

片阳性率较低,镜检需要经验,难以区分环境分枝杆菌造成的假阳性;而痰培养需时间太长,因此细菌学检查对结核病的诊断价值有限。随着 TB-Ab 检测技术的不断进步,又产生了新的检测方法。其中,ELISA 法简单易行、费用较低,也无需精密仪器,是在所有血清学诊断中应用最为广泛的方法之一,从本文数据可以看出,ELISA 法检测 TB-Ab 的阳性率能够达到 90.4%(75/83);胶体金标法是以核分枝杆菌特异性外分泌蛋白 MPB64 为测定对象^[3],操作简便,可以短时间获得检测结果,本文中的胶体金标法检测 TB-Ab 的阳性率达到 84.3%(70/83),与陈奎霖^[4]报道相似。

综上所述,ELISA 法和胶体金标法都具有较高的敏感性和特异性,重复性好、方法简单,无需精密仪器,因此作者认为这两种方法都可作为临床结核病诊断的常规检测方法,为结核

• 经验交流 •

病的临床诊断提供可靠的依据。

参考文献

[1] 全国结核病流行病学抽样调查技术指导组.第四次全国结核病流行病学抽样调查报告[J].中华结核和呼吸杂志,2002,25(1):3-7.
 [2] 罗招凡,林向华,李竞.蛋白芯片法与金标法及抗酸染色法诊断结核病的比较[J].现代检验医学杂志,2007,22(2):52-54.
 [3] 庄玉辉.结核病实验室诊断新技术研究中值得重视的问题[J].中华结核和呼吸杂志,2009,22(3):133-134.
 [4] 陈奎霖.结核抗体在诊断结核病中的意义[J].中国热带医学,2008,8(9):1608-1608.

(收稿日期:2013-11-18)

56 例骨髓增生异常综合征的染色体核型分析*

屈蓓蓓,许惠利[△],赵 兰,王 萍,刘 亮,张飞飞

(上海市嘉定区中心医院,上海 201800)

摘要:目的 探讨骨髓增生异常综合征(MDS)染色体核型与疾病预后的关系。方法 回顾性分析 56 例原发性 MDS 的临床资料。结果 56 例 MDS 患者中异常染色体 34 例(60.71%)。染色体预后良好组 23 例,预后中等组 24 例,预后不良组 9 例。9 号染色体改变 8 例(8/34,23.53%),8 号染色体改变 7 例(7/34,20.59%),7 号染色体改变 4 例(4/34,11.76%),5 号染色体改变 4 例(4/34,11.76%),10 号染色体改变 3 例(3/34,8.82%),18 号染色体改变 4 例(4/34,11.76%),Y 染色体缺失 1 例(1/34,2.94%),复合核型异常 6 例(6/34,17.65%)。4 例正常核型病例转化为白血病(4/22,18.18%),6 例复合异常核型病例转化为白血病(6/6,100.00%)。2 例 9 号染色体异常病例转化为白血病(2/8,25.00%),2 例 8 号染色体异常病例转化为白血病(2/7,29.00%),1 例 7 号染色体异常病例转化为白血病(1/4,25.00%)。复合异常核型组转化为白血病的中位时间为 1 个月,正常核型转化为白血病的中位时间为 5.5 个月。结论 预后不良核型出现后 MDS 较快转化为白血病,且转化的比例较正常核型高。染色体核型可作为评价预后的因素,检测出不良核型对 MDS 转化至白血病的概率及转化为白血病的时间有提示意义。

关键词:骨髓增生异常综合征; 诊断; 预后; 细胞遗传学分析

DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2014.08.059

文献标识码:B

文章编号:1673-4130(2014)08-1066-02

回顾分析本院自 2004 年 1 月至 2012 年 3 月的 56 例骨髓增生异常综合征(MDS)患者细胞遗传学检查的临床资料,探讨 MDS 染色体核型与预后的关系。

1 资料与方法

1.1 一般资料 本院 2004 年 1 月至 2012 年 3 月诊治的 MDS 患者共 56 例,男性 25 例,女性 31 例,男:女=1:1.24;中位年龄 50 岁。

1.2 诊断标准及分组 采用维也纳 MDS 诊断标准,参照 2008 年 WHO 的 MDS 诊断分型和国际预后指数(IPSS)对现有资料进行回顾性分型评价^[1-2]。进行不同预后染色体分组,应用 G 带技术分析染色体。

1.3 统计学处理 采用 SPSS14.0 软件进行统计学分析,计数资料以率表示,采用 χ^2 检验及 Fisher's Exact 检验,以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结 果

2.1 染色体核型分析结果 56 例 MDS 患者中异常染色体 34 例(60.71%)。染色体预后良好组 23 例,预后中等组 24 例,预后不良组 9 例。9 号染色体改变 8 例(8/34,23.53%),8 号染色体改变 7 例(7/34,20.59%),7 号染色体改变 4 例(4/34,

11.76%),5 号染色体改变 4 例(4/34,11.76%),10 号染色体改变 3 例(3/34,8.82%),18 号染色体改变 4 例(4/34,11.76%),Y 染色体缺失 1 例(1/34,2.94%),复合核型异常 6 例(6/34,17.65%)。

2.2 染色体改变与白血病转化 4 例正常核型病例转化为白血病(4/22,18.18%),6 例复合异常核型病例转化为白血病(6/6,100.00%)。2 例 9 号染色体异常病例转化为白血病(2/8,25.00%),2 例 8 号染色体异常病例转化为白血病(2/7,29.00%),1 例 7 号染色体异常病例转化为白血病(1/4,25.00%)。复合异常核型组转化为白血病的中位时间为 1 个月,正常核型转化为白血病的中位时间为 5.5 个月。

3 讨 论

染色体核型分析一直是 MDS 诊断分型及预后评估的重要一环,作为检测骨髓克隆性病变的客观依据,回避了形态学检查的主观因素影响。

国外报道超过 50% 以上的 MDS 患者存在染色体改变,涉及 5、7、8、20 及 Y 染色体^[3-4]。国内研究发现 MDS 患者中染色体异常者占 38.7%~65.00%^[5-6],以非平衡性染色体缺失及复杂核型较多见^[7]。本组异常染色体比例为 60.71%,9 号

* 基金项目:上海市嘉定区卫生系统科研项目(KYXM 编号:2011-12-01)。 [△] 通讯作者,E-mail:xuhui001@126.com。

染色体出现异常最多。这与之前有报道称+8 是 MDS 最常见的异常核型不同^[7-9],也并非为一7/7q-高发^[10]。节段染色体异常共出现 6 例(42.86%)分布于 6 个不同的染色体,没有检出易位型染色体异常,细胞遗传学异常改变几乎可以发生于任何一条染色体。

染色体核型提供了较多的预后信息。染色体结构或数目发生异常的克隆性演变后破坏了固有的平衡状态,最终导致肿瘤的发生,可以作为重要原因之一来解释 MDS 转化为白血病。本研究中 56 例患者有 16 例转化为白血病,染色体核型复合异常患者向急性白血病转化的中位时间短于正常核型患者,转化的比例较正常核型高,证实了染色体畸变作为评价预后的重要意义。有研究显示转化为白血病的患者死亡的危险性最高,且细胞遗传学异常通常较形态学异常出现更早并多数伴有复杂核型^[11]。随着新技术,如荧光原位杂交技术的逐步应用,对分析 MDS 的染色体核型改变提供了更加灵敏的方法^[11],预示未来两种检测手段的综合运用,对 MDS 疾病的发生、发展、转归及治疗提供更有价值的参考。

参考文献

[1] Vardiman JW, Thiele J, Arber DA, et al. The 2008 revision of the World Health Organization (WHO) classification of myeloid neoplasms and acute leukemia; rationale and important changes[J]. Blood, 2009, 114(5): 937-951.
 [2] Sanz GF, Sanz M, Greenberg PL. Prognostic factors and scoring systems in myelodysplastic syndromes[J]. Haematologica, 1998, 83(4): 358-368.

[3] Haase D, Germing U, Schanz J, et al. New insights into the prognostic impact of the karyotype in MDS and correlation with subtypes: evidence from a core dataset of 2 124 patients[J]. Blood, 2007, 110(13): 4385-4395.
 [4] Haase D. Cytogenetic features in myelodysplastic syndromes[J]. Ann Hematol, 2008, 87(7): 515-526.
 [5] Wang H, Wang X, Xu X, et al. Cytogenetic features and prognosis analysis in Chinese patients with myelodysplastic syndrome: a multicenter study[J]. Ann Hematol, 2010, 89(6): 535-544.
 [6] 曲士强, 刘旭平, 徐泽锋, 等. 不同细胞遗传学预后分组对原发性骨髓增生异常综合征患者预后意义的研究[J]. 中华血液学杂志, 2011, 32(12): 819-824.
 [7] 潘含章, 陈志妹, 楼基余, 等. 283 例骨髓增生异常综合征染色体核型分析[J]. 浙江大学学报: 医学版, 2006, 35(2): 143-146.
 [8] 邱镜滢, 赖悦云, 柴晔, 等. 306 例骨髓增生异常综合征染色体核型的研究[J]. 中国实验血液学杂志, 2004, 12(4): 455-459.
 [9] 易彦, 张广森, 肖乐, 等. 84 例骨髓增生异常综合征细胞遗传学特点及预后评估分析[J]. 临床血液学杂志, 2013, 26(5): 315-318.
 [10] 于明华, 刘世和, 邵英起, 等. 原发性骨髓增生异常综合征患者染色体核型与 IPSS 危度分组: FAB 与 WHO 分型比较[J]. 中华血液学杂志, 2004, 25(8): 482-485.
 [11] 赵文杰, 周洪兴, 岑玲, 等. 荧光原位杂交技术在骨髓增生异常综合征预后因素分析中的应用[J]. 国际检验医学杂志, 2013, 34(13): 1673-1675.

(收稿日期: 2013-12-25)

• 经验交流 •

临床侵袭性真菌的分布与耐药性分析

徐根平

(襄阳市东风人民医院检验科, 湖北襄阳 441004)

摘要:目的 分析侵袭性真菌的种类和耐药情况,为临床有效治疗和控制真菌性院内感染提供依据。方法 采用法国生物梅里埃公司 BACT/ALERT 3D 全自动微生物快速检测系统,法国生物梅里埃公司 API20CAUX 酵母菌鉴定系统、VITEK 鉴定系统及 YBC 鉴定卡进行鉴定;耐药性分析采用 ATB Fungus2 INT 药敏试验条进行药敏试验。结果 8 274 株侵袭性真菌中,白色念珠菌占 61.3%,克柔念珠菌占 0.8%,热带念珠菌占 25.2%,近平滑念珠菌占 3.8%,光滑念珠菌占 3.1%,曲霉菌占 3.0%,其他占 2.8%。致病菌株对伊曲康唑和酮康唑耐药率较低,分别为 0.7%~13.5%和 0.3%~41.4%;对益康唑和咪康唑耐药率较高,分别为 5.6%~52.1%和 9.2%~78.2%;白色念珠菌对 9 种抗菌药物的耐药率较低,为 0.3%~9.2%。结论 侵袭性真菌感染呈逐年上升趋势;对于疑似侵袭性真菌感染的病例,在药敏试验结果出来之前,建议临床尽量选择两性霉素 B 等低耐药的抗菌药物,避免使用咪康唑和益康唑治疗。

关键词:侵袭性真菌; 抗菌药物; 耐药

DOI: 10.3969/j.issn.1673-4130.2014.08.060

文献标识码: B

文章编号: 1673-4130(2014)08-1067-03

为了解侵袭性真菌的种类和耐药情况,为临床有效治疗和控制真菌性院内感染提供依据。作者对襄阳市东风人民医院 2008 年 1 月至 2012 年 12 月分离的 8 274 株侵袭性真菌的种类和耐药情况进行分析。

1 资料与方法

1.1 一般资料 收集本院 5 年住院患者的分泌物、引流液、痰液、尿液、粪便及血液等标本,共分离侵袭性真菌 8 274 株(不含同一患者多次分离的同种菌株),其中,痰液 4 036 株(占 48%),尿液 2 120 株(占 25%),分泌物 256 株(占 3%),粪便 929 株(占 11%),血液 212 株(占 2%)。

1.2 真菌的分离与鉴定 依照《全国临床检验操作规程》分离菌种,致病菌株采用法国生物梅里埃公司 BACT/ALERT 3D 全自动微生物快速检测系统,法国生物梅里埃公司 API20CAUX 酵母菌鉴定系统、VITEK 鉴定系统及 YBC 鉴定卡进行鉴定。

1.3 药敏试验 采用法国生物梅里埃公司 ATB Fungus2 INT 药敏试验条进行药敏试验。

1.4 质量控制 标准菌株由卫生部临床检验中心提供,克柔念珠菌(ATCC6258)、白色念珠菌(ATCC90028)、近平滑念珠菌(ATCC22019)。