

DM-AMI 患者 HbA1c 水平、冠状动脉狭窄程度积分最高,提示随着 DM 患者冠状动脉闭塞或静脉回流障碍,引起供血不足,心肌急性缺血缺氧,血小板黏附性和聚集性增高,血黏度增加,红细胞变形能力降低,发生血栓,并发 AMI 的可能性也越大^[8]。据统计,CHD-T2DM 比 CHD-NDM 的发病率高,且具有起病隐匿、病情进展快、病变程度重的特点^[9]。因此,检测 DM 患者血糖水平,及时进行早期干预,可延缓包括心血管在内的大血管病变的发生^[10]。

HbA1c 水平与冠状动脉狭窄程度积分呈正相关性,是 CHD 的独立危险因素^[11]。国外研究显示,年龄在 45~79 岁的男性和女性,其 HbA1c 浓度每增加 1%,心血管事件和全因死亡率增长 20%~30%;HbA1c 水平仅降低 1%,就可使 DM 相关并发症的发病风险降低 21%,相关死亡率降低 25%,总死亡率降低 17%,AMI 发病风险降低 18%,脑卒中发病风险降低 15%,眼和肾继发性疾病发病风险降低 35%^[12]。

控制血糖、降低 HbA1c 水平、积极干预其他危险因素是预防 DM 引发的心、脑血管疾病的关键^[13]。因此,检测 HbA1c 是长期血糖监测的最佳手段,对 DM 早期筛查、治疗、评价血糖控制水平及心血管并发症的防治都具有十分重要的应用价值^[14]。

参考文献

[1] 倪长霖,张哑文,胡筱芸. 2 型糖尿病合并冠心病危险因素的临床研究[J]. 天津医药,2006,34(9):607-609.
 [2] 周翔,纪立农. 空腹血糖和糖化血红蛋白用于筛查糖尿病的研究[J]. 中华糖尿病杂志,2005,13(3):203-205.
 [3] The ADVANCE Collaborative Group. Intensive blood glucose control and vascular outcomes in patients with type 2 diabetes[J]. N Engl J

Med,2008,358(24):2560-2572.
 [4] 陆祖谦,许樟荣. 糖化血红蛋白在糖尿病诊断中的作用[J]. 中国糖尿病杂志,2009,17(8):579-581.
 [5] 史新辉,任君,谭琳琳,等. 229 例糖尿病患者血糖与糖化血红蛋白的相关性分析[J]. 国际检验医学杂志,2009,30(5):493-494.
 [6] 程桦,任萌. 严格控制血糖在 2 型糖尿病微血管及心血管并发症防治中的重要性[J]. 内科理论与实践,2008,3(5):300.
 [7] 李雅君,矫杰,赵冬,等. 空腹血糖升高对心血管病危险因素聚集的影响——1 503 例调查分析[J]. 中国糖尿病杂志,2007,15(2):79-80.
 [8] 贾止鸿. 糖化血红蛋白测定全球标准化共识及临床意义[J]. 中国医疗前沿,2008,3(19):91-92.
 [9] Sousa JM, Herrman JL, Teodoro M, et al. Comparison of coronary angiography findings in diabetic and non-diabetic women with non-ST-segment-elevation acute coronary syndrome[J]. Arq Bras Cardiol,2006,86(2):150-155.
 [10] 赵咏莉,陈月平,何春玲,等. 不同血糖水平冠心病患者的临床及冠脉造影特点[J]. 中国糖尿病杂志,2010,18(5):345-347.
 [11] 范泉,郭文怡,贾国良. 冠心病患者糖化血红蛋白水平与冠状动脉病变的相关性[J]. 第四军医大学学报,2006,27(8):698-700.
 [12] Tumer RC. The U. K. Prospective diabetes study[J]. Diabetes, 1998,21(suppl-3):35-38.
 [13] 贾冰,吴晓文,朱甫津,等. 糖尿病患者糖化血红蛋白与血糖及其各组分之间的临床意义[J]. 检验医学与临床,2009,6(13):1040-1041.
 [14] 胡大一,郭艺芳,孙艺红. 稳定性冠心病患者血糖管理的中国专家共识(修订版讨论稿)[J]. 心脑血管病防治,2010,10(1):4-9.

(收稿日期:2010-12-17)

• 检验技术与方法 •

某地区乙型肝炎病毒基因型检测及其与患者肝功能的的关系分析

李彩东^{1,2,3}, 吴 斌², 田鹏飞², 段正军²

(1. 中国科学院兰州化学物理研究所, 兰州 730046; 2. 甘肃省兰州市第二人民医院肝病研究所 730046; 3. 中国科学院研究生院, 北京 100049)

摘要:目的 探讨甘肃地区乙型肝炎病毒(HBV)基因型与患者肝功能的的关系。方法 采用荧光 PCR 法检测 532 例慢性 HBV 感染者的 HBV 基因型并同时测定其肝功能。结果 532 例不同临床类型慢性 HBV 感染者中, B 型 168 例(31.58%), C 型 320 例(60.15%), B/C 混合型 32 例(6.02%), 未分型 12 例(2.25%)。甘肃地区慢性 HBV 感染者中, 以 C 基因型为主, 其次为 B 基因型, 部分以 B/C 混合型存在。感染 C 基因型者的丙氨酸氨基转移酶、天门冬氨酸氨基转移酶、总胆红素水平均高于 B 型感染者, 但差别无统计学意义, 但其清蛋白水平低于 B 型感染者, 差异有统计学意义($P < 0.01$)。结论 甘肃地区病毒性肝炎以 C 基因型为主, 以 C 基因型为主, 其次为 B 基因型, 部分以 B/C 混合型存在。

关键词: 肝炎病毒, 乙型; 基因型; 聚合酶链反应; 肝功能试验

DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2011.13.041

文献标识码: A

文章编号: 1673-4130(2011)13-1490-03

人类感染基因的种类可能与疾病的感染谱及疾病的进展有关,是影响慢性乙型肝炎临床转归的主要因素之一,乙型肝炎病毒(HBV)基因分型有助于对病情、治疗及预后的评价^[1-2]。目前各地区的检测方法不同,研究的结论不尽相同。本研究采用 PCR 荧光技术进行基因分型,并同时测定肝功能,评价其对肝功能的影响。

1 资料与方法

1.1 一般资料 2009 年 2~12 月兰州市第二人民医院收治的慢性 HBV 感染者 532 例,其乙型肝炎病毒表面抗原(HB-

sAg)为阳性、HBV DNA 含量大于 10^4 copy/mL;年龄 2~66 岁,平均(32.7±14.87)岁,其中男 400 例、女 132 例;病程 1~41 年,平均(9.85±11.02)年;其中临床诊断为慢性乙型肝炎病毒携带者(ASC)112 例,慢性乙型肝炎(CHB)256 例(HBeAg 阳性 218 例、HBeAg 阴性 38 例),肝炎肝硬化(LC)148 例(代偿期 111 例、失代偿期 37 例),原发性肝癌(HCC)16 例;诊断符合 2005 中华医学会肝病学会与感染病学会联合制订的《慢性乙型肝炎防治指南》中的诊断标准^[3]。以上 4 组病例均排除丙型肝炎病毒感染和其他可导致肝脏病变的疾

病,血清-70℃保存。

1.2 仪器与试剂 美国 ABI-7300 全自动定量 PCR 仪,美国贝克曼 SYNCHRON CX5 全自动生化分析仪。血清生化指标检测试剂盒由北京九强生物技术有限公司提供;HBV DNA 分型 PCR 检测试剂盒由上海克隆生物高技术有限公司提供,试剂盒检测下限为 10⁴ IU/mL。

1.3 方法 HBV DNA 分型采用荧光 PCR 法检测,检测步骤、结果判读及质量控制严格按试剂盒说明书进行操作。采用全自动生化分析仪检测清蛋白(ALB)、总蛋白(TP)、总胆红素(TBIL)、直接胆红素(DBIL)、丙氨酸氨基转移酶(ALT)、天门冬氨酸氨基转移酶(AST)等,ALT、AST 参考值 0~50 IU/L、ALP 参考值 40~150 IU/L、TBIL 参考值 0~30.1 μmol/L、DBIL 参考值 0~6.8 μmol/L、TP 参考值 60~82 g/L、ALB 参考值 32~55 g/L。

1.4 统计学处理 数据处理使用 SPSS13.0 统计软件,计数资料比较采用 χ² 检验,计量资料比较采用 t 检验。P<0.05 为差别有统计学意义。

2 结果

2.1 慢性 HBV 感染者 HBV 基因型分布特点 532 例标本中有 520 例(97.74%)可检出基因型,12 例(2.26%)未检出基因型。结果见表 1。

2.2 HBV 基因型与肝功能的关系 C 型感染者的 ALT、AST 及 TBIL 均高于 B 型感染者,而 ALB 低于 B 型,差异有统计学意义(P<0.01),B/C 混合型 32 例,未定型共 12 例,因例数较少未作比较统计。ASC 组中,B 型感染者 ALT、AST 水平分别为(19.00±3.56)、(34.50±11.27)U/L,C 型感染者为(68.76±103.37)、(51.19±22.23)U/L,C 型感染者明显高于 B 型感染者(P<0.05);CHB 组中,B 型感染者 AST 水平为(72.43±68.52)U/L,C 型感染者为(86.84±94.17)U/L,C 型感染者明显高于 B 型感染者(P<0.05);在 LC 组,B 型感染者 ALT 为(135.13±162.41)U/L,C 型感染者为(179.71±155.71)U/L,也是 C 型感染者明显高于 B 型感染者(P<0.05),见表 2、3。

表 1 各类慢性 HBV 感染者的基因型分布特点[n(%)]

| 患者分组 | n | B 型 | C 型 | B/C 型 | 未定型 |
|------|-----|------------|-------------|----------|----------|
| ASC | 112 | 16(14.29) | 84(75.00)* | 8(7.14) | 4(3.57) |
| CHB | 256 | 84(32.81)# | 148(57.81)* | 24(9.38) | 0(0.00) |
| LC | 148 | 60(40.54)# | 84(56.76) | 0(0.00) | 4(2.70) |
| HCC | 16 | 8(50.00) | 4(25.00) | 0(0.00) | 4(25.00) |
| 合计 | 532 | 168(31.58) | 320(60.15) | 32(6.02) | 12(2.25) |

*:P<0.05,与 B 型比较;#:P<0.05,与 ASC 组比较。

表 2 HBV 基因型与肝功能的关系(±s)

| 基因型 | n | ALT (IU/L) | AST (IU/L) | TBIL (IU/L) | DBIL (μmol/L) | IBIL (μmol/L) | TP (g/L) | ALB (μmol/L) |
|-----|-----|---------------|--------------|-------------|---------------|---------------|------------|--------------|
| C | 320 | 125.67±145.02 | 86.17±92.73 | 41.51±69.99 | 18.75±38.62* | 22.76±31.54 | 70.89±6.52 | 28.68±4.32* |
| B | 168 | 130.16±197.19 | 82.56±105.69 | 31.07±63.29 | 13.51±37.62 | 17.43±25.99 | 71.76±7.67 | 30.55±5.84 |

*:P<0.05,与 B 基因型组比较。

表 3 不同临床类型慢性 HBV 感染者 HBV 基因型与肝功能的关系(±s)

| 患者分组 | n | ALT(U/L) | | AST(U/L) | | TBIL(μmol/L) | |
|------|-----|---------------|----------------|---------------|---------------|--------------|--------------|
| | | B 型 | C 型 | B 型 | C 型 | B 型 | C 型 |
| ASC | 112 | 19.00±3.56 | 68.76±103.37* | 34.50±11.27 | 51.19±22.23* | 13.72±5.70 | 14.56±5.91 |
| CHB | 256 | 129.62±137.97 | 141.44±200.18 | 72.43±68.52 | 86.84±94.17* | 26.23±28.80 | 19.99±17.22 |
| LC | 148 | 135.13±162.41 | 179.71±155.71* | 111.13±122.65 | 110.29±130.08 | 64.49±107.55 | 67.60±115.46 |
| HCC | 16 | 226.50±211.73 | 63.00±21.00 | 146.50±127.99 | 59.00±14.00 | 85.25±49.99 | 20.70±5.00 |

*:P<0.05,与 B 基因型组比较。

3 讨论

HBV 基因型的分布具有一定的地理区域性,可反映 HBV 自然感染史的变异特点,是病毒进化的结果,如 A 型发现于北欧、西欧、美国、印度及中部非洲;B 型和 C 型主要分布于亚洲及太平洋地区,如中国、日本、印度尼西亚、越南及中国台北;D 型分布在南欧、中东及印度;E 型仅分布于非洲;F 型分布在美国中部和南部及波利尼西亚地区;G 型分布在美国、法国、德国和墨西哥;H 型由 F 型转化而来,主要分布在美国中部印第安人居住地区^[4-6]。中国以 C 型和 B 型为主,其中南方地区以 B 型为主,北方地区以 C 型为主;宁夏、广东和香港地区有 15% 的 HBV 感染者为 D 型,A 型较为罕见^[7-10]。

本研究应用荧光 PCR 技术检测了 532 例慢性 HBV 感染者,520 例检出 HBV 基因型,12 例未检出。结果显示,甘肃地区 HBV 基因型主要为 B 型和 C 型,少量为 B/C 混合型和非 B 非 C 型。这与关于中国 HBV 基因型的报道基本一致,即中国

HBV 基因型主要为 B 和 C 型,且 B 型由北向南逐渐增多,C 型逐渐减少。本研究观察了不同 HBV 基因型与肝功能的关系,发现 C 型感染者 ALT、AST 及 TBIL 均高于 B 型,但差异无统计学意义(P>0.05);C 型感染者 ALB 低于 B 型,差异有统计学意义(P<0.05)。ALT 及 AST 升高,提示肝脏炎症活动程度较高,与较严重的肝病有关。ALB 降低提示肝脏合成 ALB 的功能低下。与 B 型感染者相比,C 型感染者的肝功能异常更为常见。在不同疾病类型的慢性 HBV 感染者中,ASC、CHB 和 LC 患者组内 C 型所占比例高于 B 型(P<0.05);HCC 组内 B、C 基因型所占比例差异无统计学意义(P>0.05),提示 C 型主要出现在 ASC、CHB 和 LC 患者中,可能与该地区 HBV 基因型比较单一有关。B 型感染者在 ASC、CHB、LC 和 HCC 组所占比例逐渐升高,分别为 14.29%、32.81%、40.54% 和 50.00%,CHB 组和 LC 及 ASC 组比较差异有统计学意义(P<0.05),其余各组差异无统计学意义(P>0.05)。

参考文献

[1] Thakur V, Guptan RC, Kazim SN, et al. Profile, spectrum and significance of HBV genotypes in chronic liver disease patients in the Indian subcontinent [J]. J Gastroenterol Hepatol, 2002, 17 (1): 165-170.

[2] 许军, 王齐欣, 蒋栋, 等. 乙型肝炎病毒基因型与病情轻重的关系 [J]. 中华肝脏病杂志, 2003, 11(1): 11-13.

[3] 中华医学会肝病学会, 中华医学会感染病学分会. 慢性乙型肝炎防治指南 [J]. 中国流行病学杂志, 2006, 27(1): 79-88.

[4] Jazayeri MS, Basuni AA, Cooksley G, et al. Hepatitis B virus genotypes, core gene variability and ethnicity in the Pacific region [J]. J Hepatol, 2004, 41(2): 139-146.

[5] 刘兴, 唐红, 何芳. 乙型肝炎病毒基因型研究新进展 [J]. 世界华人消化杂志, 2006, 14(22): 2211-2216.

[6] 宋淑静, 何忠平, 庄辉, 等. 中国北方 5 城市慢性乙型肝炎患者的基因分型 [J]. 中国公共卫生, 2004, 20(2): 166-167.

[7] Yuen MF, Sablon E, Tanaka Y, et al. Epidemiological study of hepatitis B virus genotypes, core promoter and precore mutations of chronic hepatitis B infection in Hong Kong [J]. J Hepatol, 2004, 41(2): 119-125.

[8] 戴建宜, 石之麟, 戴勇, 等. 深圳地区乙型肝炎病毒 DNA 基因分型与临床的关系 [J]. 中华肝脏病杂志, 2004, 12(2): 199-200.

[9] 吴赞, 孙余婕. 乙型肝炎病毒基因型的国内研究进展 [J]. 国际检验医学杂志, 2010, 31(7): 703-704.

[10] 徐龙, 车达平, 吕定英, 等. 江西地区乙型肝炎病毒基因型分布与临床的相关性 [J]. 中华肝脏病杂志, 2006, 14(2): 147-148.

(收稿日期: 2010-12-20)

• 检验技术与方法 •

细针针吸细胞学检查在淋巴结结核分期诊断中的应用

王国云, 黄银娥, 王明珍, 张本泽, 吴 芳

(湖北省天门市第一人民医院检验科 431700)

摘要:目的 探讨淋巴结结核病的细针针吸细胞学分期。方法 对该院 2000~2009 年经细针针吸细胞学诊断的淋巴结结核患者诊断结果进行动态分析, 并与组织病理学诊断结果进行对比。结果 根据对患者诊断结果的动态分析, 结合组织病理学诊断资料, 可将淋巴结结核分为组织细胞期、增殖期、移行期、干酪期和恢复期。结论 淋巴结结核病的细针针吸细胞学分期符合疾病发生、发展客观规律, 有利于提高诊断率, 对疾病的发生发展、动态观察以及治疗都有重要的临床意义。

关键词: 结核, 淋巴结; 细针针吸细胞学; 分期

DOI: 10. 3969/j. issn. 1673-4130. 2011. 13. 042

文献标识码: A

文章编号: 1673-4130(2011)13-1492-03

细针针吸细胞学 (fine needle aspiration cytology, FNAC) 检查是淋巴结结核 (lymphnode tuberculosis, LT) 的重要检测手段, 但随疾病分期不同细胞学图像呈多样性变化, 限制了 FNAC 在 LT 诊断和疗效判断中的应用^[1-5]。FNAC 可用于 LT 的分期诊断^[6-8], 为进一步系统阐述其临床应用中的相关注意事项, 笔者对本院 2000~2009 年 LT 患者 FNAC 检查相关结果进行了分析, 结果报道如下。

1 资料与方法

1.1 一般资料 592 例于本院经 FNAC 检查确诊 LT 患者。相关组织病理学检查结果来源于本院病理科。

1.2 方法 (1) 临床查体及问诊: 触诊检查患者淋巴结大小、软硬度, 详细询问病史, 确认有无其他结核病灶, 了解用药及治疗情况。(2) FNAC 检查: 根据患者病变淋巴结所在部位不同, 采取适当姿势, 局部消毒后用带 7 号针头的 5 mL 或 10 mL 注

射器刺入淋巴结内, 负压 1~3 mL, 针头在淋巴结内迅速进退 2~3 次后释放负压, 拔出针头, 将所吸取组织滴于载玻片上, 制成薄片后行瑞姬氏染色, 普通光学显微镜观察, 结合细胞学图像及患者临床体征判断 LT 分期并进行细胞学诊断。FNAC 检查由本院细胞室完成。(3) 将 FNAC 与组织病理学检查结果进行对比分析。

2 结果

2.1 性别与年龄 592 例 LT 患者中, 男 259 例, 女 333 例, 年龄在 8 个月至 84 岁之间, 年龄中位数为 32.8 岁。

2.2 LT 各期分布情况 592 例 LT 患者中组织细胞期 38 例 (6.4%), 增殖期 152 例 (25.6%), 移行期 75 例 (12.7%), 干酪期 268 例 (45.3%), 恢复期 59 例 (10.0%)。

2.3 LT 各期细胞学特征 不同 LT 疾病期病变淋巴结穿刺涂片检查特点见表 1。

表 1 不同 LT 疾病期病变淋巴结 FNAC 检查细胞学特征*

| 特征指标 | 组织细胞期 | 增殖期 | 移行期 | 干酪期 | 恢复期 |
|------------|--------------------|---------|-------|---------|----------|
| 淋巴结 | 可见淋巴细胞造血岛和较多组织细胞浸润 | 145/152 | — | — | 成熟淋巴细胞为主 |
| 类上皮样细胞 | — | 120/152 | 43/75 | 5/268 | — |
| 结核细胞 | — | 112/152 | — | 2/268 | — |
| 朗格汉斯细胞 | — | 86/152 | 3/75 | 1/268 | — |
| 坏死组织破碎细胞 | — | — | 73/75 | 268/268 | — |
| 干酪样坏死 | — | — | — | 268/268 | — |
| 成纤维细胞、纤维间质 | — | — | — | — | 53/59 |

*: 表中数字表示 (检出患者例数/总受检患者例数); —: 表示未检出。