山东等曾经未出现人感染猪链球菌病的地区也都陆续出现了病例

报道^[4-6], 贵州省也陆续有猪链球菌感染人的相关报道^[7-9]。猪链球菌是一种重要的人畜共患病病原, 按照荚膜多糖的差异, 猪链球菌被分为 35 个血清型(1~34 型、1/2 型)^[10-12]。目前能感染人致病的血清型主要包括 1/2、1、2、7、9 和 14 型总共 6 种类型^[13-14], 其中以 2 型猪链球菌的致病力最强而且最为

* 基金项目: 贵州省微生物组与传染性疾病预防重点实验室项目(ZDSYS[2023]004)。

作者简介: 马青, 女, 主任技师, 主要从事病原微生物检验研究。

常见^[15-16]。目前猪链球菌的分子分型方法主要包括多位点序列分型、随机扩增多态性 DNA、脉冲场凝胶电泳等^[17-19]。近年来,贵州省人感染猪链球菌病呈现散发趋势。本研究通过分析 2010—2020 年贵州省猪链球菌菌株脉冲场凝胶电泳(PFGE)型别,对菌株间的遗传关系及基因多样性情况进行初步了解,以期为贵州省猪链球菌的基因型别和分子流行病学特征的揭示及贵州省人感染猪链球菌病防控策略的制订、疫情预警等提供一定的科学依据。

1 材料与方法

1.1 菌株来源 14 株猪链球菌是 2010—2020 年分离自贵州省不同地区的猪链球菌病临床患者和病猪(其中有 10 株菌株来源于 9 例临床患者,另有 4 株菌株来源于 2 头猪链球菌感染的猪)。参考菌株沙门菌 H9812 标准菌株由中国疾病预防控制中心赠送。

1.2 仪器与试剂 仪器:荧光 PCR 仪(美国 Applied Biosystems 公司);脉冲场凝胶电泳系统(美国 Bio-Rad 公司);全自动凝胶成像系统(美国 Bio-Rad 公司);二氧化碳培养箱(美国赛默飞公司);恒温振荡培养箱(成都兰博易公司);恒温培养箱(德国 Binder 公司);浊度计(美华医疗科技有限公司)。试剂:猪链球菌(通用型、2 型)双重核酸检测预分装试剂盒(深圳生科原公司);Sma I 酶(TaKaRa 公司);Xba I 酶(TaKaRa 公司);血琼脂平板(郑州贝瑞特公司);溶菌酶、蛋白酶 K、1 mol/L Tris-HCL、0.5 mol/L 乙二胺四乙酸(EDTA)、十二烷基肌氨酸钠(Sarcosyl)、十二烷基硫酸钠(SDS)、0.5×TBE 溶液(北京索莱宝科技有限公司);Seakem Gold Agorose(Lonza 公司);Gel-red 染料(美国 BIOTIUM 公司)。

1.3 方法

1.3.1 猪链球菌复核 (1)菌株培养:首先进行菌株的复苏,取菌种保存管内的菌株划线接种于血平板培养基上,置于(36±1)℃、5% CO₂ 培养箱中培养过夜;培养 16~18 h 后,挑取平板上单菌落划线再次接种于血平板培养基上,置于(36±1)℃ 5% CO₂ 培养箱培养过夜,备用。(2)核酸提取及 PCR 复核鉴定:挑取血平板培养基上的纯培养菌落于 0.2 mL 无菌纯水中制成菌悬液,100℃加热 10 min,10 000 r/min 离心 10 min,取上清液备用;采用猪链球菌(通用型、2 型)双重核酸检测预分装试剂盒(荧光 PCR 法)进行猪链球菌的复核鉴定。

1.3.2 猪链球菌猪链球菌毒力基因检测实验 mrp、sly、epf 毒力基因引物序列参考国家致病菌识别网技术规范(2024 版)设计合成,引物序列见表 1。引物均由北京天一辉远生物科技有限公司合成。总反应体系 25 μL:上、下游引物各 1 μL、模板 1 μL、Taq Mix 12.5 μL、去离子水 9.5 μL。mrp 基因扩增参数:94℃预变性 5 min,94℃ 30 s,56℃ 30 s,72℃ 30 s,共 30 个循环,最后 72℃延伸 5 min。sly 基因扩增参

数:94℃预变性 5 min,94℃ 60 s,51℃ 60 s,72℃ 90 s,共 30 个循环;最后 72℃延伸 5 min。epf 基因扩增参数:94℃预变性 5 min,94℃ 30 s,56℃ 30 s,72℃ 30 s,共 30 个循环;最后 72℃延伸 5 min。取 5 μL 扩增产物进行 1.5%琼脂糖凝胶电泳,以 DNA 标记物(DNA marker)DL 2000 为对照,电泳后采用凝胶成像系统获取凝胶电泳图,根据扩增出的条带大小判别扩增毒力基因结果。

表 1 猪链球菌毒力基因引物

引物	序列(5'-3')	目的片段长度(bp)
mrp-F	GGTATACCTTGCTGGTACCGTTC	532
mrp-R	AGTCTCTACAGCTGTAGCTGG	
epf-F	ACAAAGGCGTAGGTTCAATC	269
epf-R	CGGCATCAAGAATGTCTTTG	
sly-F	AGTTCGCACCTTGATTTTAAG	1 500
sly-R	AATACATTGCCAGATTACTC	

1.3.3 猪链球菌 PFGE 分子分型 猪链球菌 PFGE 操作参考国家致病菌识别网技术规范(2024 版)《常见病原细菌脉冲场凝胶电泳一般操作规程》中的相关参数条件。(1)菌悬液制备与细菌裂解:将适量的猪链球菌新鲜培养物均匀悬浮于 Falcon 2054 试管的 2 mL 细胞悬液(CSB)中,利用比浊仪调整样本吸光度值至 6.1~6.3,标准菌株 H9812 的吸光度值调至 4.0~4.5。每个样本分别取 300 μL 的细胞悬液置于 1.5 mL 微量离心管中,分别再加入溶菌酶(质量浓度为 200 mg/mL)5 μL,置 37℃培养箱孵育 10~15 min;取 400 μL 标准菌株 H9812 细胞悬液于 1.5 mL 微量离心管中(不加入溶菌酶)。每个微量离心管(包括样本菌株和标准菌株)中加入 20 μL 蛋白酶 K(质量浓度为 20 mg/mL)充分混匀,加入与细胞悬液等量的 57℃ 1% SeaKem Gold,轻吹混匀并迅速加入相应模具中,过程中尽量避免产生气泡,于常温下凝固 10~15 min。

1.3.4 蛋白酶 K 消化与清洗胶块 已凝固的小胶块置于已加入 5 mL 细胞裂解液(CLB)与 25 μL 蛋白酶 K(质量浓度为 20 mg/mL)混合液的 50 mL 螺帽管,置 54℃的水浴摇床中孵育 2 h。弃混合液,加入 10~15 mL 提前预热至 50℃的灭菌纯水,置于 50℃水浴摇床中 10~15 min,重复此操作 1 次。弃灭菌纯水,加入 10~15 mL 提前预热至 50℃的 TE,置于 50℃水浴摇床中 10~15 min,再重复此操作 3 次。在蛋白酶 K 消化与清洗过程中,将水浴摇床转速设置为 150~170 r/min。

1.3.5 酶切 将 2 mm 宽的胶块放入已加入 200 μL 缓冲液的 1.5 mL 微量离心管中,置于 37℃培养箱中孵育 5~10 min。轻轻吸出相应的酶切缓冲液,于离心管中分别加入 200 μL 含有相应内切酶(样本为

Sma I 酶,标准菌株 H9812 为 Xba I 酶)的酶切液,于 37 °C 培养箱中孵育 2 h 以上,但不超过 3.5 h。

1.3.6 加样、电泳与凝胶成像 酶切后缓缓吸出缓冲液,加入 200 μL 0.5×TBE,平衡 5 min 后取出小胶块放置于梳齿上,倒入 57 °C 平衡 30 min 以上的 100 mL 1% SeaKem Gold 进行封置,常温下凝固 30 min 以上。将胶块放入电泳系统的电泳槽中,设置相应的电泳参数进行电泳。电泳参数为:电压梯度 6 V/cm,电场夹角 120°,电泳缓冲液 0.5×TBE,冷凝机温度为 14 °C,泵 70(缓冲液的流速约为 1 L/min),片段大小 30~700 kb,脉冲参数为 2.2~54.2 s,电泳时间 17 h。电泳结束,使用 400 mL Gelred 溶液染色 20~30 min,500 mL 的去离子水脱色 30 min 以上。最后,使用 Gel Doc 2000 拍摄图像。

1.3.7 电泳图谱分析 应用分子生物学软件 BioNumerics 8.0 软件进行聚类分析。

2 结果

2.1 猪链球菌荧光 PCR 鉴定结果 猪链球菌(通用型、2 型)双重核酸检测预分装试剂盒进行提取,检测结果为 14 株菌株均是猪链球菌,其中有 12 株为 2 型猪链球菌,2 株为非 2 型猪链球菌。

2.2 毒力基因检测结果 14 株菌株分为 2 个毒力基因型,其中以 *mrp-sly+epf+*(10 株)为主要的毒力基因型,其次是 *mrp+sly+epf+*(4 株)的毒力基因型。

2.3 猪链球菌 PFGE 结果 14 株猪链球菌使用 Sma I 酶酶切并进行脉冲场凝胶电泳后,其 DNA 片段均得到了较好的分离,可见 9~10 条大小不一的 DNA 条带,PFGE 部分电泳图谱见图 1。利用 BioNumerics 8.0 软件进行聚类分析发现,各菌株间条带的相似性在 74.5%~100.0%。根据聚类分析结果,按不同菌株的相似性系数进行分型,相似性系数 100% 归为一类型,14 株猪链球菌总共分为 9 个型,见图 2。如果按 74.5% 的相似性系数进行分类,14 株菌株的 PFGE 带型被分为 2 个群。

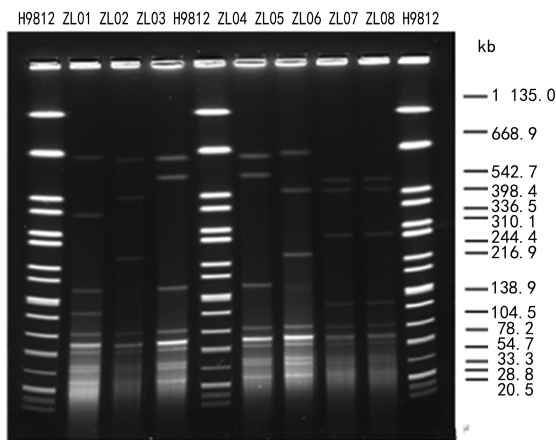


图 1 部分猪链球菌 PFGE 图谱

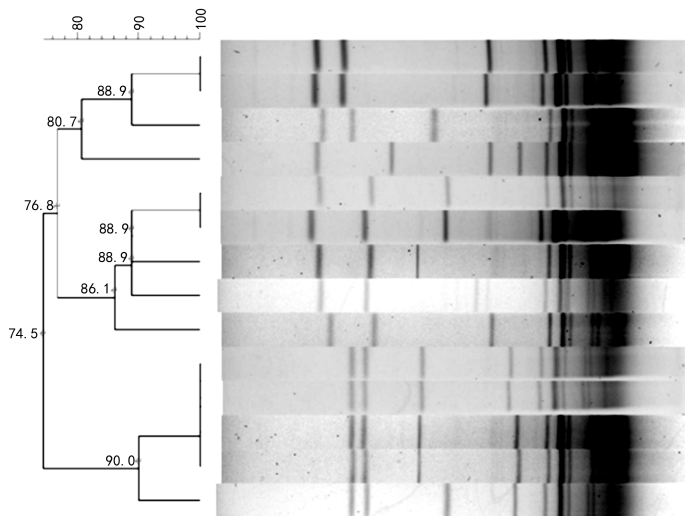


图 2 贵州省 2010—2020 年 14 株猪链球菌聚类图

2.4 PFGE 带型的时间及地域分布 根据聚类图提示,除 2013 年与 2016 年的菌株呈现出同一 PFGE 带型,其余年份的菌株 PFGE 带型均不相同。2010、2015 年均呈现 1 种 PFGE 带型,2017、2018、2020 年各呈现 2 种 PFGE 带型。14 株菌株来源于贵州省 9 个县市,其中安龙县 4 株,凯里市 2 株,丹寨县 2 株,石阡县、兴义市、册亨县、罗甸县、榕江县、安顺市各 1 株。安龙县的 4 株菌株为同 1 个 PFGE 带型,凯里市的 2 株菌株为同 1 个 PFGE 带型;丹寨县的 2 株菌株

菌株编号	采样时间	采样地区	样本来源类型
ZL03	2015. 12. 26	凯里市	脑脊液(患者)
ZL04	2015. 12. 26	凯里市	血液(患者)
ZL12	2018. 06. 11	册亨县	血液(患者)
ZL01	2010. 09. 29	丹寨县	扁桃体(猪)
ZL02	2013. 02. 19	兴义市	血液(患者)
ZL05	2016. 10. 20	丹寨县	血液(患者)
ZL10	2017. 08. 12	榕江县	血液(患者)
ZL13	2020. 11. 12	罗甸县	脑脊液(患者)
ZL11	2018. 09. 15	石阡县	脑脊液(患者)
ZL06	2017. 01. 05	安龙县	肌肉(猪)
ZL07	2017. 01. 05	安龙县	肝组织(猪)
ZL08	2017. 01. 05	安龙县	肺组织(猪)
ZL09	2017. 01. 05	安龙县	血液(患者)
ZL14	2020. 12. 24	安顺市	血液(患者)

呈现 2 个不同的 PFGE 带型,其中一株与兴义市菌株的 PFGE 带型相同;剩余 5 个县市菌株各自具有独特 PFGE 带型。

2.5 猪链球菌 2 型菌株与非 2 型菌株的 PFGE 带型差异 ZL05 与 ZL12 两株菌株为非 2 型猪链球菌,ZL05 菌株为丹寨县人感染猪链球菌病例分离所得,与兴义市 2 型猪链球菌菌株系同一 PFGE 带型。ZL12 菌株为册亨县人感染猪链球菌病例分离所得,独立呈现为一种 PFGE 带型,但与凯里市两株 2 型猪

链球菌菌株聚类较近,相似度为 88.9%。

2.6 猪源分离株和人源分离株的亲缘关系 猪源分离株(ZL06、ZL07、ZL08)与人源分离株(ZL09)的 PFGE 带型相同,猪源分离株(ZL06、ZL07、ZL08)与人源分离株(ZL14)的 PFGE 带型相似性达 90.0%,同时猪源分离株(ZL01)与人源分离株(ZL03、ZL04、ZL12)的 PFGE 带型相似性达 80.7%。

3 讨论

根据本研究结果可知 14 株菌株中 *sly* 和 *epf* 基因检出率为 100%,而在 10 株猪链球菌中未检出 *mrp* 基因。贵州省猪链球菌存在 *mrp*-*sly*+*epf*+ 和 *mrp*+*sly*+*epf*+ 两种毒力基因型。结合病例信息可知,*mrp*+*sly*+*epf*+ 毒力基因型的 4 株猪链球菌均来自于临床病例样本,患者有较严重的脑膜炎、心内膜炎等临床症状。

PFGE 技术作为细菌分子分型的一种金标准,已经被成功应用于包括猪链球菌在内的多种细菌的分子流行病学分析^[20-21]。PFGE 技术是从 DNA 水平上来阐明细菌间的差别及亲缘关系,从而可以帮助快速找到传染源,为研制疫苗等提供有效信息,在人群健康和减少经济损失方面有重要作用^[22],对公共卫生事业的发展具有十分重要的意义。本研究使用 PFGE 分子分型分析方法将 2010—2020 年分离自贵州省不同地区的猪链球菌临床患者或猪的 14 株猪链球菌进行分子分型分析,14 株猪链球菌分为 9 个 PFGE 带型。这说明 PFGE 方法对猪链球菌基因分型具有高分辨力的特点,也揭示了贵州省猪链球菌基因组 DNA 的多样性。从 PFGE 带型分布的时间上看,除了 2013 年与 2016 年的菌株出现相同 PFGE 带型,其他各年菌株的 PFGE 带型均不相同。分离自丹寨县不同年份的 2 株菌呈现出不同 PFGE 带型,2 株菌的 PFGE 带型相似度为 76.8%,提示贵州省猪链球菌随时间推移,在流行传播过程中菌株存在着变异,这可能是因环境压力改变,菌株为适应环境而选择产生变异所导致。从 PFGE 带型分布地区上来看,兴义市 1 株菌株与丹寨县 1 株菌株的 PFGE 带型相同,其余各县市菌株各为 1 个 PFGE 带型。丹寨县 ZL05 与册亨县 ZL12 两株菌为非 2 型猪链球菌但不是同一 PFGE 带型。综上所述,贵州省猪链球菌分离株 PFGE 图谱带型多,基因型别呈多样性,暂未发现 PFGE 带型分布和聚类关系与菌株的分离时间、地域及致病血清型有明显相关性。后续将对贵州省所有猪链球菌进行全基因组测序,探寻猪链球菌间亲缘进化关系,阐明贵州省猪链球菌毒力基因和分子流行病学特征,为今后贵州省猪链球菌病原监测、疫情暴发预测预警、防控策略措施制订提供科学参考依据。

10 株人源分离株分离自 9 例患者临床标本,除凯里市 1 例患者分离的 ZL03、ZL04(分别分离自脑脊液和血液)及 2013、2016 年 2 例患者分离的 ZL02、ZL05

在聚类图上呈同一 PFGE 带型外,其余 6 例患者临床标本分离菌株均为不同 PFGE 带型;聚类分析图显示,猪源分离株(ZL06、ZL07、ZL08)与人源分离株(ZL09)的 PFGE 带型相同,以上 4 株菌株为同一起疫情分离所得,其中 ZL06、ZL07、ZL08 分别分离自同一病猪的猪肉、猪肝、猪肺,ZL09 则分离自患者血液。结合猪链球菌病为人畜共患病的感染特点,推断出患者感染可能来源于病猪,可能是通过破损皮肤、呼吸道、消化道等途径感染。本研究结果提示,预防猪链球菌感染人致病,应该做好健康宣教工作,重视与牲畜接触过程中的防护工作及接触后的消毒工作,做好肉类检疫工作等。

参考文献

- [1] PERCH B, KRISTJANSEN P, SKADHAUGE K. Group R streptococci pathogenic for man. Two cases of meningitis and one fatal case of sepsis[J]. Acta Pathol Microbiol Scand, 1968, 74(1): 69-76.
- [2] GOYETTE-DESJARDINS G, AUGER J P, XU J, et al. Streptococcus suis, an important pig pathogen and emerging zoonotic agent—an update on the worldwide distribution based on serotyping and sequence typing[J]. Emerg Microbes Infect, 2014, 3(6): e45.
- [3] DU P, ZHENG H, ZHOU J, et al. Detection of multiple parallel transmission outbreak of Streptococcus suis human infection by use of genome epidemiology, China, 2005 [J]. Emerg Infect Dis, 2017, 23(2): 204-211.
- [4] 冯元贵, 韩茹欣, 马宾. 海南省首例人感染猪链球菌病流行病学调查[J]. 中国热带医学, 2019, 19(3): 298-300.
- [5] 刘国良, 雍雲雲, 何宝花, 等. 河北省首例人感染猪链球菌病例的调查报告[J]. 医学动物防制, 2018, 34(5): 505-506.
- [6] 刘伟, 高中静, 寇增强, 等. 山东省首例人感染猪链球菌病流行病学调查[J]. 中华流行病学杂志, 2015, 36(2): 192.
- [7] 马青, 李世军, 刘英, 等. 贵州省一例人感染猪链球菌病例的病原学检测与分析[J]. 中国人兽共患病学报, 2015, 31(5): 489-492.
- [9] 田友华. 一例猪链球菌病的诊治[J]. 贵州畜牧兽医, 2017, 41(1): 44.
- [10] STAATS J J, FEDER I, OKWUMABUA O, et al. Streptococcus suis: past and present [J]. Vet Res Commun, 1997, 21(6): 381-407.
- [11] HIGGINS R, GOTTSCHALK M, BOUDREAU M, et al. Description of six new capsular types (29-34) of Streptococcus suis [J]. J Vet Diagn Invest, 1995, 7(3): 405-406.
- [12] GOTTSCHALK M, HIGGINS R, JACQUES M, et al. Description of 14 new capsular types of Streptococcus suis [J]. J Clin Microbiol, 1989, 27(12): 2633-2636.
- [13] WANG M, DU P, WANG J, et al. Genomic epidemiology of Streptococcus suis sequence type 7 sporadic infections in the Guangxi Zhuang Autonomous Region of China [J]. Pathogens, 2019, 8(4): 187.

• 论 著 •

哮喘合并肺炎支原体感染患儿 T 淋巴细胞亚群及 Th17/Treg 与肺功能关系研究*

朱明芳¹, 尹建平¹, 陈 燕¹, 刘梦娜², 曹志凤³, 李红兵^{1△}

1. 内江市中医医院检验科, 四川内江 641000; 2. 内江市中医医院儿科, 四川内江 641000;

3. 成都艾迪康医学检测实验室有限公司临床检测实验室, 四川成都 610000

摘要:目的 分析哮喘合并肺炎支原体(MP)感染患儿血清 T 淋巴细胞亚群及辅助性 T(Th)细胞 17/调节性 T(Treg)细胞与其肺功能的关系。方法 选取内江市中医医院 2022 年 1 月至 2024 年 12 月收治的哮喘患儿 122 例, 根据其入院检测结果是否合并 MP 分为感染组(72 例)、未感染组(50 例)。匹配同期于该院实施健康检查的 60 例健康儿童为对照组。比较 3 组儿童 T 淋巴细胞亚群(CD4⁺、CD8⁺、CD4⁺/CD8⁺)、Th17、Treg 及 Th17/Treg、肺功能指标[第 1 秒用力呼气容积(FEV₁)、用力肺活量(FVC)、潮气量(Vt)、潮气呼气峰流速(PTEF)]。采用 Pearson 相关性分析感染组患儿 T 淋巴细胞亚群及 Th17/Treg 与肺功能联系, 受试者工作特征(ROC)曲线分析 T 淋巴细胞亚群及 Th17/Treg 诊断哮喘合并 MP 感染的价值。结果 与未感染组及对照组相比, 感染组 CD4⁺ 降低、CD8⁺ 升高、CD4⁺/CD8⁺ 降低, Th17 细胞比例升高, Treg 细胞比例降低, Th17/Treg 升高, 差异均有统计学意义(P<0.05)。与未感染组及对照组相比, 感染组 FEV₁、FVC、Vt 及 PTEF 更低(P<0.05)。CD4⁺、CD4⁺/CD8⁺、Treg 细胞与肺功能指标(FEV₁、FVC、Vt、PTEF)均呈正相关(P<0.05), CD8⁺、Th17 细胞、Th17/Treg 与肺功能指标均呈负相关(P<0.05)。CD4⁺、CD8⁺、CD4⁺/CD8⁺、Th17/Treg 诊断哮喘合并 MP 感染曲线下面积分别为 0.938、0.818、0.940、0.869, 均有一定临床参考价值。结论 哮喘合并 MP 感染患儿存在 T 淋巴细胞亚群失衡, 特别是 CD4⁺ 降低、CD8⁺ 升高及 Th17/Treg 细胞比例失衡, 上述指标与患儿肺功能下降密切相关, 对诊断哮喘合并 MP 感染具有一定的临床价值。

关键词: 哮喘; 肺炎支原体感染; T 淋巴细胞亚群; Th17/Treg; 肺功能

DOI: 10.3969/j.issn.1673-4130.2026.06.007

中图法分类号: R446.1; R179

文章编号: 1673-4130(2026)06-0678-05

文献标志码: A

Relationship between T lymphocyte subsets and Th17/Treg level and lung function in children with asthma complicated with Mycoplasma pneumoniae infection*

ZHU Mingfang¹, YIN Jianping¹, CHEN Yan¹, LIU Mengna², CAO Zhifeng³, LI Hongbing^{1△}

1. Department of Laboratory Medicine, Neijiang Hospital of Traditional Chinese Medicine, Neijiang, Sichuan 641000, China; 2. Department of Pediatrics, Neijiang Hospital of Traditional Chinese Medicine, Neijiang, Sichuan 641000, China; 3. Clinical Laboratory, Chengdu Adicon Medical Testing Laboratory Co., LTD., Chengdu, Sichuan 610000, China

Abstract: Objective To analyze the relationship between serum T lymphocyte subsets, helper T cells (Th) 17/regulatory T cells (Treg), and lung function in children with asthma complicated with Mycoplasma pneumoniae (MP) infection. **Methods** A total of 122 children with asthma who were admitted to Neijiang Hospital of Traditional Chinese Medicine from January 2022 to December 2024 were selected. They were divided into the infection group (72 cases) and the non-infection group (50 cases) based on whether they had MP co-infection as detected upon admission. Another 60 healthy children who underwent health examinations at the same hospital during the same period were matched as the control group. The T lymphocyte subsets (CD4⁺, CD8⁺, CD4⁺/CD8⁺), Th17, Treg, and Th17/Treg ratios, as well as lung function indicators [forced expiratory volume in the first second (FEV₁), forced vital capacity (FVC), tidal volume (Vt), and peak tidal expiratory flow (PTEF)] were compared among the three groups. Pearson correlation analysis was used to investigate the relationship between T lymphocyte subsets and Th17/Treg with lung function in the infected group. Receiver operating characteristic (ROC) curve analysis was conducted to assess the diagnostic value of T lymphocyte subsets and Th17/Treg for asthma complicated with MP infection. **Results** Compared with un-

* 基金项目: 四川省卫生健康委员会科技项目(24WSXT051)。

作者简介: 朱明芳, 女, 主管技师, 主要从事医学检验研究。△ 通信作者, E-mail: 270178345@qq.com。