

ted in Taiwan[J]. Antimicrob Agents Chemother, 2012, 56(4):2207-2208.

- [7] SUN T, HU Z, CAO Y, et al. Distribution and drug resistance of pathogens causing urinary tract infection[J]. Chin J Microecol, 2013, 25(9):1085-1088.
- [8] 吴文起, 肖成林, 梁叶萍, 等. 上尿路结石细菌培养的临床意义[J]. 现代泌尿外科杂志, 2013, 18(1):19-22.
- [9] 粟宏伟, 朱永生, 邓清富, 等. 上尿路结石患者血清、尿液、结石中纳米细菌的检测[J]. 重庆医学, 2013, 31(1):3754-

3756.

- [10] GONEAU L W, HANNAN T J, MACPHEE R A, et al. Subinhibitory antibiotic therapy alters recurrent urinary tract infection pathogenesis through modulation of bacterial virulence and host immunity[J]. Med Bio, 2015, 6(2):356-357.

(收稿日期:2017-04-05 修回日期:2017-09-26)

• 短篇论著 •

南京城北地区 2016 年食源性疾病病原微生物的感染情况研究

吴 静¹, 杨婉薇^{2#}, 梅国勇², 张 利², 赵巧燕², 葛 亮², 施建丰², 姚孝明^{2△}

(南京中医药大学附属中西医结合医院/江苏省中医药研究院:1. 感染科;2. 检验科, 南京 210028)

摘要:目的 了解 2016 年南京城北地区食源性疾病病原菌的感染情况, 为预防和控制食源性疾病的暴发提供参考。方法 收集 2016 年就诊于南京中医药大学附属中西医结合医院的食源性疾病疑似病例, 对粪便标本进行肠道病毒、细菌检测, 对病例基本信息、暴露信息和检测结果等进行统计分析。结果 153 例疑似病例中, 肠道病毒的检出率为 7.19% (11/153), 以诺如病毒为主 (3.92%, 6/153), 肠道细菌的检出率为 12.42% (19/153), 以致泻大肠埃希菌 (7.19%, 11/153) 和副溶血弧菌 (5.23%, 8/153) 为主, 致泻大肠埃希菌中肠聚集性大肠埃希菌的感染率最高 (63.64%, 7/11)。可疑食品主要为水产动物及其制品 (20.91%, 32/153), 其次为肉及肉制品 (18.30%, 28/153) 和粮食及其制品 (18.30%, 28/153)。结论 水产动物及其制品是引起南京城北地区食源性疾病发病的主要可疑食品, 诺如病毒、致泻性大肠埃希菌和副溶血弧菌为主要的感染病原微生物, 应加强宣传教育, 完善监测制度, 增强对食源性疾病的防控能力。

关键词: 食源性疾病; 诺如病毒; 致泻性大肠埃希菌; 副溶血性弧菌

DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2018.01.035

中图法分类号:R446.5

文章编号:1673-4130(2018)01-0113-04

文献标识码:B

食源性疾病是指通过摄食而进入人体的有毒有害物质包括生物性病原体等致病因子所造成的疾病, 一般可分为感染性和中毒性。世界卫生组织(WHO)的研究报告指出, 2010 年 31 种病原微生物和化学毒物使全球 6 亿人口感染食源性疾病, 其中死亡病例达 42 万例^[1]。在我国, 27.94% 的急性胃肠炎病例属于食源性疾病^[2]。感染性病原微生物种类多样, 传播途径广泛, 易感人群数量大, 因此感染性食源性疾病的发病率远高于中毒性疾病。为了减少食源性疾病对公众健康的伤害, 我国建立了食源性疾病监测网, 并在哨点医院开展了食源性疾病的主动监测工作。本研究通过对 2016 年江苏南京城北地区哨点医院的食源性疾病病例进行分析, 初步明确该地区主要食源性疾病病原体的感染情况, 为预防和控制食源性疾病的暴发提供参考。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取 2016 年 5—11 月间就诊于南京中医药大学附属中西医结合医院腹泻病门诊、急诊内科的患者作为研究对象。纳入标准: 以腹泻为主要症状, 每天排便次数大于或等于 3 次, 且粪便性状异常如稀便、水样便、黏液便或脓血便等。采集患者的基本情况、主要症状和体征、可疑食品暴露史及抗菌药物使用史等信息, 做出临床初步诊断, 并对粪便样本进行采集和保存。

1.2 方法 参照《2016 年南京市食源性疾病监测工作手册》, 对人组样本进行肠道病毒、细菌检测。肠道病毒包括诺如病毒、札如病毒、星状病毒、A 组轮状病毒和腺病毒; 肠道细菌包括副溶血性弧菌、沙门菌、志贺菌和致泻大肠埃希菌。采用罗氏 CobasZ480 聚合酶链反应(PCR)仪对肠道病毒进行检测, 操作流程为

共同第一作者。 △ 通信作者, E-mail: yaoxm73@sina.com。

取 0.1 g 待检粪便置于预先放有 500 μ L PBS 的离心管中,震荡 3 次,8 000 r/min 离心 5 min 后吸取 50 μ L 上清,加入 5 μ L 核酸提取液,置于沸水浴 2 min,12 000 r/min 离心 2 min,吸取上清液即为提取的肠道病毒 RNA,PCR 试剂购自广州达安基因股份有限公司,PCR 反应体系为 PCR 反应液 17 μ L、反应液 23 μ L、待测样本核酸、阴性质控品、阳性质控品 5 μ L,反应条件为 50 $^{\circ}$ C,15 min,1 个循环;95 $^{\circ}$ C,15 min,1 个循环;94 $^{\circ}$ C 15 s,55 $^{\circ}$ C 45 s,收集荧光,40 个循环。检测通道为 FAM 和 VIC。

采用法国梅里埃-康派 2 细菌鉴定仪进行肠道细菌鉴定,其他细菌培养和鉴定试剂包括弧菌显色培养基、SS 平板、麦康凯培养基、大肠杆菌显色培养基、SBG 增菌肉汤和 3%NaCl 碱性蛋白胨水等。而后,选取可疑致泻大肠埃希菌菌落,采用煮沸法提取核酸,用罗氏 CobasZ480 PCR 仪对大肠埃希菌进行基因分型,PCR 试剂盒购自江苏硕世生物科技有限公司,反应体系为 PCR 反应液 5 μ L,酶混合液 0.2 μ L,A、B、C 管反应液 4 μ L,水 10.8 μ L,反应条件为 95 $^{\circ}$ C,5 min,1 个循环;95 $^{\circ}$ C 10 s,55 $^{\circ}$ C 40 s,收集荧光,40 个循环。检测通道为 FAM、VIC、ROX 和 CY5。

1.3 统计学处理 采用 GraphPad Prism 5.0 软件对监测数据进行分析,组间比较采用 χ^2 检验, $P < 0.05$ 表示差异有统计学意义。

2 结 果

2.1 食源性疾病疑似病例粪便标本病原微生物检测结果 153 例食源性疾病疑似病例进行监测,肠道病毒的检出率为 7.19%(11/153),肠道细菌的检出率为 12.42%(19/153),见表 1。

表 1 食源性疾病疑似病例粪便标本病原微生物检测结果

病原微生物	阳性标本数(n)	检出率(%)
含 I、II 型诺如病毒	6	3.92
腺病毒	2	1.31
星状病毒	1	0.65
A 组轮状病毒	1	0.65
星状病毒和腺病毒复合感染	1	0.65
札如病毒	0	0.00
致泻大肠埃希菌	11	7.19
副溶血弧菌	8	5.23
沙门菌	0	0.00
志贺菌	0	0.00

2.2 不同性别患者食源性疾病病原微生物感染情况比较 不同性别患者的肠道病毒、细菌感染情况比较,差异均无统计学意义($P > 0.05$)。见表 2。

2.3 不同年龄段患者病原微生物感染情况比

较 153 例食源性疾病疑似病例患者的平均年龄为 (43.07 \pm 15.75) 岁,最小年龄者 18 岁,最大年龄者 95 岁,各年龄段肠道病毒和细菌感染率比较差异均无统计学意义($P > 0.05$)。见表 3。

表 2 不同性别患者食源性疾病病原微生物感染情况比较[n(%)]

性别	n	肠道病毒感染率	肠道细菌感染率
男性	90	6(6.67)	13(14.44)
女性	63	5(7.94)	6(9.52)

表 3 不同年龄段患者病原微生物感染情况比较[n(%)]

年龄	n	肠道病毒感染率	肠道细菌感染率
18~<40 岁	77	5(6.49)	7(9.09)
40~<65 岁	60	6(10.00)	12(20.00)
65~ \leq 95 岁	16	0(0.00)	0(0.00)

2.4 不同排便次数患者病原微生物的感染情况比较

根据患者排便次数,将食源性疾病疑似病例分为排便 3~5 次、6~10 次和 10 次以上,不同排便次数的患者肠道病毒和细菌感染率比较差异均无统计学意义($P > 0.05$)。见表 4。

2.5 基因确证及食品信息分析 通过细菌显色平板筛选出疑似致泻大肠埃希菌感染标本,进一步运用 PCR 仪对从粪便标本分离所得的疑似致泻大肠埃希菌菌株进行基因确证,基因检测结果显示共有 11 例致泻大肠埃希菌感染者,总感染率为 7.19%(11/153)。其中肠集聚性大肠埃希菌(EAEC)感染者 7 例,构成比为 63.64%(7/11);肠致病性大肠埃希菌(EPEC)合并 EAEC 感染者 3 例,构成比为 27.27%(3/11);产肠毒素大肠埃希菌(ETEC)合并 EAEC 感染者 1 例,构成比为 9.09%(1/11)。对可疑食品暴露史信息进行分析,患者自述可疑食品为水产动物及其制品(20.91%,32/153),其次为肉及肉制品(18.30%,28/153)和粮食及其制品(18.30%,28/153)。

表 4 不同排便次数患者病原微生物的感染情况比较[n(%)]

排便次数	n	肠道病毒感染率	肠道细菌感染率
3~5 次	80	6(7.50)	7(8.75)
6~10 次	68	4(5.88)	11(16.18)
>10 次	5	1(20.00)	1(20.00)

3 讨 论

食品生产和消费为各国的发展做出了重要贡献,随之而来的食品安全问题越来越受到重视。全世界

每年有三分之一的人口感染食源性致病菌,即使在发达国家美国,每年仍会发生 940 万起食源性事件,并导致 55 961 例住院病历和 1 351 例死亡事件^[3-5]。因此,监测食源性疾病的暴发,了解导致食源性疾病的病原菌类型,进一步明确地区各种病原菌的感染率,对预防和控制食源性疾病的暴发具有重要意义。

南京中医药大学附属中西医结合医院是南京市疾病与预防控制中心食源性疾病监测的哨点医院,其检测结果可部分代表南京城北地区感染性食源性疾病的发病情况。南京作为长江沿线城市,居民饮食结构中水产品的占比较高,与水产动物及其制品在可疑食品中占比最高(20.91%)的研究结果相符。

本研究中肠道病毒检出率最高的为诺如病毒(3.92%),其大量存在于感染者的粪便和呕吐物中,可持续数天到几个月,传染性极强,人群对其普遍易感^[6-7]。2010 年,全球约有 1.25 亿例诺如病毒感染病例,致使 3.5 万人死亡^[8]。诺如病毒的暴发通常由感染食物或水开始,进而通过人传人的方式进一步传播。因尚无特异性治疗药物,普及食源性疾病的预防知识、清理污染物品、保持个人卫生仍然是预防诺如病毒感染的主要策略。

研究表明,由致泻性大肠埃希菌引起的腹泻中,以 EPEC 和 ETEC 为主,但近年来 EAEC 感染者逐渐增多^[9]。来自河南省、温州市和沈阳市的监测数据也印证了 EAEC 正逐步成为优势感染菌的发现^[10-12]。本研究对江苏南京地区致泻性大肠埃希菌的基因分型结果显示,所有致泻性大肠埃希菌感染者均为单一或合并 EAEC 感染,首次报道了 EAEC 正成为江苏南京地区食源性疾病致泻大肠埃希菌的主要亚种。EAEC 通过粪-口途径传播,经口摄入 10^{10} CFU 就可导致腹泻,被污染的水或者食品是主要传播媒介^[13]。因 EAEC 感染产生复杂多样的临床症状,并可导致顽固性腹泻,美国国立卫生院已将 EAEC 归为 B 类生物恐怖病原体^[14]。由于 EAEC 对免疫力低下人群更具侵袭力,因此除加强食品卫生管理外,还应倡导良好的生活方式已获得较强的免疫力。本研究中,副溶血性弧菌的感染率居第 2 位,与我国最主要食源性致病菌为副溶血性弧菌的报道相符,其为嗜盐的革兰阴性,存在于海产品及盐浸食品中,该菌引起的食源性疾病通常是由食用未煮熟的海产品引起,因此,应加强科普力度,避免生食水产品^[15-16]。

与其他相关研究相比,本研究中各病原微生物的检出率偏低,这可能与样本采集不规范、分子实验中核酸提取效率低、部分患者在就医前使用抗菌药物有关^[17]。各年龄段患者的病原微生物感染率未见显著不同,可能归因于样本量偏少。尽管如此,研究者首

次对 2016 年 153 例食源性疾病疑似病例进行了病原学调查,初步了解了南京北部区域食源性疾病的病原学流行状况,为当地卫生政策的制定提供了一定参考数据,但仍需持续监测食源性疾病的发病情况,并进一步完善检测方法,并对更大的样本进行分析,从而获得更全面的食源性疾病流行状况与病原学趋势资料,更好的保障人民健康。

参考文献

- [1] HAVELAAR A H, KIRK M D, TORGERSON P R, et al. World Health Organization global estimates and regional comparisons of the burden of foodborne disease in 2010[J]. PLoS Med, 2015, 12(12):1001923.
- [2] 吕鹏,章荣华,齐小娟,等.浙江省食源性疾病监测现状分析[J].浙江预防医学,2015,27(8):828-829.
- [3] SCALLAN E, HOEKSTRA R M, ANGULO F J, et al. Foodborne illness acquired in the United States-major pathogens[J]. Emerg Infect Dis, 2011, 17(1):7-15.
- [4] SCALLAN E, GRIFFIN P M, ANGULO F J, et al. Foodborne illness acquired in the United States-unspecified agents[J]. Emerg Infect Dis, 2011, 17(1):16-22.
- [5] GOULD L H, WALSH K A, VIEIRA A R, et al. Surveillance for foodborne disease outbreaks-United States, 1998-2008[J]. MMWR Surveill Summ, 2013, 62(2):1-34.
- [6] HE X, WEI Y, CHENG L, et al. Molecular detection of three gastroenteritis viruses in urban surface waters in Beijing and correlation with levels of fecal indicator bacteria[J]. Environ Monit Assess, 2012, 184(9):5563-5570.
- [7] COOK N, KNIGHT A, RICHARDS G P. Persistence and elimination of human norovirus in food and on food contact surfaces: a critical review[J]. J Food Prot, 2016, 79(7):1273-1294.
- [8] KIRK M D, PIRES S M, BLACK R E, et al. World Health Organization estimates of the global and regional disease burden of 22 foodborne bacterial, protozoal, and viral diseases, 2010: a data synthesis [J]. PLoS Med, 2015, 12(12):1001921.
- [9] WANG Y, WU J, CAO Y. The extended spectrum beta-lactamases (ESBL) and virulence genes of intestinal enteroaggregative Escherichia coli (EAEC) in healthy elderly individuals[J]. Int J Clin Exp Med, 2015, 8(11):20592-20598.
- [10] 赵嘉咏,朱敏,谢志强,等.河南省 5 种致泻性大肠埃希菌病原学监测[J].中国病原生物学杂志,2015,10(10):924-926.
- [11] 陈文燕,罗燕萍,王成彬,等.社区腹泻患者感染致泻大肠埃希菌分布与耐药性分析[J].中华医院感染学杂志,2014,24(24):6006-6008.

[12] 于森,薛惠昌,王卓,等. 沈阳地区致泻性大肠埃希菌的多重 PCR 检测及流行特征分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2015,10(11):1017-1019.

[13] YANG S C, LIN C H, ALJUFFALI I A, et al. Current pathogenic Escherichia coli foodborne outbreak cases and therapy development[J]. Arch Microbiol, 2017, 19(6): 811-825.

[14] HUANG D B, DUPONT H L. Enteroggregative escherichia coli: an emerging pathogen in children[J]. Semin Pediatr Infect Dis, 2004, 15(4): 266-271.

[15] 毛雪丹,胡俊峰,刘秀梅. 2003—2007 年中国 1060 起细菌性食源性疾病流行病学特征分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2010, 22(3): 224-228.

[16] WANG R, ZHONG Y, GU X, et al. The pathogenesis, detection, and prevention of Vibrio parahaemolyticus[J]. Front Microbiol, 2015, 6(1): 144.

[17] 戴月,袁宝君. 江苏省食源性疾病哨点医院主动监测结果的分析[J]. 中国实用医药, 2010, 5(1): 266-267.

(收稿日期:2017-06-26 修回日期:2017-09-26)

• 短篇论著 •

脑卒中患者血清可溶性 CD14、同型半胱氨酸、7 项血脂及外周血白细胞膜 CD14 表达水平的意义*

田雯莹,张君梅[△]

(乌鲁木齐市第四人民医院,乌鲁木齐 830000)

摘要:目的 探讨脑卒中患者血清可溶性 CD14、同型半胱氨酸(Hcy)及 7 项血脂及外周血白细胞膜 CD14 表达水平的意义。方法 选取该院 2015 年 4 月至 2017 年 4 月收治的脑卒中患者 784 例,另选同期来自该院体检健康者 200 例作为对照组。两组均于清晨空腹抽取外周静脉血,分离血清,血清可溶性 CD14 采用酶联免疫吸附剂测定法(ELISA)检测;Hcy 采用循环酶法测定;三酰甘油(TG)、总胆固醇(TC)、高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)采用酶法测定;脂蛋白(a)[LP(a)]、载脂蛋白 A I (ApoA I)、载脂蛋白 B(ApoB)采用免疫透射比浊法测定;采用流式细胞仪测定外周血白细胞膜 CD14 表达水平。结果 观察组血清可溶性 CD14 和 Hcy 水平高于对照组,差异有统计学意义($P < 0.05$);观察组 TG、TC、LDL-C、LP(a)、ApoB 水平高于对照组,而 HDL-C 水平低于对照组,差异有统计学意义($P < 0.05$);观察组外周血白细胞膜 CD14 水平表达高于对照组,差异有统计学意义($P < 0.05$)。结论 脑卒中患者血清可溶性 CD14、Hcy 和血脂及外周血白细胞膜 CD14 表达水平可作为脑卒中预测、诊断的重要指标。

关键词:脑卒中; 可溶性 CD14; 同型半胱氨酸; 血脂; 白细胞膜 CD14

DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2018.01.036

中图法分类号:R743.3

文章编号:1673-4130(2018)01-0116-04

文献标识码:B

脑卒中是常见的一种疾病,常见于中老年人群,认为发生病理基础之一为动脉粥样硬化,且脂质代谢紊乱与其发生关系紧密^[1-3]。临床调查研究发现,脑卒中发病率呈不断上升趋势,严重影响人们身心健康和生活质量^[4]。近年来研究表明,血清可溶性 CD14、同型半胱氨酸(Hcy)和血脂与脑卒中具有明显的相关性^[5-6]。本研究旨在探讨脑卒中患者血清可溶性 CD14、Hcy、7 项血脂及外周血白细胞膜 CD14 表达水平的意义。现报道如下。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取本院 2015 年 4 月至 2017 年 4 月收治的脑卒中患者 784 例(观察组),依据《各类脑

血管疾病诊断要点》^[7]中相关标准。入组标准:(1)经颅脑 CT 或 MRI 证实为脑卒中;(2)年龄 40~75 岁;(3)签订知情同意书者。排除标准:(1)重度伴意识障碍脑卒中;(2)合并肝肾功能不足。观察组中男 414 例,女 370 例,年龄 40~75 岁,平均(60.39±4.81)岁,其中脑梗死组 435 例、脑出血组 349 例。另选同期来自本院体检健康者 200 例作为对照组,男 110 例,女 90 例,年龄 40~75 岁、平均(59.83±5.14)岁。两组一般资料比较差异无统计学意义($P > 0.05$)。具有可比性。

1.2 方法

1.2.1 标本采集 脑卒中患者 784 例与健康体检者

* 基金项目:新疆维吾尔自治区乌鲁木齐卫生和计划生育委员会基金资助项目(201406)。

[△] 通信作者, E-mail:1337666479@qq.com。